

① ChIP-seq

支援内容

- ・ ChIP DNA 調製 → ライブラリ作成 → シーケンスラン → データ解析
- ・ 実験デザインの相談
- ・ 公開シーケンスデータの再解析

シーケンスデータの解析例

- ・ ゲノム上のタンパク質結合部位の検出
- ・ 結合モチーフの推定
- ・ nearest TSS の同定
- ・ ChIP-seq、RNA-seq の比較に基づく転写ターゲット遺伝子の推定

② シングルセル RNA-seq (10x Chromium)

支援内容

- ・ 10x 法によるライブラリ作成 → シーケンスラン → データ解析
- ・ 実験デザインの相談
- ・ 公開シーケンスデータの再解析

シーケンスデータの解析例

- ・ Cell Ranger を利用したマッピング
- ・ クラスタリング (t-SNE、UMAP)
- ・ クラスタ間で特徴的な発現を示す遺伝子の検索
- ・ 発現量が相関する遺伝子のリストアップ
- ・ 公開シーケンスデータから興味のある対象を抽出して再解析
- ・ 公開シーケンスデータと手持ちのデータの比較、統合

備考

- ・ 外注したシーケンスのデータ解析など部分的な利用も対応します
- ・ シングルセルのライブラリ作成には 10x Chromium 技術を使用します
- ・ 費用負担は実費です

担当窓口：白杵慎吾 usu[at]kumamoto-u.ac.jp

リエゾンラボ研究推進施設