

分類	項目	目的	概要	使用機器	使用サンプル	サンプル条件	内容
エピゲノム解析	ATAC-seq	サンプル特異的に機能する転写制御因子を予測	オープンクロマチン領域のゲノムワイド機能解析	MiniSeq (ライブラリQC) + HiSeq	ヒトまたはマウスの体細胞・組織	組織の場合：25mg以上 細胞の場合：50,000個以上	実験 解析 実験 + 解析
	ChIP-seq	サンプル特異的に機能するオープンクロマチン領域や転写制御因子を予測	転写因子やクロマチン関連タンパク質などに対応するDNAを分析する	HiSeq		ヒトまたはマウスの体細胞・組織 (固定されているもの)	組織の場合：6g以上 細胞の場合：15,000,000個以上
	FFPE ChIP-seq	サンプル特異的に機能する転写制御因子を予測	DNAメチル化レベルのゲノムワイド機能解析		ヒトまたはマウスの体細胞・組織 (固定されているもの)		組織の場合：6g以上 細胞の場合：15,000,000個以上
	RRBS	サンプル特異的に機能する転写制御因子を予測				DNAメチル化レベルのゲノムワイド機能解析	ヒトまたはマウスの体細胞・組織 (固定されているもの)
	Targeted Bisulfite Sequencing	サンプル特異的に機能する転写制御因子を予測	DNAメチル化レベルのゲノムワイド機能解析		ヒトまたはマウスの体細胞・組織 (固定されているもの)		
	Targeted Bisulfite Sequencing	サンプル特異的に機能する転写制御因子を予測		DNAメチル化レベルのゲノムワイド機能解析		ヒトまたはマウスの体細胞・組織 (固定されているもの)	組織の場合：25mg以上 細胞の場合：500,000個以上
メタゲノム解析	16S rRNA	サンプル群間で存在比に差のある微生物を予測	微生物叢の分布解析		MiniSeq (V4アンプリコン) MiSeq (V3-4アンプリコン)		
				実験 解析 実験 + 解析			
				実験 + 解析			
発現解析	RNA-seq	サンプル特異的に発現する遺伝子を予測	mRNAのゲノムワイド機能解析	HiSeq	total RNA	4μg以上 200ng/μl以上 OD1.6以上	実験 解析 実験 + 解析
	マイクロアレイ (GeneChip 3' IVT Expression)	遺伝子発現量を網羅的に解析	遺伝子発現量のゲノムワイド機能解析	GeneChip		1μg以上 100~500ng/μl	実験・解析
	腫瘍プロファイリング	特定遺伝子のみをリサーチケンシング	癌関連15遺伝子を対象 illumina社のTruSight tumor15利用	MiniSeq	total DNA		実験
	ターゲットリサーチケンシング		疾患関連4,813遺伝子を対象				
	Targeted RNA-seq	特定遺伝子の発現を定量	専用パネルを用いた特定遺伝子の発現定量		total RNA		4μg以上 200ng/μl以上 OD1.6以上
Small RNA-seq	Small RNAの定量	NGSによるsmall RNA (17~34bp)の定量					
ゲノム解析	Whole genome sequencing	全ゲノムを調べる	ゲノムのワイド解析	HiSeq	total DNA	3μg以上 30ng/μl以上 OD1.8以上	実験
その他	その他	メニュー以外の実験・解析、デザイン・実施			ご相談		