

マルチオミクス データ解析サービス

多種多様なオミクス解析を検討中のお客様、

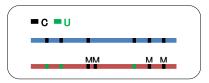
大規模データから興味のある情報を取り出すまでには様々な悩みや問題が生じるかと思われます。 そのような場合はぜひ、弊社のマルチオミクスデータ解析サービスをご活用ください。

変異解析 発現解析 プロテオーム解析 メチローム解析 連鎖解析 多層相関解析 多層因果解析 パスウェイ解析

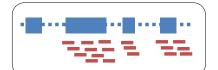
上記以外のデータ解析はもちろん、解析環境としてのクラウドの導入やハードウェアの導入、統合データ管理など についてもご相談ください。



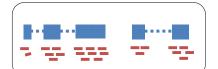
ホールゲノムシーケンスデータ



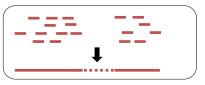
バイサルファイトシーケンスデータ



ターゲットシーケンスデータ



RNAシーケンスデータ



de novoシーケンスデータ

その他実験シーケンスデータ MSデータについてもご相談ください。

各種機器出力データに対応可能です。

解析事例紹介

- がん原因遺伝子の探索
- エピゲノム異常と疾患との関連性解明
- 配列未知の放線菌ゲノムの遺伝子予測とアノテーション予測
- 異なる実験手法によるシーケンス配列の比較解析とコンティグ再配置の検討
- イネの有用形質に関連する遺伝子候補の探索
- 連鎖解析及びゲノム比較パイプラインの構築
- 難治性疾患の原因遺伝子探索
- iPS細胞、ES細胞等未分化細胞のオミックス解析

発がん要因となる遺伝子異常を探索する目的でデータ解析を行う場合:

まずはじめに、エクソーム、トランスクリプトームのシーケンスデータから 体細胞変異や構造変異などの情報を抽出します。

次に既知変異やパスウェイ情報、Gene Ontology情報、構造情報などのアノテーション付けを実施し、この時点での変異候補についてお客様とディスカッションを行います。また、プロテオーム解析やメチローム解析の結果や、ヒストン修飾の解析結果等との相関解析・因果解析、臨床情報を用いた医療統計解析も実施いたします。

ディスカッションの結果を踏まえ、論文調査や他の公共・保有データとの統合解析による絞り込みを行い、最終的な結果をお返しします。

解析に適したマッピングツールや変異コールツール、描画ツール、統計解析 ツールなどを選択し使用します。



de novoシーケンス解析・結果閲覧システムの構築:遺伝子予測、機能解析、他

未知のゲノム配列から遺伝子予測・アノテーション情報付与・修正を行うための解析・結果閲覧システム構築を行う場合:

テストデータとしてde novoシーケンス解析用DNA配列データを受け取り、遺伝子予測、機能解析を行います。

この手順をもとに最適なワークフローで解析からアノテーション 付与までを行うことができるよう調整したパイプラインを構築します。 さらに、この結果を視覚的に閲覧可能かつ手動でのアノテーション修正 を行うことが可能なビューワを作成し、パイプラインシステムと共にお 渡しします。



サービスメニュー

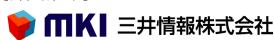
- ■マルチオミクスデータ解析サービス
- データ解析:¥600,000 ~
- -シーケンサー、マイクロアレイ、MS等の機器出力データの1次解析から、数値化処理後の統計解析、 アノテーション、データの可視化等、要件に合わせて幅広く対応が可能です。
- ■マルチオミクス解析環境構築支援サービス
- オンプレミス型・クラウド型・ハイブリッド型:ご相談無料
- バイオインフォマティクス課題に最適なデータ解析環境の設計・構築。

従来のオンプレミス型ワークステーション/サーバー、Amazon Web Serviceをはじめとしたクラウド型、オンプレミス型とクラウドのハイブリッド型など使用目的と環境に合わせた提案を行います。

- 統合データ管理システム開発:ご相談無料
- マルチオミクスデータの蓄積から解析までを行う統合データ管理システムの設計・構築。

※このカタログに記載の会社名、製品名は、それぞれ各社の商標および登録商標です。※このカタログに記載されている内容は予告なしに変更する場合があります。

【お問い合わせ先】



バイオサイエンス部 バイオサイエンス室

〒105-6215 東京都港区愛宕2-5-1

TEL: 03-6376-1291 FAX: 03-3435-0522

E-Mail: bio-webinfo@ml.mki.co.jp

その他取り扱いサービスの詳細はこちらへ http://www.mki.co.jp/solution/bio.html