

情報解析事業部受託解析内容一覧

2021年2月版

解析カテゴリ	解析項目	解析内容	
お客様のデータや解析環境を考慮し、解析の準備をおこないます。			
環境設定	データの整備	ファイル構造を把握し、適切なデータの記述をおこないます。解析に必要なデータ形式への変換をおこないます。	
	解析環境の整備	ソフトウェアのインストールや解析パイプラインの構築をおこないます。必要な計算機の選定をおこないます。	
	解析環境の維持	構築した解析環境を維持します。再解析、追加解析、環境のアップデートの足掛かりとしていただけます。	
解析前に先行研究の調査・評価をおこないます。			
研究調査	先行研究の調査および評価	先行研究の方法や結果を調査し、お客様の解析への適応可能性を評価します。使用するソフトウェアの仕様・動作の確認をおこないます。	
お客様が取得されたFASTQファイルをもとに、基本的なNGS解析をおこないます。germline, somaticのどちらにも対応可能です。			
がんゲノムデータ解析・研究支援	基本解析	BAM/VCFファイル作成	FASTQファイルのクオリティチェック・トリミング・フィルタリング、参照ゲノム配列へのマッピング、マッピング後クオリティチェックをおこないます。変異(SNV/indel)の検出、検出された変異のフィルタリングをおこないます。
		アノテーション付与	検出された変異に遺伝子情報や公共データベース情報等のアノテーションを付与します。
	すでに基本解析を実施済みのお客様向けに、より発展的な解析をおこないます。		
	追加解析	コピー数変異解析	ゲノム上のコピー数変化(欠失、重複、増幅等)によるコピー数の増減)による変異を検出します。がん細胞に生じたsomaticなコピー数変化プロファイルの推定をおこないます。正常細胞データと対合させる、あるいは正常細胞データによる対照パネルを構築して解析します。また、変化プロファイルと遺伝子との対応関係や、ご要望に応じた各種集計等にも対応致します。
		構造変異解析	ゲノム上の大規模な変化をとまなう変異(構造変異)を検出します。がん細胞に生じた大規模な挿入・欠失、逆位、重複、転座等の変異を検出します。また、構造変異や染色体の切断点と遺伝子との対応関係や、ご要望に応じた各種集計等にも対応致します。
		mutational signature解析	がん細胞の変異リストから、変異およびその前後の塩基配列も加えた変異パターン(mutational signature)の抽出をおこないます。教師なし解析のほか、ご要望に応じた教師あり解析(COSMICのMutational Signaturesを教師データとした解析等)も可能です。
neoantigen探索		がん細胞に生じたsomatic変異を検出し、がん細胞に特徴的な変異ペプチドのパターン(neoantigen signature)を同定します。MHCクラスI/II分子との親和性予測、既知エピトープとのホモロジー探索、T細胞受容体との結合・相互作用予測をおこない、neoantigen候補を絞り込みます。	
driver変異探索	ゲノム上の特定の領域に特定の変異が集積する有意性を判定することにより、driver変異の探索をおこないます。意義不明変異の意味づけをおこないます。		
その他のNGS解析	RNA-seqデータの解析やChIP-seqデータの解析をおこなうことも可能です。		