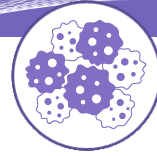


各種アプリケーションのご紹介



豊富なアプリケーションで
がん・疾患研究、育種・農学、生命科学研究をサポートいたします。

アンプリコンシーケンシング

アンプリコン解析
ロングアンプリコン解析



RNA-Seq/遺伝子発現解析

標準RNA-Seq遺伝子発現解析
Ultra-Low Input RNA-Seq
Small RNA-Seq/ExoRNA-Seq
シングルセルRNA-Seq
Iso-Seq

全ゲノムシーケンシング

全ゲノム解析～多型・変異同定
構造多型・ハプロタイプフェージング
(ロングリードゲノム解析)
新規ゲノムアセンブリ

ターゲットシーケンシング

ヒト全エクソーム解析
がん・カスタムパネル
アンプリコン解析

エピジェネティクス解析

シトシンメチル化解析
ChIP-Seq / RIP-Seq
ATAC-Seq

メタゲノミクス解析

16S/18S/ITS rRNA 可変領域解析
16S rRNA 全長解析
全メタゲノミクス
全メタトランスクリプトーム

抗体開発・免疫研究

バルクレパトア解析
シングルセル遺伝子発現+レパトア解析

CRISPRゲノム編集

sgRNAライブラリ検証
sgRNAスクリーニング
オフターゲット解析

細胞・空間的遺伝子発現解析

シングルセル遺伝子発現解析
NanoString デジタル空間プロファイリング
ヒトPMBC調製サービス



各研究分野と関連する次世代シーケンシング利用の例

ゲノム編集

CRISPR sgRNAスクリーニング

実験前後で濃縮されたsgRNAをスクリーニング、目的の候補遺伝子を同定。

オフターゲット解析

目的遺伝子以外の変異の有無を確認。

遺伝子治療

RNA-Seq、シングルセルRNA-Seq

治療標的遺伝子の探索および治療後の効果の評価。

全ゲノム・全エクソーム解析

治療標的遺伝子となるゲノム変異を同定。

がん研究・免疫学

全ゲノム・全エクソーム解析

遺伝性疾患の同定、治療反応性・予後に影響する遺伝子変異を探索。

メチル化解析

遺伝子発現異常によるがん化のメカニズムを解析。

microRNA 遺伝子発現解析

血中エクソソームを用いたがんバイオマーカー探索。

バルクレプトア解析

がん組織中のリンパ球のレプトアを解析、免疫細胞療法に応用。

RNA-Seq 融合遺伝子同定

がんドライバー変異、治療標的の同定。

シングルセル遺伝子発現+レプトア解析

鎖ペアでの配列同定、同一細胞での遺伝子発現解析により免疫システムを包括的に理解。

農学・育種研究

ゲノム解析

多型マーカーの探索、連鎖解析による原因遺伝子同定の加速化。

RNA-Seq遺伝子発現解析

優良品種の遺伝的要因を遺伝子発現から研究、解析。

16S細菌叢解析・全メタゲノミクス

土壌微生物叢と作物生産との関連を探索、土壌改良に活用。

生命科学全般

RNA-Seq 遺伝子発現解析

処理前後、野生型と変異体での遺伝子発現を比較、処理・変異による表現型への影響を解析。

エピジェネティクス（メチル化解析、ChIP-Seq）

遺伝子発現制御に関わるシトシンメチル化やヒストン修飾の状態、転写因子の結合サイトを解析。

全ゲノム解析

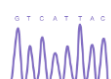
変異処理前の個体で配列を比較、原因遺伝子の同定を加速。


アンプリコンシーケンシング


特定領域の一塩基多型、挿入欠失の解析。特定配列の蓄積度・減少度を評価。


アゼンタの特長・強み

- 合成から解析まで、One-stop shopのゲノミクス受託サービスにより研究開発をトータルサポート
- グローバルリソースを生かした最新鋭の機器と技術
- Ph.D.レベルのスタッフによるプロジェクトのご相談から納品後のサポート
- 国内ラボ対応（核酸抽出、ヒトPBMC調製、シングルセル解析、ライブラリ調製、シーケンシング解析など）
- CLIA/CAP準拠サービス（米国本社）

 サンガーシーケンス解析

 人工遺伝子合成

 分子生物学サービス

 次世代シーケンシング

©2021 Azenta Japan Corp. 本サービスは研究用のみに使用できます。診断目的に使用することはできません。
当印刷物に記載されている会社名および商品名などは、各社の商標または登録商標です。本印刷物記載の内容は2021年11月現在のものです。