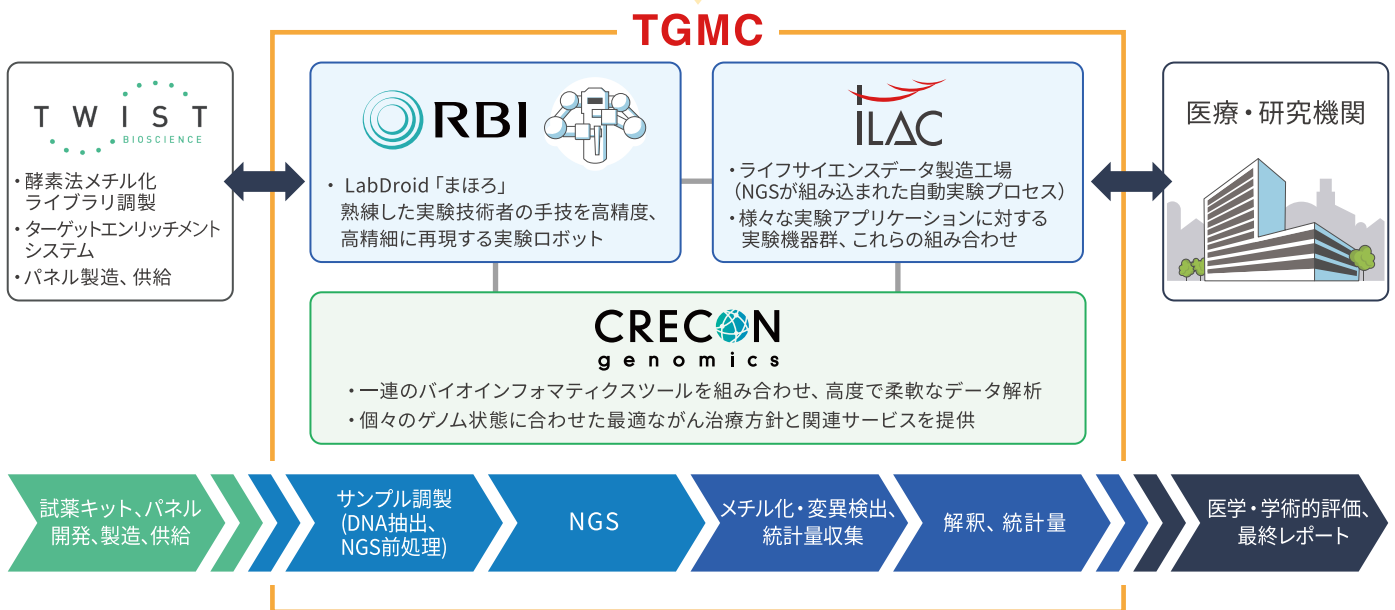


Twist酵素法メチル化解析ソリューション

特徴

- バイサルファイト変換によるDNA損傷を回避し、最大15%多くメチル化シトシンを検出
- 熟練した実験技術者の手技を再現するヒト型ロボットで高精度、高再現性データを提供
- サンプル収集から、前処理、NGS、バイオインフォマティクスまで一貫したプロセスを提供
- 大規模解析に最適

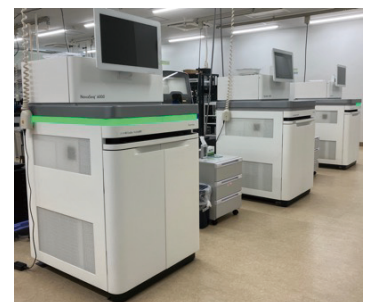
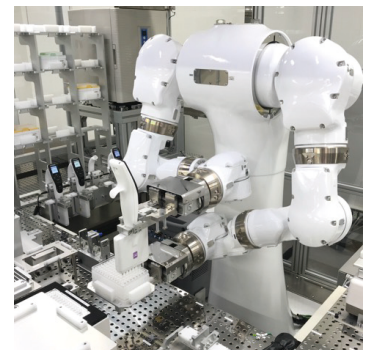
TGMC (Tsukuba Genome Information Manufacturing Consortium) がご提供します!



TGMCについて

遺伝子を調べることで、有効な処方や治療方針の決定に繋がる機会が増えてきた中、メチル化に代表されるエピジェネティクスも調べることで、より精度の高い診断や治療方針の提供の可能性が示されつつあります。その一方で、高精度なエピジェネティクスの解析は煩雑で時間のかかるサンプル調製（前処理）を必要とし、実験を行うテクニシャンへの負担増大と検体の品質管理が大きな課題となっています。

TGMCは、膨大なNGS解析実績を有する株式会社iLAC、熟練した実験技術者の手技を長時間に渡り高精度かつ高い再現性で行うことができるヒト型ロボットLabDroid「まほろ」を有するロボティック・バイオロジー・インスティテュート株式会社、遺伝子データ処理と高度なバイオインフォマティクス解析能力を有するクレコン ゲノミクス株式会社をシームレスに一体化させることにより、DNA抽出から、サンプル調製、遺伝子データの収集から解析、解釈までのプロセスを飛躍的に効率化、高精度化することを可能とし、エピジェネティクス解析に関わる課題を解決いたします。



サービスの流れ

ステップ	工程
1	ゲノムDNAの調製 • DNA濃度測定, QC
2	ライブラリー調製 • ゲノムDNAの断片化 • 断片化済みDNAの末端処理 • EM-seqアダプターのライゲーション • 5mC及び5hmC部位の酸化 • DNAの変性 • シトシンの脱アミノ化 • ライブラリーのPCR増幅
3	ターゲットエンリッチメント • メチル化ハイブリダイゼーション用ライブラリーの調製 • メチル化パネルとプールのハイブリダイゼーション • ハイブリしたメチル化ターゲットをストレプトアビジンビーズに結合 • キャプチャ後のPCR増幅, 精製, QC
4	シーケンシング • illumina® NovaSeq6000によるシーケンシング 150bpのペアエンド



* ロングリードシーケンシングによるメチル化解析も承ります。

受入サンプル

- サンプル種: 全血, 血漿, 細胞, 組織, FFPE, 精製済ゲノムDNA
- サンプル量: > 200 ng / 50 µL (精製ゲノムDNA)

メチル化解析パネル

- Human Methylome Panel (123 Mb, 3,980,000 CpG)
- Pan-cancer Methylation Panel (1.5 Mb, 126,000 CpG)
- Custom Panel

バイオインフォマティクス (納品データ)

- サンプル・ライブラリー調製情報
- シーケンシング情報
- bcl - NGSの初期出力
- fastq - リード配列データ
- Analysis ready bam - マップデータ (ご指定のリファレンスゲノムで)
- bedGraph - メチル化率データ

その他

- 納期: 検体受領後約3ヶ月
- 最低受付検体数: 16サンプル (検体あたりのデータ量に応じて変動します)

問い合わせ先

Twist Bioscience

<https://www.twistbioscience.com/contact>

TGMC

株式会社iLAC E-mail: contactinfo@i-lac.co.jp

