



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、高度の受託解析、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、分子進化学の専門技術を用い補助します。

次世代シーケンサー(大規模並列シーケンサー、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。わが社はイルミナ社、およびライフテクノロジー社(ABI)製のギガシーケンサーのデータ解析の豊富な経験があります。我々は一次解析(画像データから初期の配列データへの変換)は行いません。二次解析(初期の配列データを用いたデータベース構築、品質管理、情報解析)と三次解析(遺伝統計学、分子進化学や統計学に基づいた高度な解析)、および全体を通じたコンサルテーションに力を入れています。特に、新薬開発(IND)、既存薬の新適応開発(NDA)、既存薬の適正使用のための配列データの情報解析には力を入れています。

ご提供できるサービスの例

1. 個人の全ゲノム配列、全エクソーム配列決定のためのデータベース構築と維持、および遺伝統計学、分子進化学を利用した高度のデータ解析
2. 全ゲノム配列、全エクソーム配列比較のためのデータベース構築と維持、および高度のデータ解析(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)
3. 次世代シーケンサーデータを用いた単一遺伝子形質(メンデル型遺伝病など)の原因変異の探索

お問い合わせ

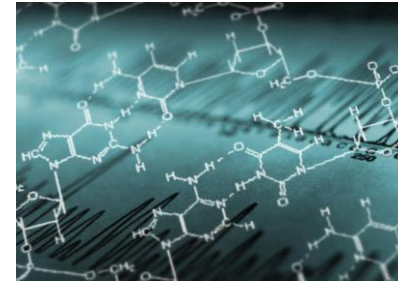
(株) スタージェン

〒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 sequencers (massive 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, high-level analysis of data on request, education, and consultation, using the knowledge and technologies in bioinformatics, molecular evolution and statistical genetics.

We have sufficient experience in the analyses of the data from next-generation sequencers including Illumina GA and HiSeq2000 and Life Technologies Solid. We do not perform primary analyses (conversion of the image data to sequences), but perform secondary (construction of database, quality control, data management, and sequence analysis), and tertiary analyses (analyses based on statistical genetics and molecular evolution), and overall consultation. Especially, the analyses of the sequence data for the purpose of the development of IND, NDA and the schemes for the optimal use of the drugs are the focus of the consultation we provide.

Examples of our service

1. Construction and maintenance of the data base for the whole-genome or whole-exome sequences for individuals as well as the high-grade analyses of the data based on the knowledge of statistical genetics and molecular evolution.
2. Construction and maintenance of the database for the comparison of whole-genome or whole-exome comparison between different sequences (for example, the comparison between germline and cancer genome sequences)
3. Search for the responsible mutations for monogenic traits (for example Mendelian disorders) using next-generation sequencers.

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/>