

HiCEP

HIGH COVERAGE EXPRESSION PROFILING

包括的高感度遺伝子発現プロファイリング

サブセット解析サービス 1比較:87.5万円

発現ピーク(遺伝子) 最大8ピーク分取付

■87.5万円で得られるものは何ですか？

- 約1600種類の転写産物の発現プロファイル
- 発現量の変動した転写産物
- HiCEPの再現性、感度、信頼性、使用感の実体験
- 結果評価後、差額分の費用でフルセットの解析がオーダ可能

■どのような研究にHiCEPを使うと良いですか？

- 遺伝子情報が少ない生物種の網羅的発現解析
- DNAマイクロアレイ解析を凌ぐ精度・信頼性が必要な研究
 - ー発現変動遺伝子の数が僅か＝ほとんど遺伝子発現に変化がない場合
 - ー低発現で変化する遺伝子を探索する場合
 - ーフェノタイプが少し変わるときの発現変動遺伝子を探索する場合
- DNAマイクロアレイ解析では得られない、独自性の高いデータを得たい方

■価格

・フルセット解析（共同研究）対象転写産物：約2万種以上

1比較+24ピーク分取 360万円

1サンプル追加ごとに180万円

・サブセット解析

対象転写産物：約1600種

1比較 87.5万円

※ピーク同定を希望される場合は、8ピークまでは無料で実施します。
※必ずしも配列情報が得られるとは限りませんので予めご了承下さい。

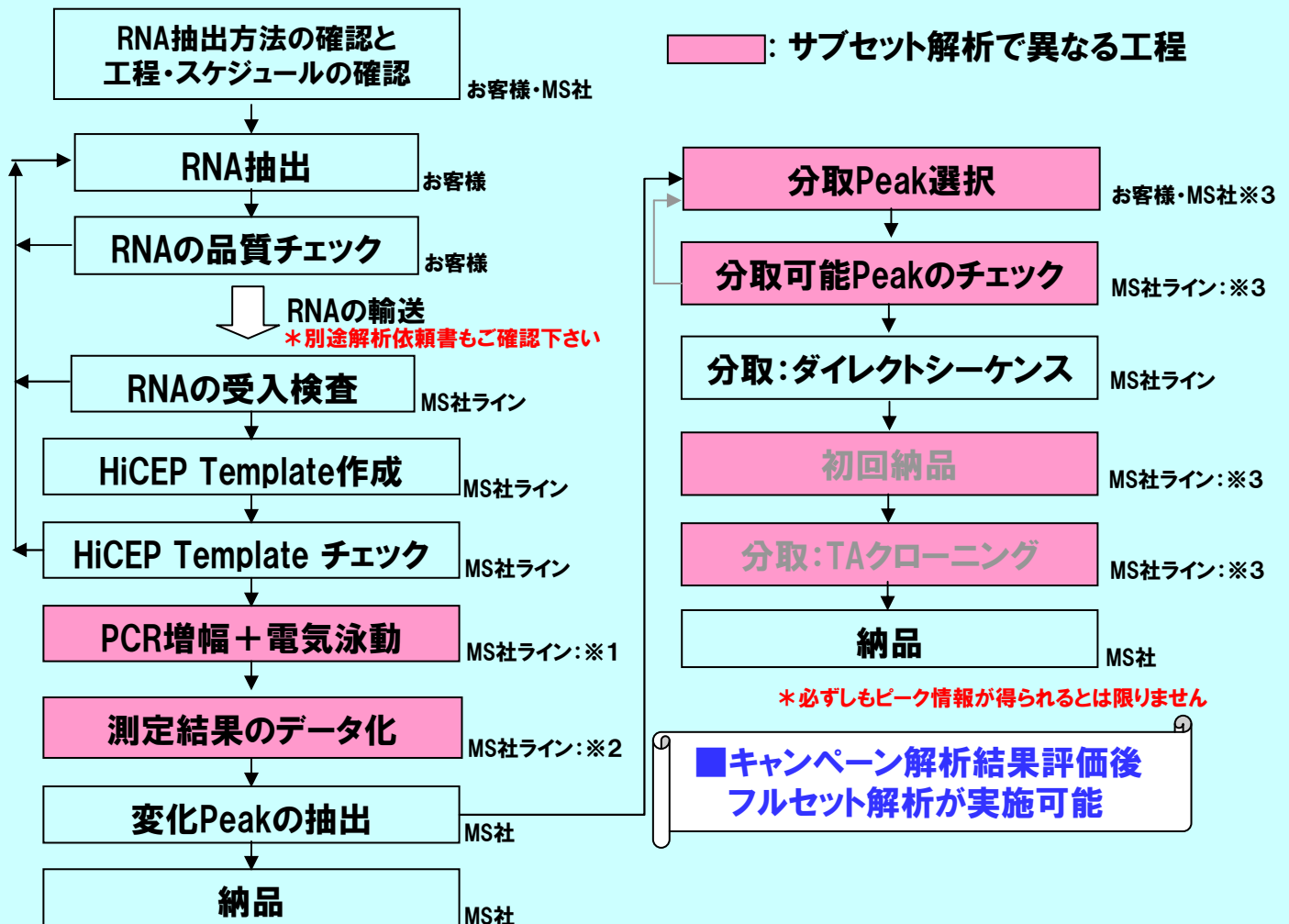
この機会に、是非、HiCEPの切れ味をお確かめください。

サービスの詳細は、裏面をご覧ください。

MessengerScape

HiCEP受託解析の流れとサブセット解析の詳細

■解析作業の流れ



■サブセット解析とフルセット解析の異なる点

※1:PCR増幅 & キャピラリー電気泳動

フルセット解析では、256全プライマーセットを測定の対象としますが、本サブセット解析では、その中から弊社で選択した16プライマーセットのみを測定します。ご興味のある既知のmRNAがある場合、そのHiCEP断片がどのプライマーセットで測定されるかを予測し、ご指定いただくことも可能です。ただし、期待するmRNAのHiCEP断片が、必ずしも予測したPeak位置に表れるとは限りません。

※2:測定結果のデータ化

比較対象となるPeakの組み合わせは解析ソフトウェアが決定しますが、組み合わせの間違いが生じる場合があります。サブセット解析では、対応Peak補正は実施しません。しかし、フルセット解析と同様のViewer(波形確認ソフト)をご提供致しますので、発現量比較結果とPeakの対応づけを目視で確認できます。

※3:分取

- 1) サブセット解析では、ダイレクトシーケンスのみで、TAクローニングは行いません。
- 2) 分取希望Peakは、弊社がご提示する推奨条件を参考にいただき、順位を付けて20個選んでいただきます。その中から“ダイレクトシーケンスで読める可能性の高いもの”をライン技術者が最大8Peak選択して分取を実施します。従って、最終的にどのPeakが分取されたかは、分取結果とともにお客様にご連絡することになります。なお、必須の分取対象Peakがある場合、ご指定いただければ、そのPeakは分取対象Peakといたします。
(*フルセット解析では、分取Peakの確認後に、分取を実施します。)

MessengerScope

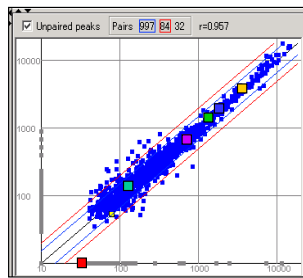
サブセット解析(16プライマーセット)の例

■16プライマーセットでも変化Peakを得ることができます

Profiling data ①

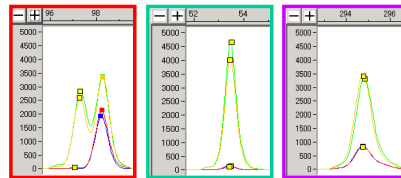
16 Primer sets Profiling data

Sample A Lot.2

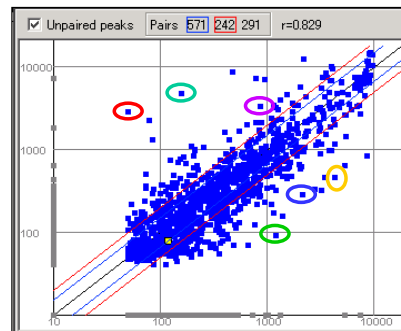


Sample A Lot.1

Sample A	
Lot間一致率	91%
検出ピーク数	1200

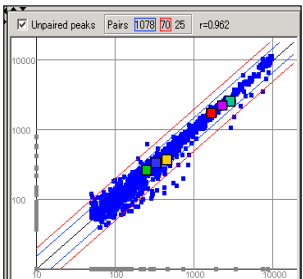


Sample B Lot.1



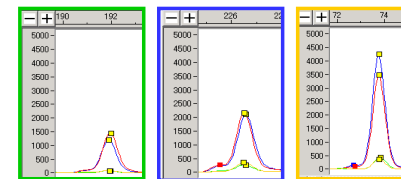
Sample A Lot.1

Sample B Lot.2



Sample B Lot.1

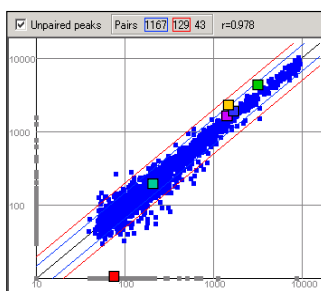
Sample B	
Lot間一致率	89%
検出ピーク数	1100



Profiling data ②

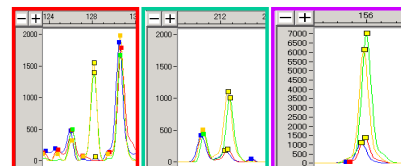
16 Primer sets Profiling data

Sample #1 Lot.2

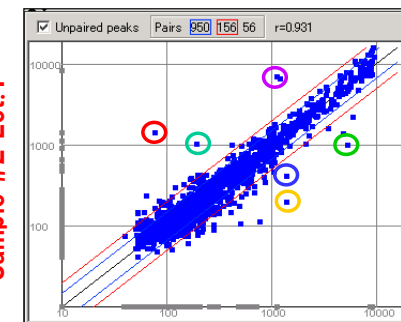


Sample #1 Lot.1

Sample #1	
Lot間一致率	87%
検出ピーク数	1300

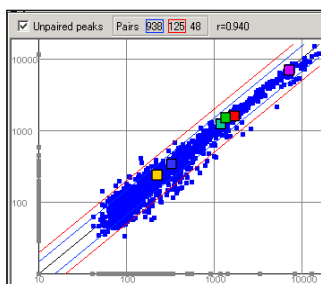


Sample #2 Lot.1



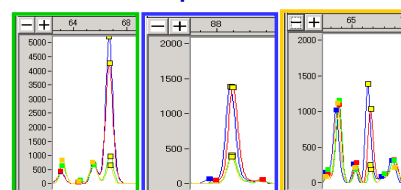
Sample #1 Lot.1

Sample #2 Lot.2



Sample #2 Lot.1

Sample #2	
Lot間一致率	84%
検出ピーク数	1100



HiCEP

HIGH COVERAGE EXPRESSION PROFILING

包括的高感度遺伝子発現プロファイリング

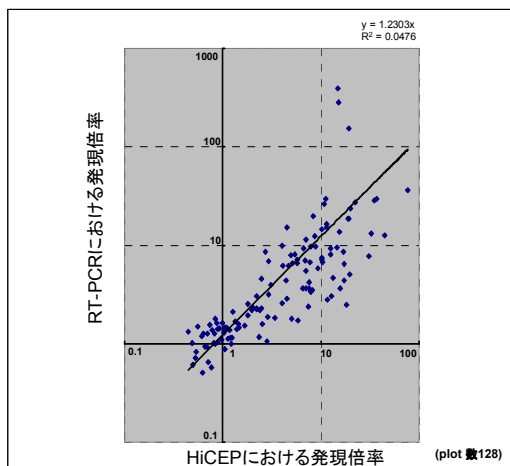
- 再現性,検出感度,網羅性→信頼性の高い結果を生み出します
- すべての真核生物で、高感度プロファイリングを行うことができます

	HiCEP	DNAチップ
対象生物種	全ての真核生物	既知配列
対象遺伝子(網羅性)	未発見遺伝子や ncRNAも検出可能	既知の配列のみ
検出感度 (ダイナミックレンジ)	高い 低頻度から高頻度まで検出可能 1コピー/細胞のmRNAも検出可能	低い 低頻度mRNAの検出が困難
変化率の定量性	変化率1/10までの定量性あり	定量性は無い
変化率の信頼性	信頼できる既存の他の方法と 相関性が高い(約80%)	信頼できる既存の他の方法 との相関性が良くない

HiCEPの特徴

- DNAマイクロアレイが作成できない配列情報の少ない生物種でも、
 - ・網羅的遺伝子発現プロファイル解析結果が得られます。
 - ・多くの未知遺伝子情報を得ることができます。
- 低発現の変動も高発現の変動も、信頼性80%以上で正確に見ることができます。
- 既知の報告にない発現変化遺伝子情報を手に入れることができます。

RealTime-PCR と HiCEP 測定の相関性



お問い合わせ先

メッセンジャー・スケープ株式会社

<http://www.mscape.co.jp>

〒151-0072

東京都渋谷区幡ヶ谷3-20-2 Tビル101

TEL 03-5333-9805 / FAX 03-3378-7247

E-mail info@mscape.co.jp

MessengerScape