

国立がん研究センター開発のがん変異抽出プログラムcisCallを用いた 体細胞変異検出データ解析サービス

データ解析にお困りではありませんか？
*SureSelect NCC oncopanel*をご利用の皆様、
データ解析サービスをお手頃な価格でご提供します。

国立がん研究センターのバイオインフォマティクス部門長 加藤 護 先生により開発された、がん変異抽出アルゴリズムcisCall (Clinical Sequence Call) system を用いて、正常組織および腫瘍組織から取得したシーケンスデータを比較し体細胞特異的な変異を検出します。cisCallでは、SNV/InDel 検出、融合遺伝子検出、コピー数変化の解析が可能です。検出された変異情報に対して、さらに有用なデータベースからアノテーション情報を付加し、お客様に解析結果をお返しいたします。

■特徴

- Agilent technologies 社のSureSelect NCC oncopanel に最適化されたアルゴリズム。
- 新鮮凍結組織だけでなく、ホルマリン固定パラフィン包埋 (FFPE) 組織でも高い精度で変異を検出可能。

■ご提供いただくデータについて

腫瘍組織、正常組織から推奨シーケンス条件下で取得されたデータセット (FASTQ 形式もしくは BAM 形式ファイル)

推奨シーケンス条件	
シーケンサー	Illumina社製 (HiSeq, Miseq)
組織サンプル	新鮮凍結組織およびFFPE組織
ターゲットエンリッチメント	Agilent SureSelect NCC oncopanel
平均読取り深度	500~1500x

■価格・納期

価格：お問い合わせください

納期：データ受領から最短3営業日

■納品物

2種類の解析結果報告書を納品いたします。

①SNV/InDel 解析結果 (エクセル形式)

- サンプル名、コントロール名、ゲノムのポジション情報、Ref 塩基とAlt 塩基
- コドンの変化、フレームシフトやアミノ酸置換などの影響
- 検出されたアレレル頻度や変異のコール率
- 変異コールのスコアや変異の機能、変異がアミノ酸に与える効果
- DBsnp, COSMIC, 1000genome, HGVD 等の公共DB 情報
- Depth, Mapping 情報

変位情報一覧

Data	Normal	Panel	Chr	Start	End	Ref	Obs	FPscore	PR	Variant-Ra	Depth-FG	Depth-BG	Count-FG	Count-BG	Homopolym	CopyNum	SNP:Major	DBSnp	COSMIC ID
Sample01	Normal01	SURESELECT3	1	11166713	11166713	T	C	115	12	58.54092527	562	807	0 329 0 233 0 C 0 38 1 768 0 0	3	0.936520111	0.585409253	ID=rs2536,ALT=...		
Sample01	Normal01	SURESELECT3	1	94207631	94207631	G	A	88	11	100	157	256	157 0 0 0 0 0	2	0.777365987	1	ID=rs12725087		
Sample01	Normal01	SURESELECT3	1	243897598	243897598	G	C	39	Inf	33.4384858	317	352	0 1 06 211 0 0 C 0 0 352 0 0 0	1	1.210421621	0.665615142	ID=rs77943487		
Sample01	Normal01	SURESELECT3	1	243954770	243954770	C	A	20	Inf	1.086065574	488	662	53 435 0 0 0 0	1	0.989408716	0.891393443			
Sample01	Normal01	SURESELECT3	2	24247818	24247818	A	A	170	12	71.23655914	744	770	530 0 212 2 0 C 44 0 726 0 0 0	1	1.285924197	0.714285714	ID=rs7561675,...		
Sample01	Normal01	SURESELECT3	2	111881810	111881810	C	T	98	12	54.75543478	736	609	1 331 1 403 0 C 0 580 1 28 0 0	4	1.594870659	0.549046322	ID=rs72948328		
Sample01	Normal01	SURESELECT3	2	111897506	111897506	T	C	99	12	61.18421053	456	665	0 279 0 177 0 C 0 34 0 631 0 0	1	0.922810778	0.611842105	ID=rs12613243		

マッピング率

Data	Mapper	# of reads	Mapped read	Mapping rat	Discordance	Mismatch r2	Deletion rat	Insertion ra
Sample01	bwa	13172702	7029592	53.36484496	0.003619183	0.003407453	8.07423E-05	0.000130988
Sample01	bwa(dup)	13242064	6194579	46.77948728	0.002749639	0.002529514	8.46313E-05	0.000135482

読み取り深度

Data	MapQ	Min	1stQ	Median	Mean	3rdQ	Max	Total reads	Total bps (bed)	Depth>=20 bps	Depth>=100 bps	Depth>=300 bps
Sample01	0	0	345	496	540	685	6918	13172702	1459224	0.997478112	0.984251218	0.81280667
Sample01	20	0	345	496	540	685	6918	13172702	1459224	0.997409582	0.984171039	0.812641514
Sample01	30	0	343	493	536	681	6918	13172702	1459224	0.99713752	0.983402822	0.809620045

②融合遺伝子/コピー数変化解析結果（エクセル形式,PDF）

- 融合遺伝子ペア、融合遺伝子の検出リード数
- 融合遺伝子におけるBreak Point
- 各遺伝子のGC含有量補正後のCopy Number Ratio

融合遺伝子検出

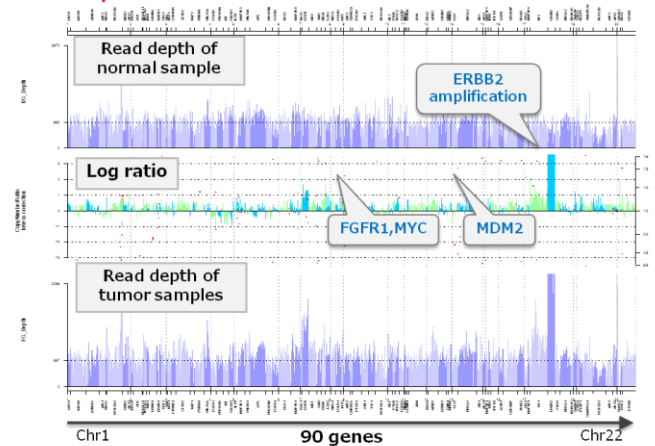
Data	Normal	Panel	Pair	2map_co	2map&V	VF_cour	Paired_c	OnlyVF	OnlyVF
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	BRAF SLC45A3	0	1	1	0	0.5	
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	NRG1 AKT3	1	0	1	0	0.5	
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	SLC34A2 GOPC	1	0	1	0	0.5	
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	KIF5B RET	6	29	20	3	0.3446276	0.571421
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	RET KIF5B	6	3	5	1	0.3333333	0.5555556
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	TPM4 TPM3	6	5	109	4	0.8790323	9.909091
Sample01	Normal01	SURES-ELECT3	RET KIF5B	2	1	1	1	0.2	0.3333333

コピー数変化

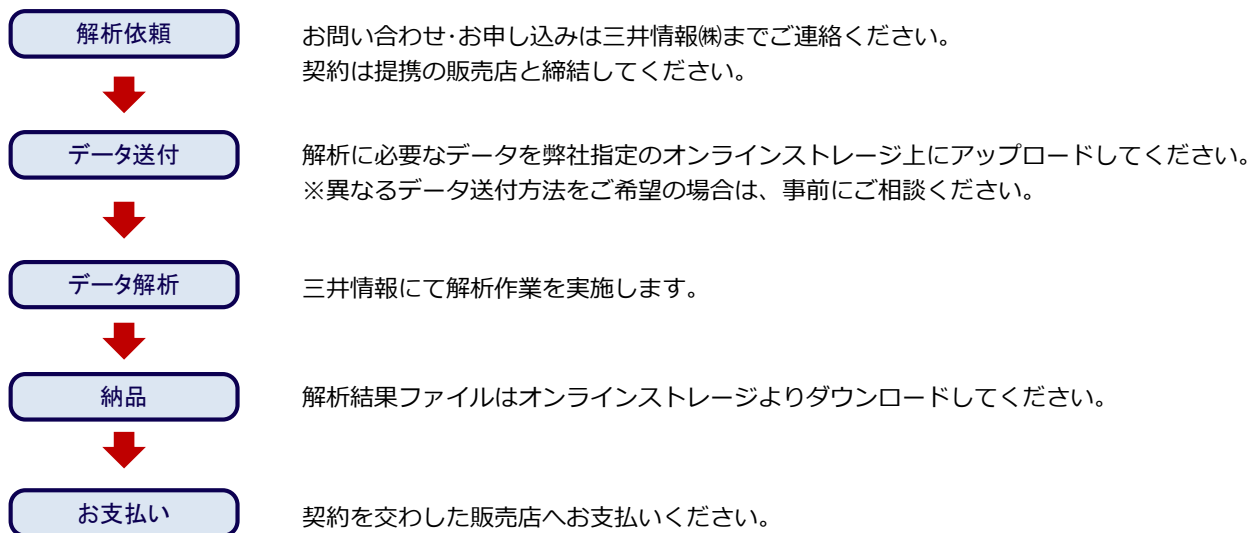
chr	bed from	bed to	from	to	gene	Sample01	chr	gene	Sample01
1	8921418	8921488	8921418	8921488	ENO1	0.759	1	ENO1	0.751
1	8922946	8923004	8922946	8923004	ENO1	0.687	1	MTOR	0.436
1	8923284	8923402	8923284	8923402	ENO1	0.508	1	ARID1A	0.449
1	8923950	8924050	8923950	8924050	ENO1	0.743	1	JAK1	0.364
1	8924051	8924151	8924051	8924151	ENO1	-1.249	1	NRAS	0.536
1	8925344	8925442	8925344	8925442	ENO1	0.617	1	NOTCH2	0.257
1	8925443	8925541	8925443	8925541	ENO1	0.579	1	NTFR3	0.289
1	8926338	8926449	8926338	8926449	ENO1	0.834	1	DDR2	0.183
1	8926450	8926550	8926450	8926550	ENO1	0.884	1	MDM4	0.620
1	8927176	8927309	8927176	8927309	ENO1	1.028	1	AKT3	0.485
1	8928047	8928116	8928047	8928116	ENO1	0.741	2	ROCK2	0.526
1	8930511	8930569	8930511	8930569	ENO1	0.898	2	MYCN	0.389
1	8931950	8932045	8931950	8932045	ENO1	0.806	2	ALK	0.262
1	8934883	8934967	8934883	8934967	ENO1	0.784	2	BCL2L1	0.380
1	11167541	11167557	11167541	11167557	MTOR	0.651	2	NFE2L2	0.569

コピー数検出 可視化

FFPE sample



■サービスの流れ

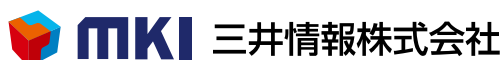


■留意事項

- 本サービスの仕様、価格は予告なく変更される場合があります。
- 本サービスは研究用途のみを想定しております。
- お預かりするデータセットのクオリティなどの問題で、結果がおお客様の期待される結果と異なる場合がございます。
- 個人情報を含まない匿名化されたデータセットのみ対応いたします。
- 解析にはコントロールとなる正常組織のシーケンスが必要です。

(2018.4.1)

【お問い合わせ・お申込み先】



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 愛宕グリーンヒルズMORIタワー

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

E-Mail: ciscall-dg@mki.co.jp

ホームページ: <http://www.mki.co.jp/>

※cisCallは国立がん研究センターが権利を有する著作物です。当社はライセンス許諾を受け使用しています。

【販売店】