



次世代シーケンサーのデータ解析

データベース構築と維持、人材派遣、受託解析、教育、コンサルテーションを通じ、次世代シーケンサーデータの情報解析をバイオインフォマティクス、遺伝統計学の専門技術を用い補助します。

次世代シーケンサー(ギガシーケンサー)は、通常の医学生物学研究者の手に余るほどの膨大なデータを供給します。我々はデータベース構築と維持、人材派遣、受託解析、教育、コンサルテーションを通じ、ギガシーケンサーデータの情報解析をバイオインフォマティクス、遺伝統計学の専門技術を用い補助します。わが社はバイオインフォマティクスに関する業務を4年間において行っており、全ゲノム関連解析(GWAS; genome-wide association study)、候補遺伝子を用いたファーマコゲノミクス研究など、バイオインフォマティクスに関する医学的、薬学的、生物学的データ解析の十分な経験があります。次世代シーケンサーは最新の技術であり、その情報解析技術も常に進歩しつつある状態です。我々は最新の技術を常に取り入れ、洗練されたサービスを提供します。

ご提供できるサービスの例

1. 個人の全ゲノム配列決定のためのデータベース構築と維持、およびデータ解析
2. ゲノム配列上に標的配列を定めた、再配列決定データのデータベース構築と維持、およびデータ解析
3. 全ゲノム配列比較のためのデータベース構築と維持、およびデータ解析(ジャームラインゲノム配列と体細胞、あるいは癌のゲノム配列の比較など)
4. メッセンジャーRNA発現データ(トランスクリプトーム)のデータベース構築と維持、およびデータ解析

お問い合わせ

(株) スタージェン
〒111-0051 東京都台東区蔵前 4-11-6 KUGAビル 8F
TEL: 03-5835-2137、FAX: 03-5835-2139
E-MAIL: info@stagen.co.jp
URL: <http://www.stagen.co.jp/>



Analysis of the data from next generation sequencers

Next-generation parallel sequencers (Giga-sequencers) generate huge data sets that are very hard to handle for most of the biologists and medical researchers. We help such researchers, through construction and management of data base, temporary personnel service, analysis of data on request, education, and consultation, using the knowledge and technologies in bioinformatics and statistical genetics.

Our company has provided services concerning bioinformatics and statistical genetics for 4 years, and has sufficient experience in the analyses of medical, pharmacological and biological data such as GWAS (genome-wide association study) data, the data from pharmacogenomic studies, and epidemiological data with or without genomic data. Next-generation parallel sequencing is the newest technology, and the analyses of the data from the sequencers are ever-progressing challenges. We continuously incorporate the newest methods for the analyses of the giga-sequencer data, and provide sophisticated services.

Examples of our service

1. Construction of the data base for personal whole genome determination as well as the management and analyses of the data.
2. Construction of the data base for targetted resequencing data as well as the management and analyses of the data.
3. Construction of the data base for the comparison of more than one whole genome sequences as well as the management and analyses of the data. (Example; Comparison between whole genome sequences from germline, somatic and cancer cells.)
4. Construction of the data base for mRNA expression data (transcriptomes) as well as the management and analyses of the data.

Contact us

StaGen Co. Ltd.
KUGA Building 8F, 4-11-6 Kuramae, Taito-ku,
Tokyo 111-0051, Japan
TEL: 03-5835-2137, FAX: 03-5835-2139
E-MAIL: info@stagen.co.jp
URL: <http://www.stagen.co.jp/>