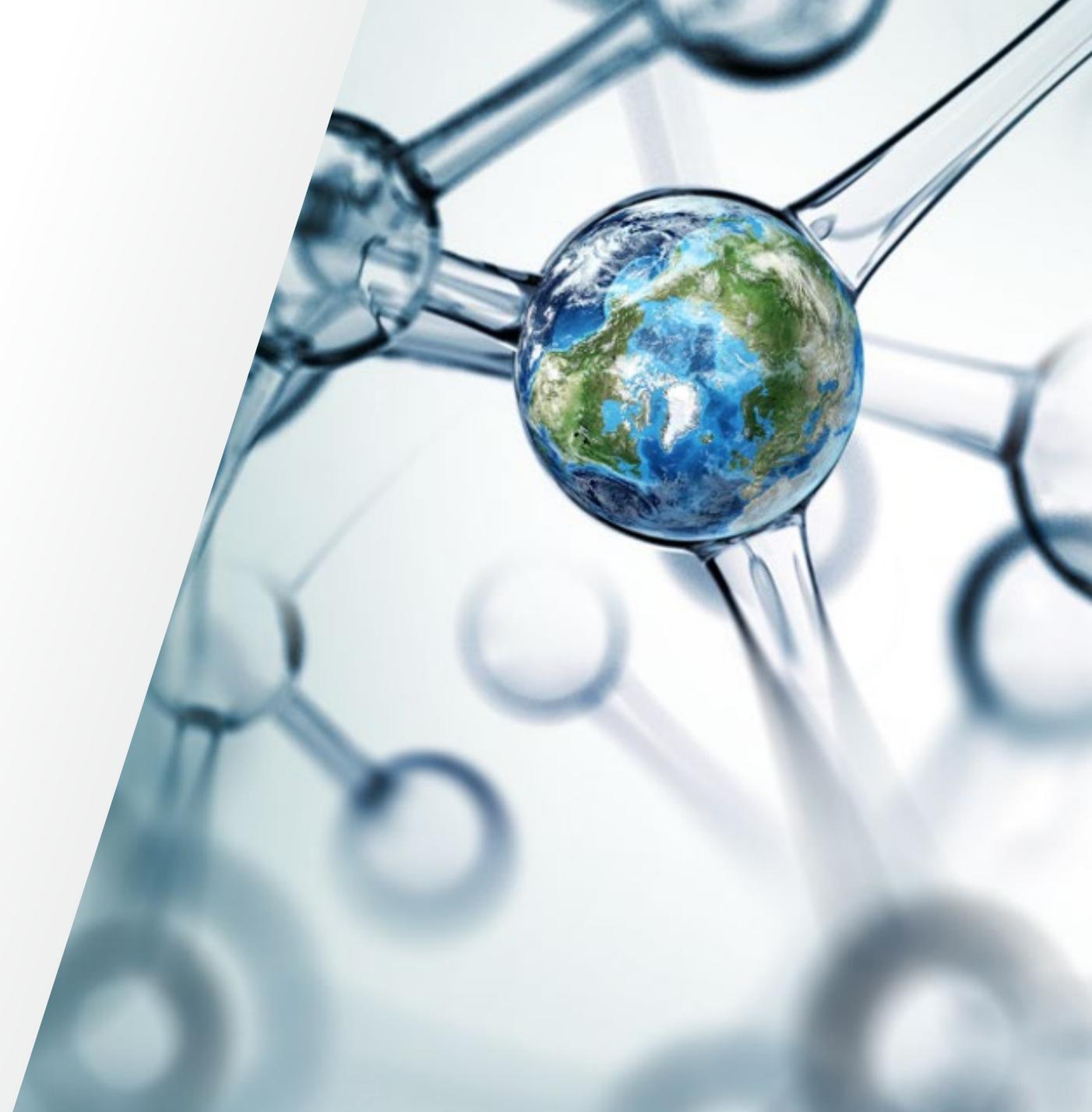


もっと身近に! 網羅的遺伝子発現解析セミナー

サーモフィッシャーサイエンティフィック
ライフテクノロジーズジャパン株式会社
テクニカルサポート

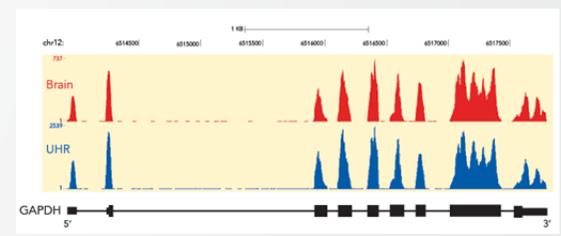
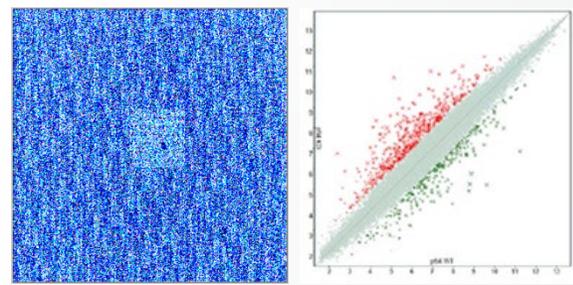
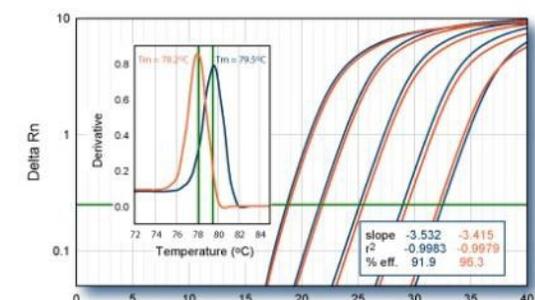
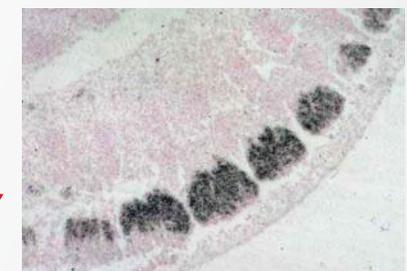
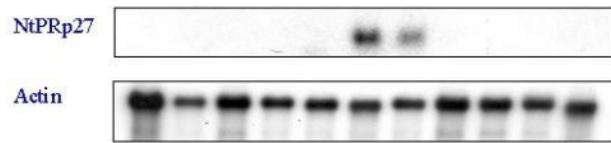
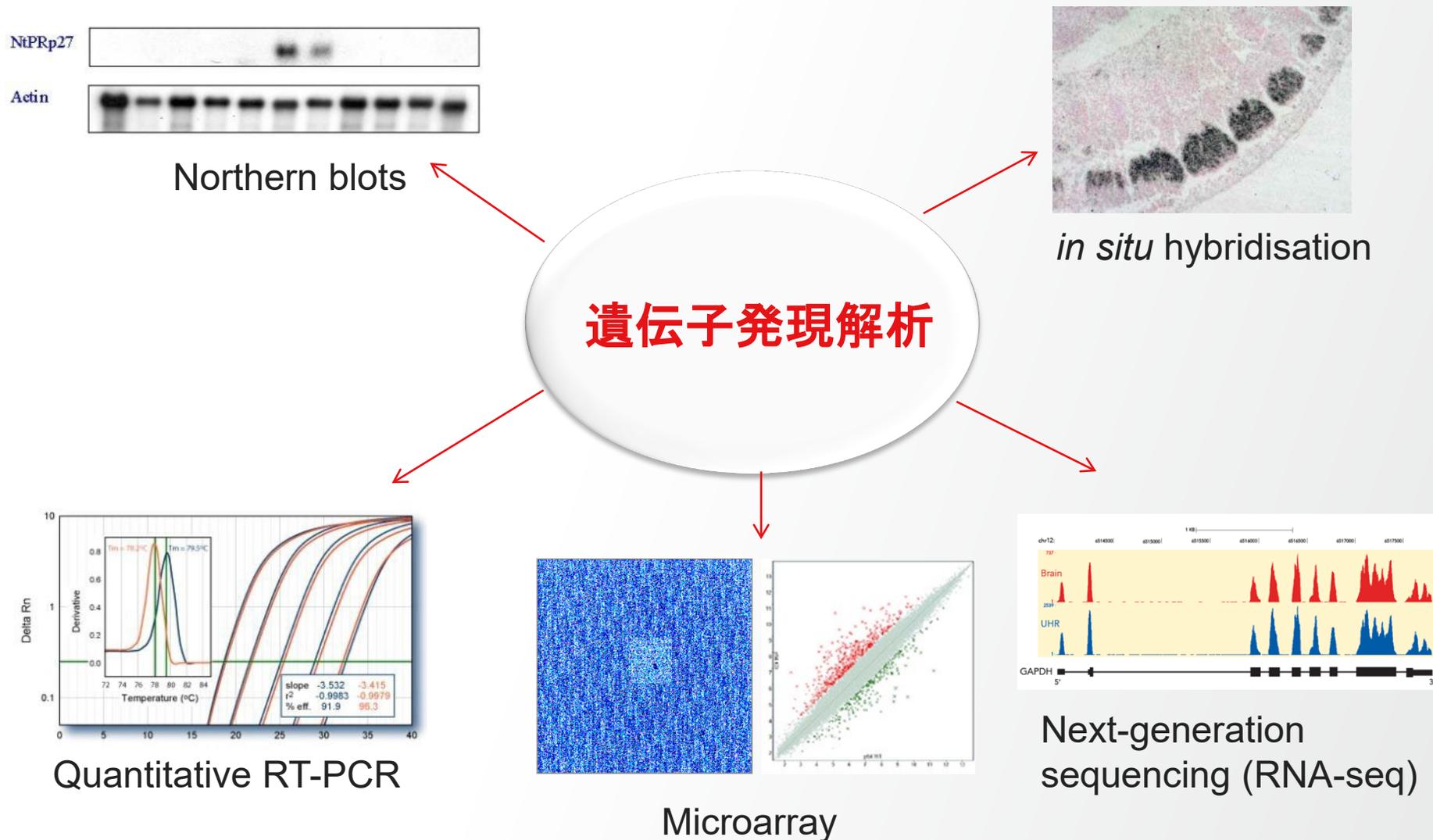
 The world leader in serving science



- マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析とは
- NGSとの違いや使い分け
- マイクロアレイ解析のポイント
- 無償解析ソフトウェア Transcriptome Analysis Console (TAC)
- 最新の研究事例紹介

- マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析とは
- NGSとの違いや使い分け
- マイクロアレイ解析のポイント
- 無償解析ソフトウェア Transcriptome Analysis Console (TAC)
- 最新の研究事例紹介

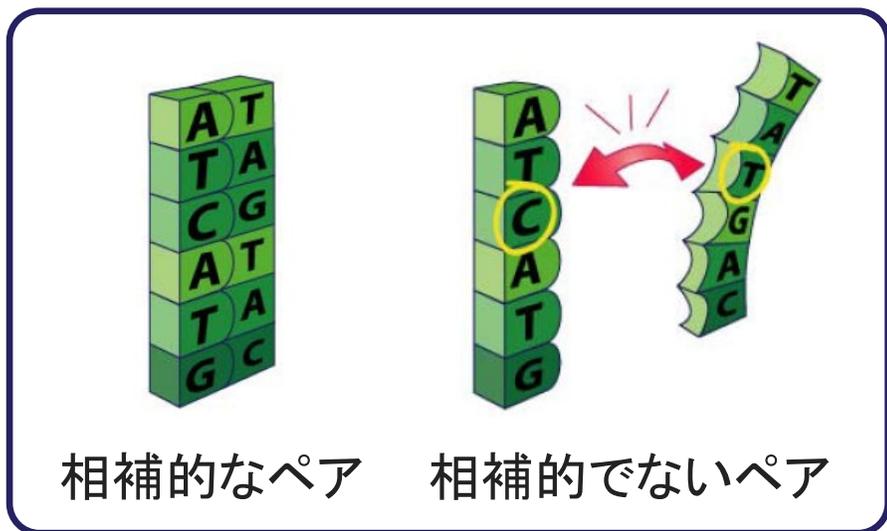
さまざまな遺伝子発現解析のアプリケーション



マイクロアレイとは

マイクロアレイ:オリゴヌクレオチドやcDNAなどを基板上に高密度に整列固定したツール
DNAやRNAをハイブリダイズさせて質的・量的変化を捉える

ハイブリダイゼーション



解析内容に応じて標的とプローブも変わる

遺伝子発現解析(GeneChip, Clariom, miRNA array)

RNA, miRNA

CNV解析・染色体構造異常検出(CytoScan, OncoScan)

DNA

SNPジェノタイピング(Axiom)

DNA

マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析の目的



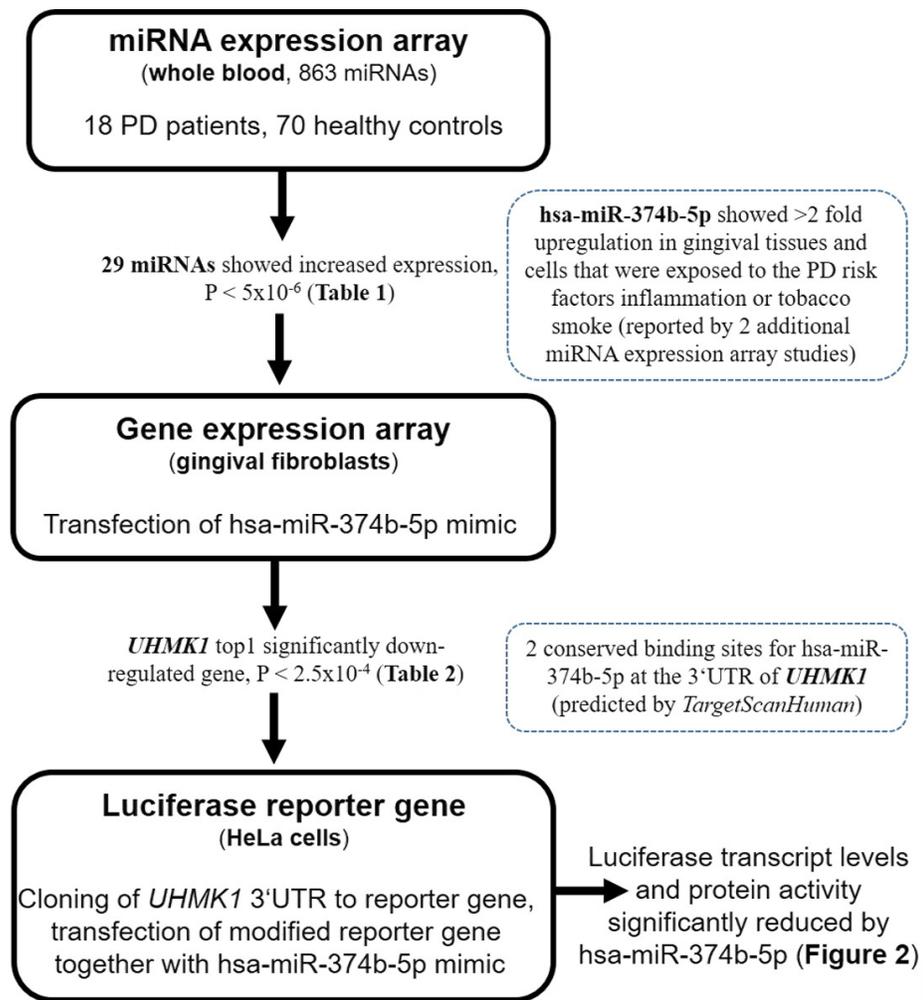
網羅的に遺伝子の発現量の増減を検出

- ・ある生命現象に関わる遺伝子群の候補を見つけたい
- ・多数の遺伝子の発現量を比較したい
- ・全遺伝子の発現プロファイルを調べたい

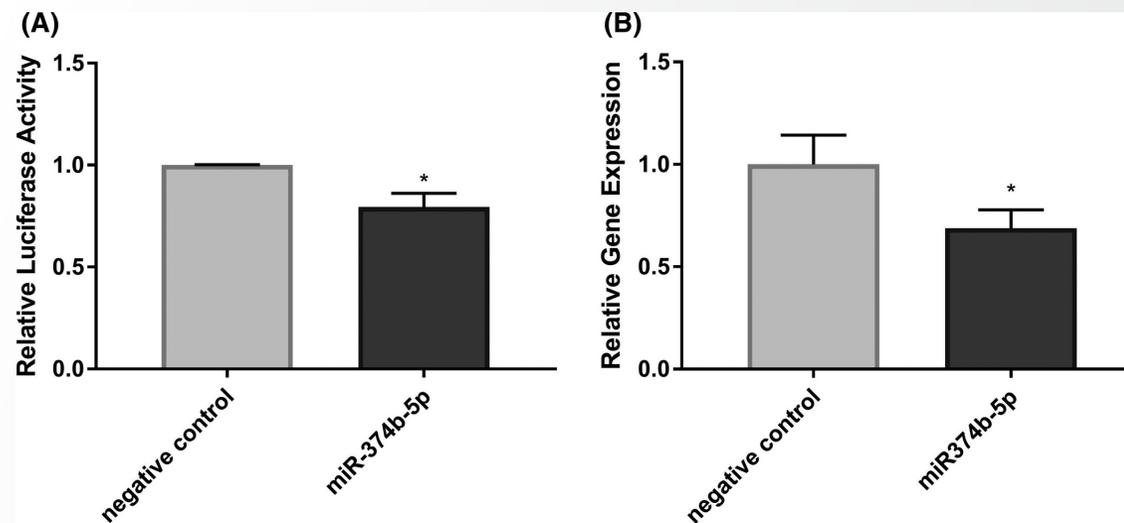


スクリーニングツールとして利用、遺伝子を絞り込んでいく

論文事例: 歯周炎患者で増加しているmiRNAと標的遺伝子の同定

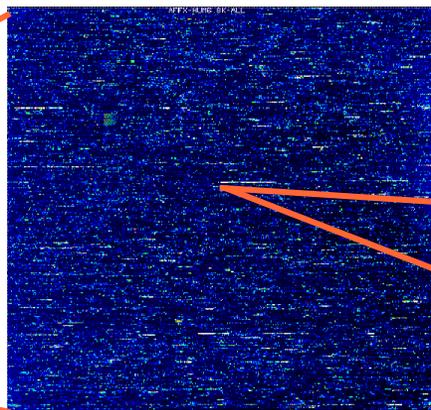


歯周炎の主要なリスクファクターである口腔内炎症や煙草の煙への暴露に伴い上昇するmiRNA hsa-miR-374b-5pを同定
→miRNA mimicで過剰発現系を作成、mRNAのマイクロアレイ解析により破骨細胞の分化に関わるUHMK1の発現量低下を検出
→qPCRおよびルシフェラーゼアッセイで定量的に評価



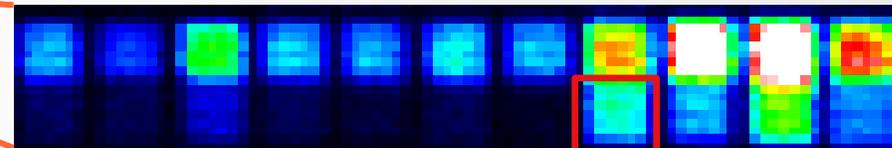
マイクロアレイの構造

マイクロアレイ
カートリッジ



Probe Set

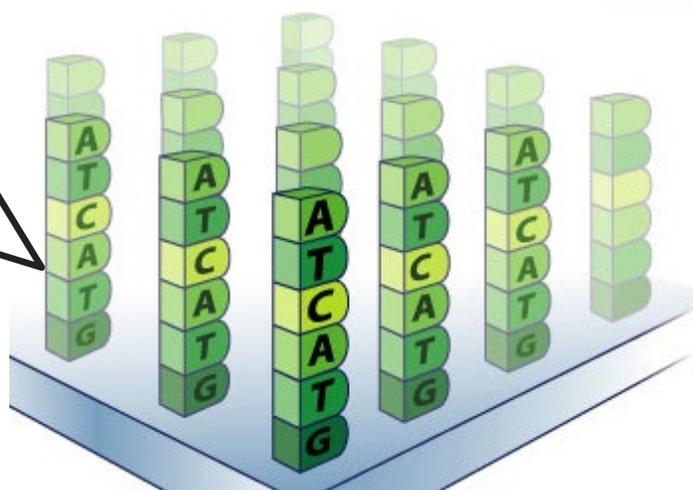
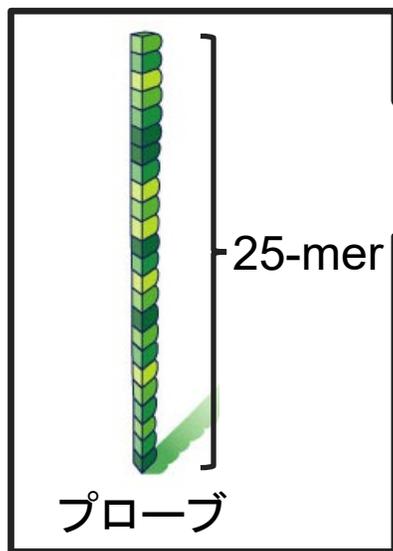
- プローブセル1つに対して1種類のプローブが搭載
- 1つの転写産物に対し、複数のプローブが搭載



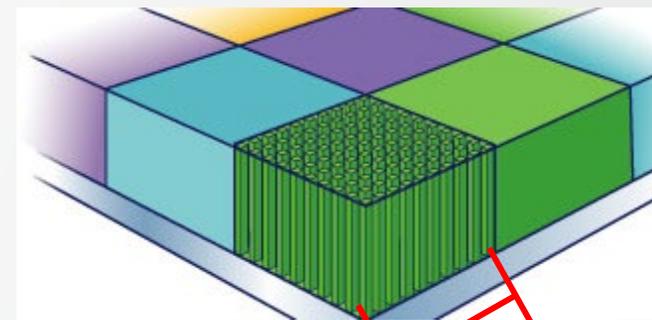
1.28 cm四方のガラス面

多いもので600万種以上のプローブが配置

プローブセル

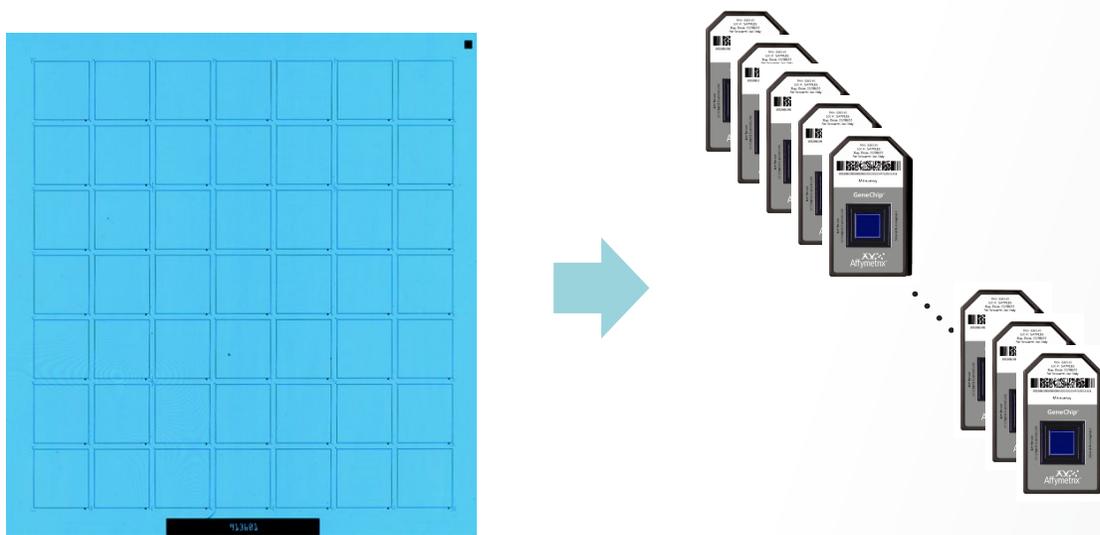
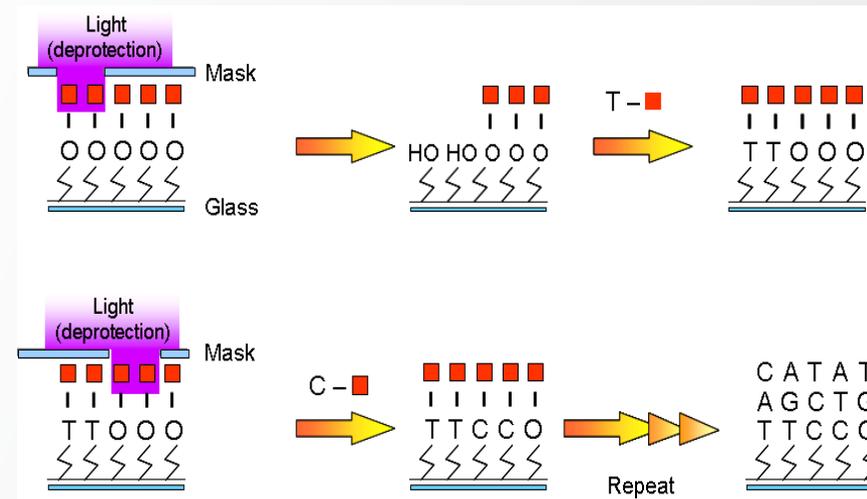
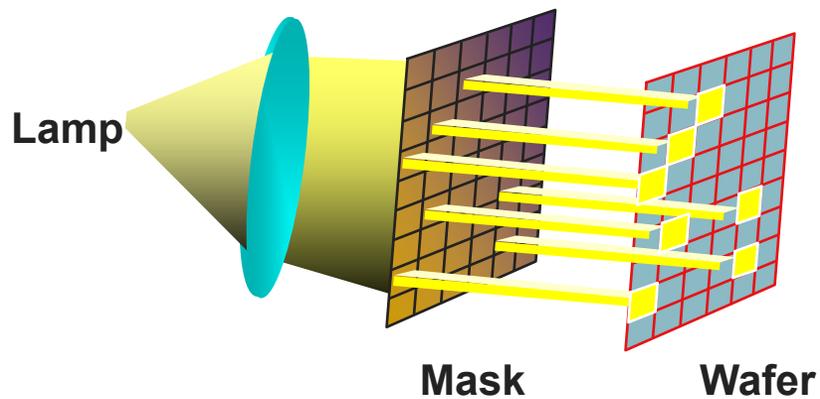


1つの区画に同じ配列のプローブが搭載



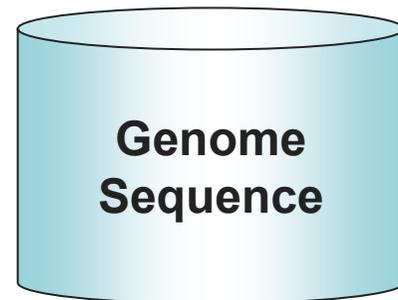
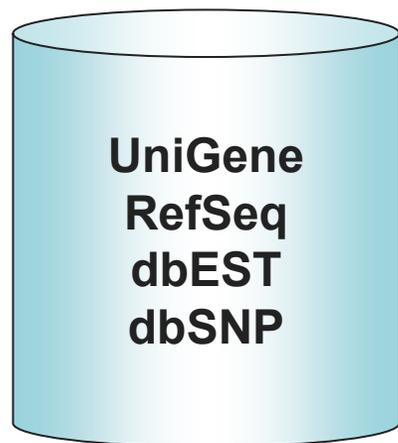
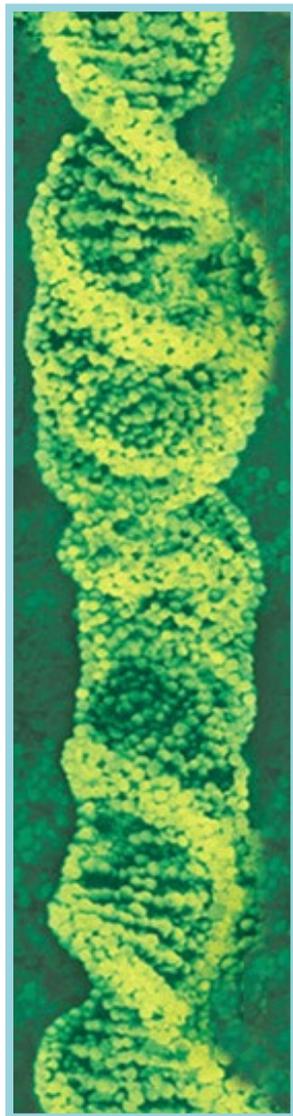
5 μm

フォトリソグラフィによるアレイの製造

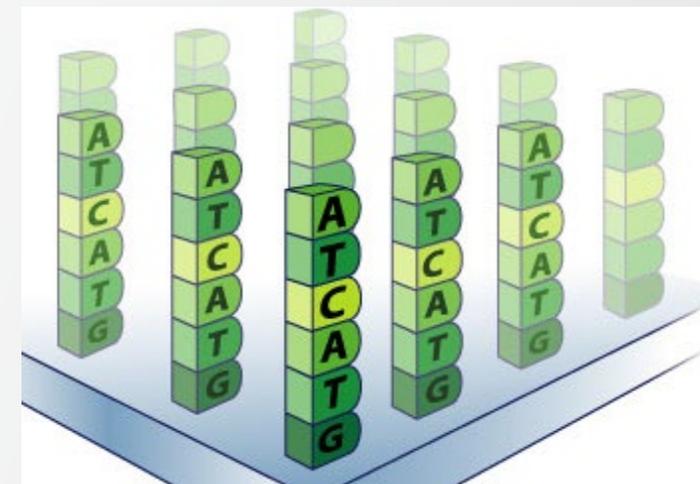
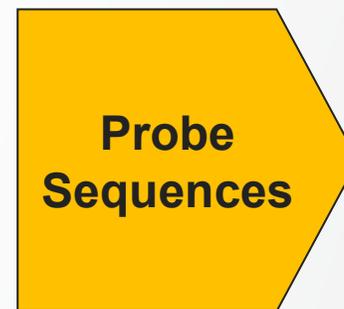
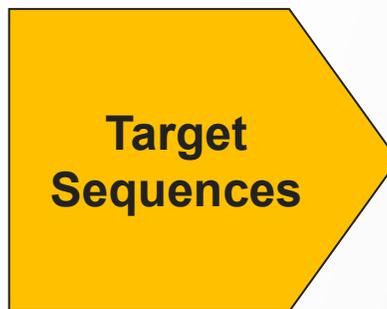


フォトリソグラフィ技術とコンビナトリアルケミストリー技術を組み合わせた製造方式により、超高密度なプローブ製造を実現

プローブのデザイン

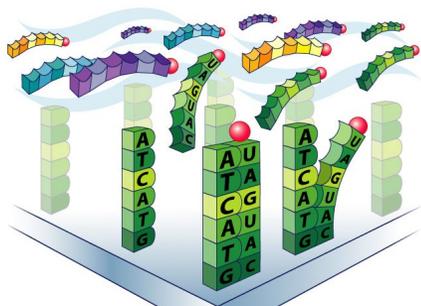


公共データベース
の配列情報等



■ 25-mer オリゴヌクレオチド

マイクロアレイによる発現解析の原理



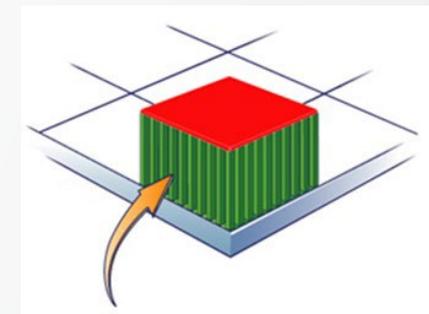
1. ハイブリダイゼーション

プローブに相補的なサンプルのみ
がプローブに結合



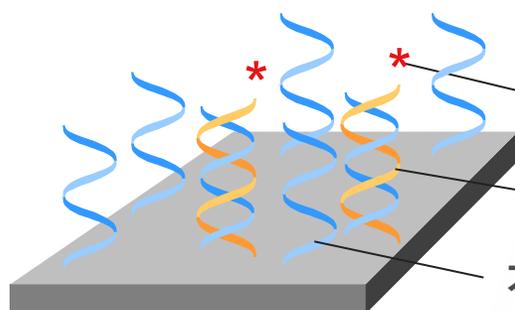
2. 洗浄

結合しなかった
サンプルを洗い流す



3. 染色

蛍光色素と反応



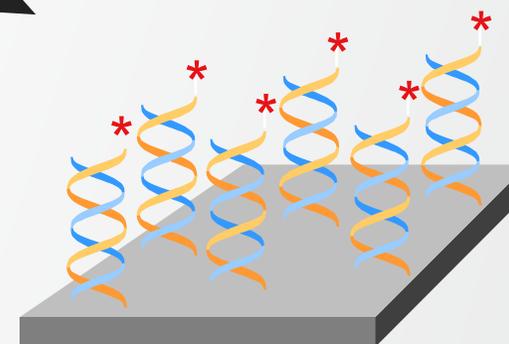
発現量が少ない:
蛍光強度が弱くなる

蛍光標識

ターゲット遺伝子

オリゴヌクレオチドプローブ

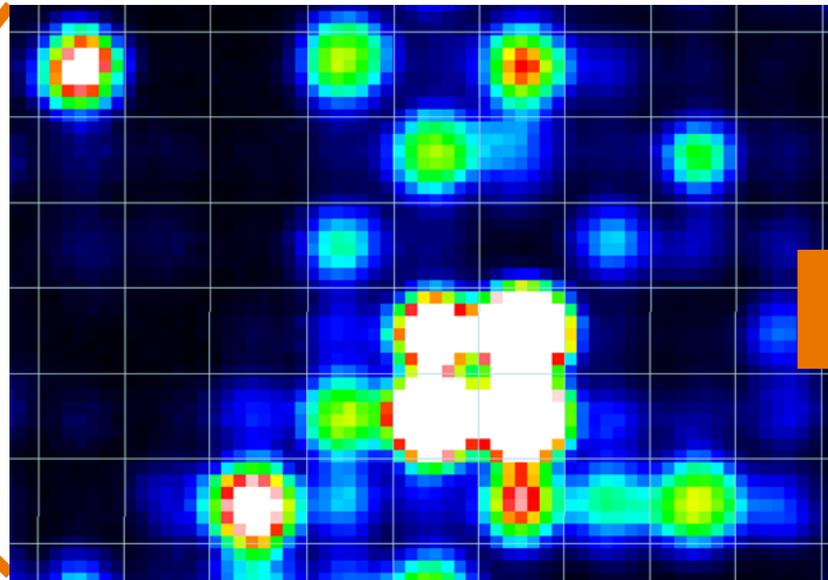
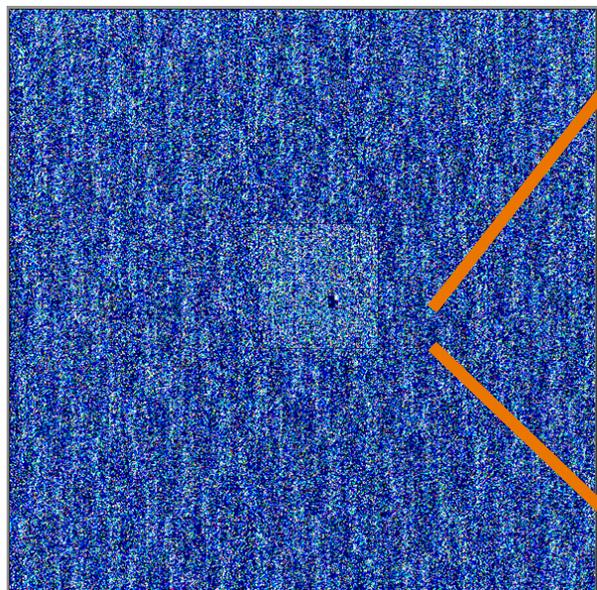
4. スキャン・解析



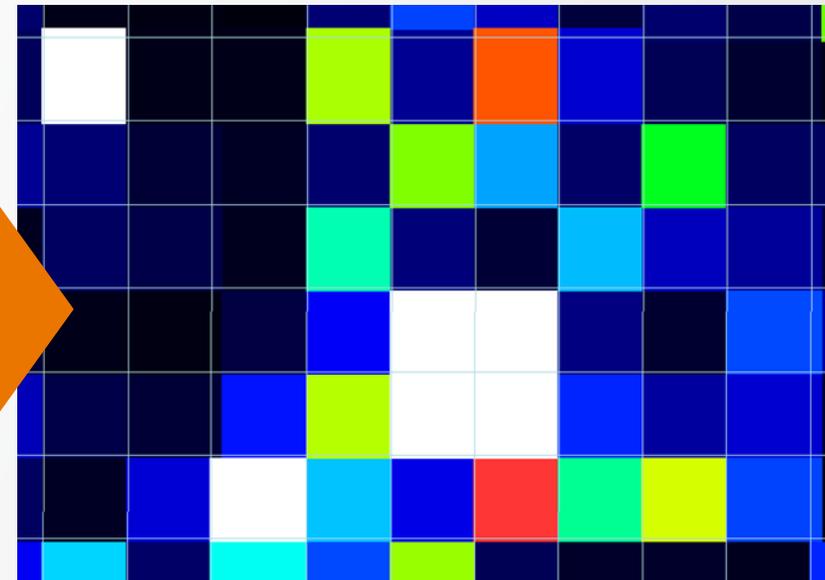
発現量が多い:
蛍光強度が強くなる

スキャンデータの解析

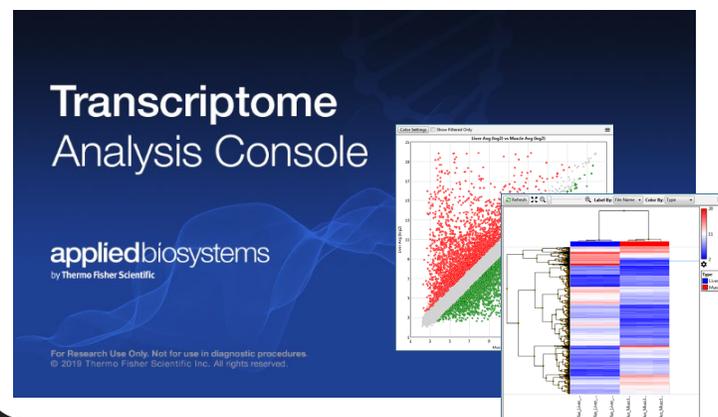
DAT ファイル(生の画像データ)



CELファイル(シグナル強度を数値化)



遺伝子発現解析用ソフトウェア

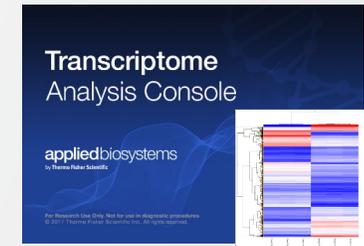
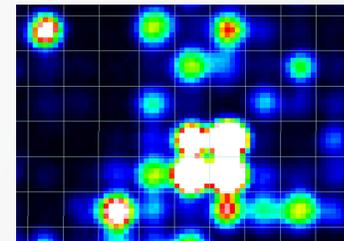
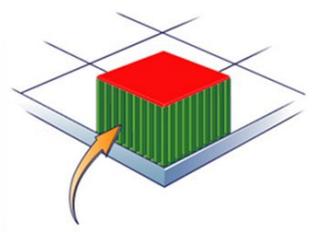
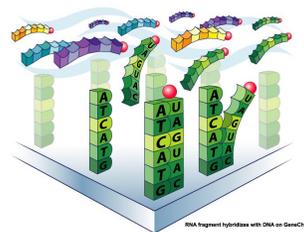


- 遺伝子毎の発現データ
- 2群間の比較解析
- グラフの描画



マイクロアレイ解析の流れと所要時間

最短3日で解析結果が取得可能



2日

Overnight
(16~18時間)

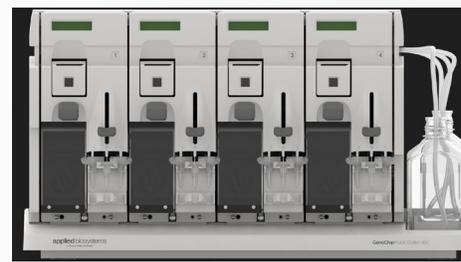
2時間~半日

5分~1時間

**GeneChip System 3000
(GCS3000)**



Hybridization Oven



Fluidics station



Scanner

- マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析とは
- **NGSとの違いや使い分け**
- マイクロアレイ解析のポイント
- 無償解析ソフトウェア Transcriptome Analysis Console (TAC)
- 最新の研究事例紹介

遺伝子発現解析におけるマイクロアレイとRNA-Seqの比較

マイクロアレイ (Clariom D)

RNA-Seq

既知遺伝子のみ

解析可能な遺伝子

新規遺伝子、融合遺伝子も解析可能

600万プローブを搭載し
7億リード相当の解析精度を実現
エクソンジャンクション部やlncRNAも
専用に設計したプローブによって
高い解析精度を実現

高発現転写産物
低発現転写産物

約2万遺伝子を検出するのに
3,000~5,000万リードが必要

精度の高い解析や低発現の発現解析には
数億リード読むかディープシーケンスが必要

既に確立されたプロトコルに沿って
実施するのみ

実験操作

検体や目的に応じてリード数などを
変える必要がある

数日から数週間

結果取得までの時間

数週間から数カ月

無償ソフトで操作が簡単

データ解析

有償ソフト・有償データ解析が必要
無償で行うならバイオインフォマティクスの
スキルが必要

マイクロアレイとRNA-seqの特長を活かした相乗的な活用法

マイクロアレイ

- ✓ エクソンレベルの解析
(選択的スプライシングなど)
- ✓ 発現量の低い遺伝子の解析
(lncRNAなど)
- ✓ 解析の容易さ

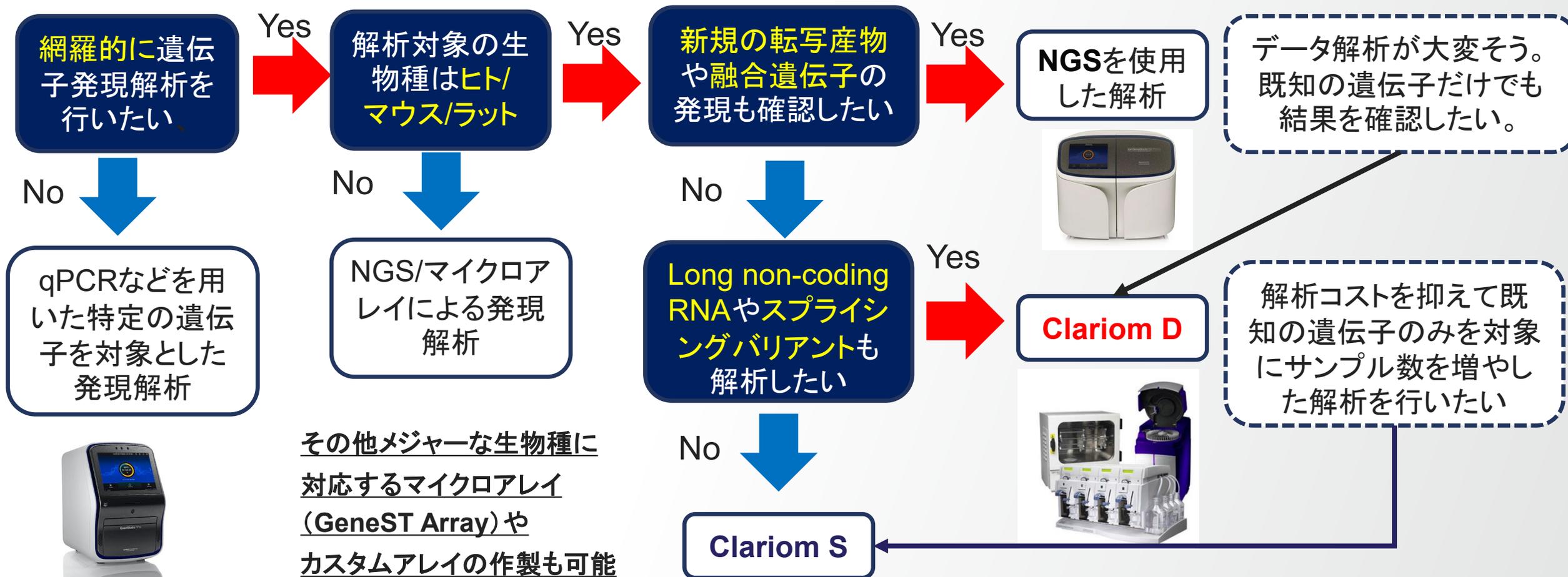
既知の
遺伝子
発現解析

RNA-seq

- ✓ 新規遺伝子・転写産物の発見
- ✓ 融合遺伝子の解析
- ✓ アレル特異的な発現解析

研究の目的や予算に応じて、
マイクロアレイとNGSを相乗的に使い分けることが効果的

網羅的に遺伝子発現を解析する際のアプリケーション選択例



- マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析とは
- NGSとの違いや使い分け
- **マイクロアレイ解析のポイント**
- 無償解析ソフトウェア Transcriptome Analysis Console (TAC)
- 最新の研究事例紹介

マイクロアレイ解析を成功させるポイント

①解析の目的に合ったマイクロアレイや試薬を選択する

- ・新規の解析 or 継続の解析
- ・解析の目的(遺伝子発現解析、lncRNAや選択的スプライシングの解析、miRNA)
- ・サンプルに対する適切な調製用試薬の選択(凍結組織、微量検体・FFPEサンプル)

②高品質なTotal RNAを用意する

- ・必要量、純度、分解度を確認

③実験フローを遵守しQuality Checkを確認する

- ・適切に実験が進行しているか確認

マイクロアレイの選び方

比較解析するマイクロアレイは揃える必要がある

○ 同種アレイ



× 異種アレイ



× 他社製アレイ



[マイクロアレイタイプの違い]

3'IVT: 3'末端側を標的としてプローブをデザイン
ロングセラーのクラシックモデル

WT: 遺伝子全域を標的としてプローブをデザイン
開発が比較的新しいモデル

過去に取得したマイクロアレイデータと比較解析 ⇒ 比較するマイクロアレイと同じもの(3'IVT, WT)を選択

新規に取得したマイクロアレイデータで比較解析 ⇒ デザインが新しいマイクロアレイ(WT)を選択

様々なモデル生物に対応



検体種が**ヒト・マウス・ラット**の場合は
次世代型マイクロアレイClariomがおすすめ!

次世代型マイクロアレイ～Clariom～

Applied Biosystems™ Clariom™ シリーズのアレイはヒト、マウス、ラットの解析に対応！

用途に応じた**2種類**のフォーマットから選択可能

トランスクリプトームレベルの発現解析アレイ

Clariom™ D Array

- ・**600万**を超えるプローブを搭載
- ・遺伝子発現解析はもちろん、選択的スプライシングによる**バリエーション解析**や、**Long non-coding RNA 解析**にも対応
- ・**7億リード**のRNA-Seqに匹敵する高精度な解析

1アッセイあたり**約5万9千円**

遺伝子発現レベルの発現解析アレイ

Clariom™ S Array

- ・遺伝子発現解析に特化することで**低価格**を実現
- ・**アノテーションが十分な2万以上の代表的遺伝子**が解析可能
- ・**1000万～1億リード**のRNA-Seq相当の解析性能

1アッセイあたり**約3万円**

遺伝子発現解析用アレイの選択

- 既知の転写産物の網羅的な発現解析を行いたい
- Long non-coding RNAの発現や選択的スプライシングの違いも見てみたい

Clariom™ D Array

- コストを抑えて代表的な既知遺伝子のみ発現解析したい
- Long non-coding RNAまでは解析対象ではない

Clariom™ S Array

<Clariom™ D Array, human>

Content summary	Human
Genes	>134,700
Transcripts	>542,500
Exons	>948,300
Exon-exon splice junctions	>484,900
Total probes	>6,765,500
Probes targeting exons	>4,781,200
Probes targeting exon-exon splice junctions	>1,984,300

<Clariom™ S Array, human>

Content summary	Human
Genes	>20,800
Transcripts	>337,100
Total probes	>211,300
Probes targeting genes	>205,800

解析用サンプルの調製について

試薬	サンプル種	Total RNA量(推奨量)
Applied Biosystems™ GeneChip™ WT PLUS Reagent Kit	凍結組織 全血	50~500 ng (100 ng)
Applied Biosystems™ GeneChip™ 3'IVT PLUS Reagent Kit		
Applied Biosystems™ GeneChip™ WT Pico Reagent Kit	凍結組織(微量RNA) FFPE	微量RNA: 100 pg~10 ng (500 pg) FFPE: 500 pg~50 ng (2 ng)
Applied Biosystems™ GeneChip™ 3'IVT Pico Reagent Kit		

RNAが100ng(33.3 ng/μL)以上で
凍結組織(FF)もしくは全血由来のRNA



PLUS Kit

RNA収量が少ない
ホルマリン固定(FFPE)サンプル由来のRNA



Pico Kit

アレイと調製試薬がセットに
なった**Assayキット**をご用意

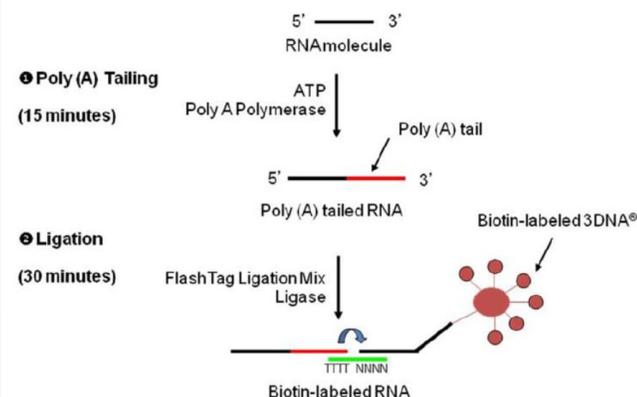
miRNAの網羅的な発現解析に: Applied Biosystems™ GeneChip™ miRNA 4.0 Array



- リファレンス:miRBase release 20を元にアレイデザイン
- 30,434 mature miRNAs & 3,770 human/mouse/rat precursor miRNAs
- 203種の生物種のmiRNAを同時搭載
- 同一の実験でmature miRNAとpre-miRNAの発現解析が可能
Human[2,578、2025]、Mouse[1,908、1,255]、Rat[728、490]
- 必要なTotal RNA量は130~1,000 ng

miRNA 4.0アレイ用のサンプル調製にはApplied Biosystems™ FlashTag™ Biotin HSR RNA Labeling Kitを使用

Flash Tag™ Biotin HSR RNA Labeling Kit



Total RNAのクオリティーについて

- ①純度の確認
- ②分解の度合いの確認

①純度の確認

$$\text{OD260/230} = > 1.6$$

⇒OD260/230の数値が低いサンプルは、
塩や有機溶媒等の混入が考えられ、
cRNAの収量を下げる可能性があるため、
EtOH沈殿を行ってから使用することをすすめる。

$$\text{OD260/280} = 1.6 - 2.1$$

⇒OD260/280の値が小さい場合はタンパク質の混入で
cRNAの収量を下げる可能性がある。



NanoDropでの計測

Total RNAのクオリティーについて

- ①純度の確認
- ②分解の度合いの確認

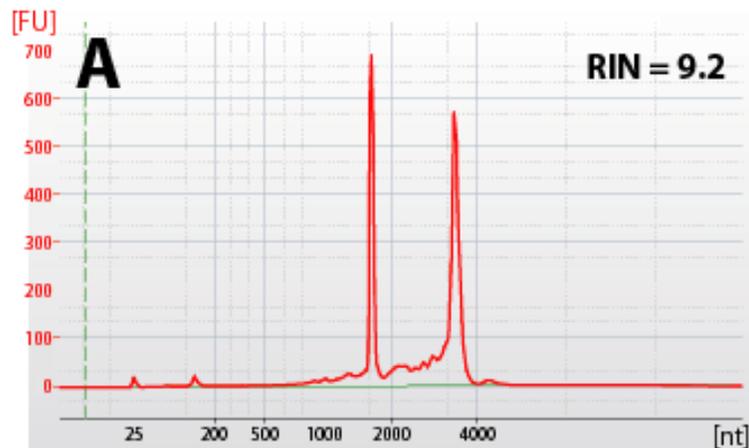
②分解の度合いの確認

Bioanalyzer でRIN(RNA Integrity Number) 値の計測

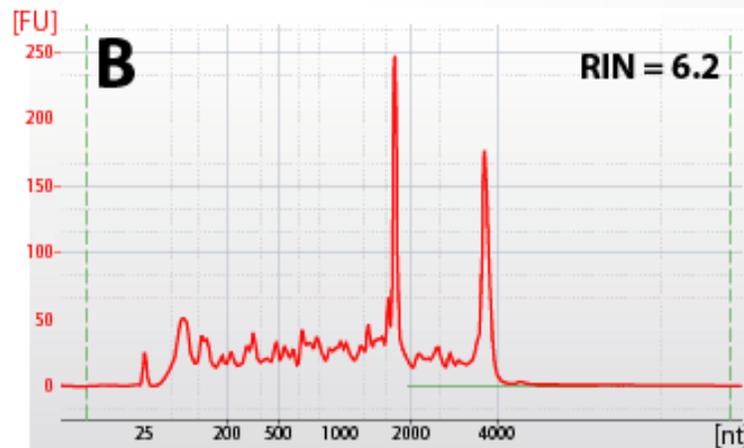
- RIN値の推奨範囲: 10に近ければ近いほど分解が少ないので望ましい
- 下限値: **RIN > 6** を推奨
- RIN値が低いサンプルは、Total RNAが分解されている可能性が高い。(RIN=6では部分分解)
- RIN値が低いサンプルを用いた場合、
 - ・次の工程に進むために必要なcRNAが得られない可能性あり
 - ・cRNAの長さが通常より短くなる可能性あり。

Total RNAのRIN値

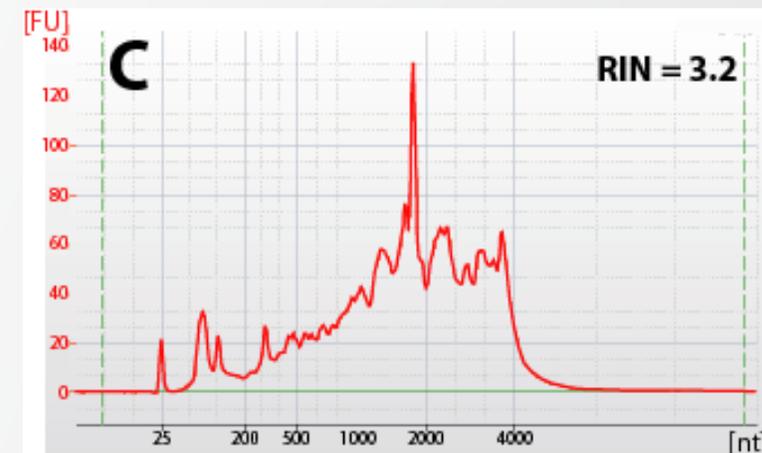
Excellent RNA Quality HeLa
RIN = 9.2



Medium RNA Quality Kidney
RIN = 6.2



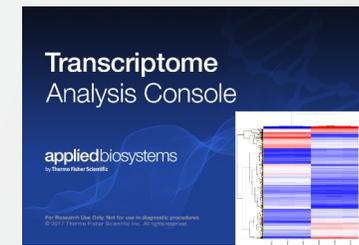
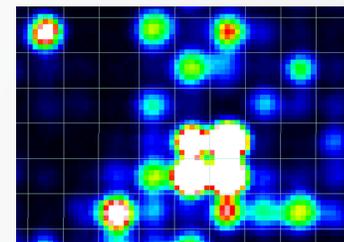
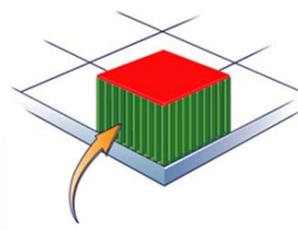
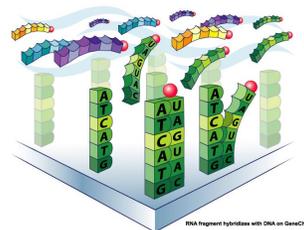
Degraded RNA Liver
RIN = 3.2



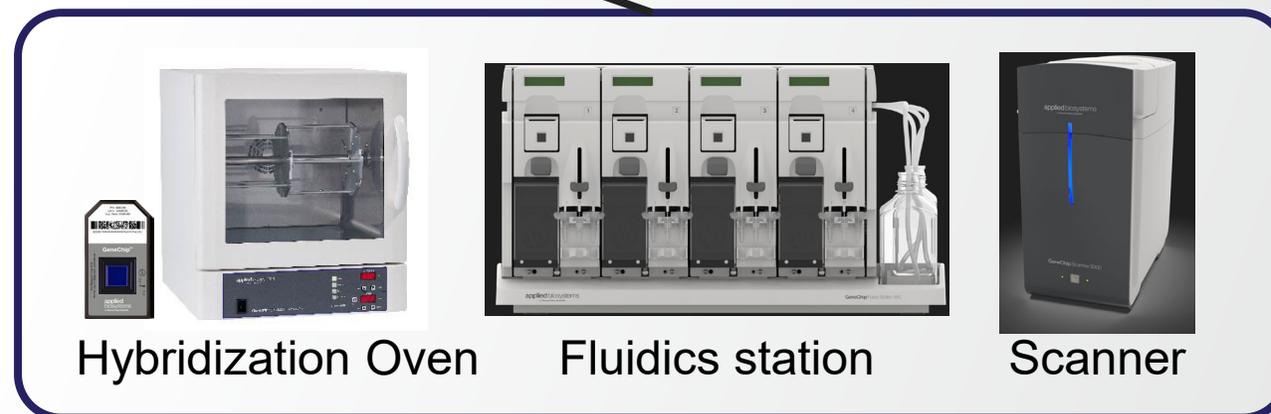
少なくともこのレベルのtotal
RNAを準備することを推奨

⇒Pico kitの使用を推奨

マイクロアレイ解析サンプルの調製

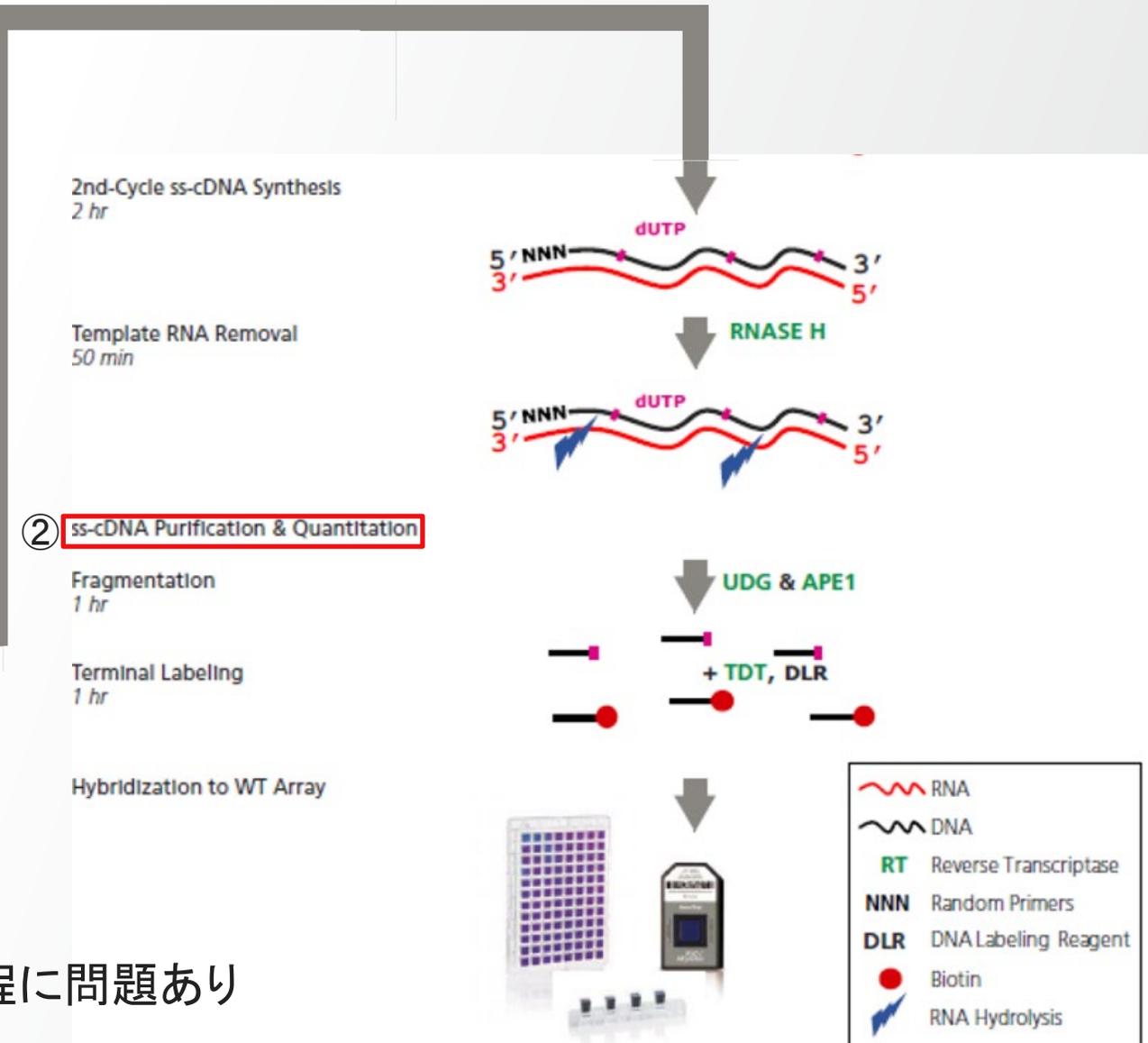
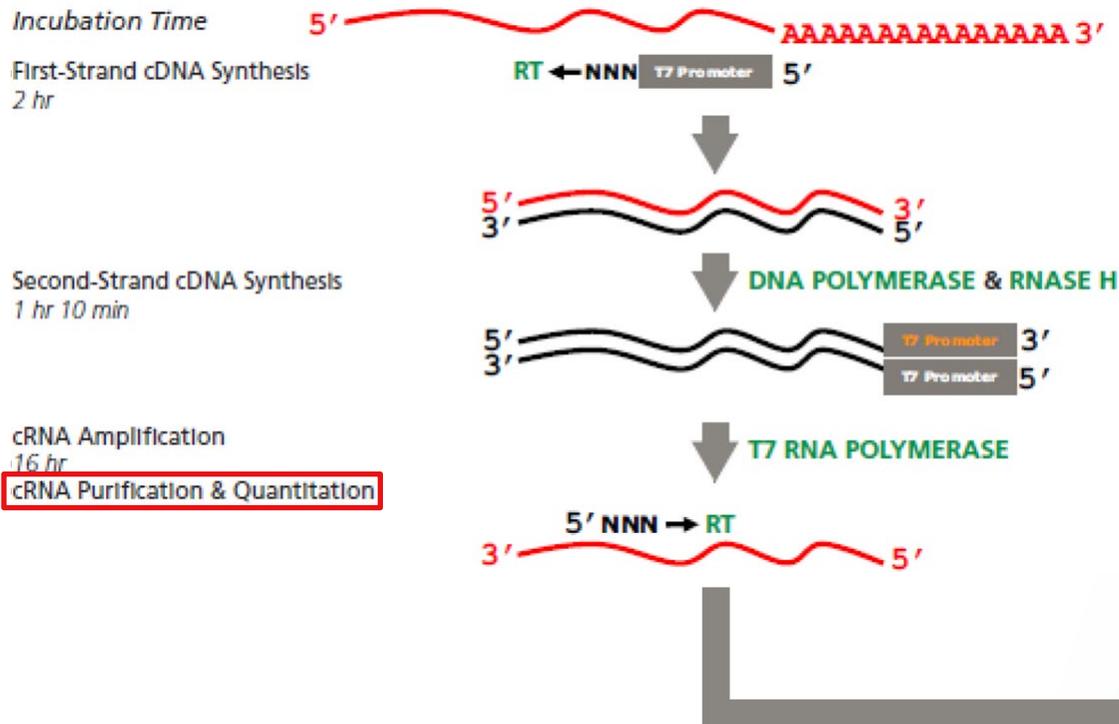


- サンプル調製は大別して2段階
- 重要なQC確認箇所が2つある



GeneChip System 3000
(GCS3000)

サンプル調製ワークフロー (GeneChip WT PLUS Reagent)



[Quality Check(QC)]

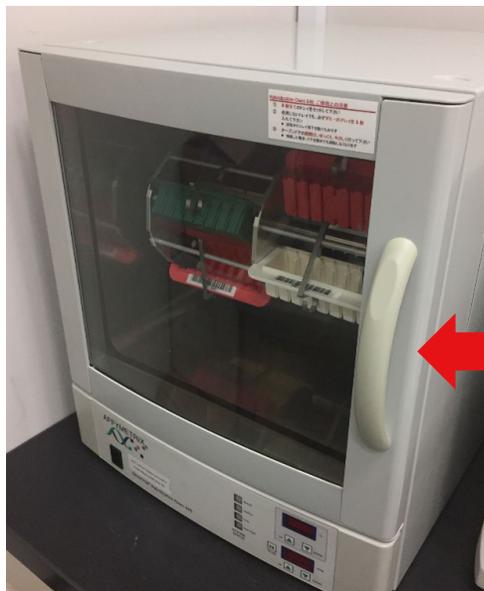
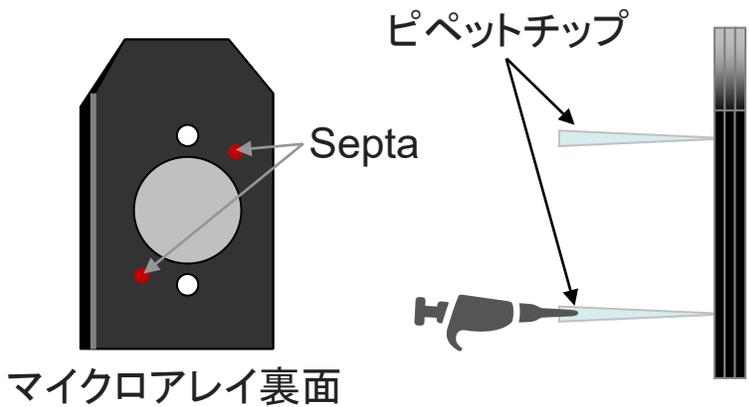
① cRNA: $\geq 15.0 \mu\text{g}$ 以上 (625.0 ng/ μL)

② ss-cDNA: $\geq 5.5 \mu\text{g}$ 以上 (176.3 ng/ μL)

規定量に満たない場合はTotal RNA品質や実験工程に問題あり

GCS3000システムを用いた実験

Hybridization



Hybridization Oven

Wash&Stain

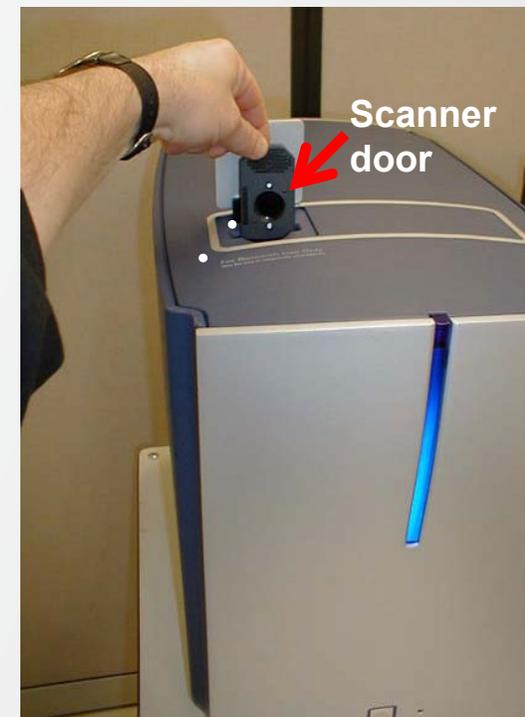
- ・1台で4枚を処理可能
- ・PC制御のため手技によるばらつきが生じにくい



Fluidics station 450

Scan

- ・画像取得から解析用データ(CEL)作成までPCが自動で実施
- ・オートローダー付きモデルでは48枚のアレイを自動でスキャン可能

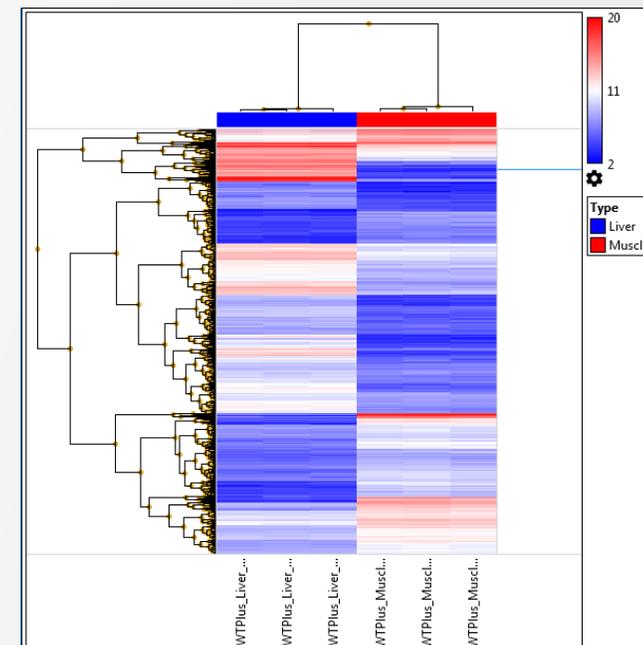
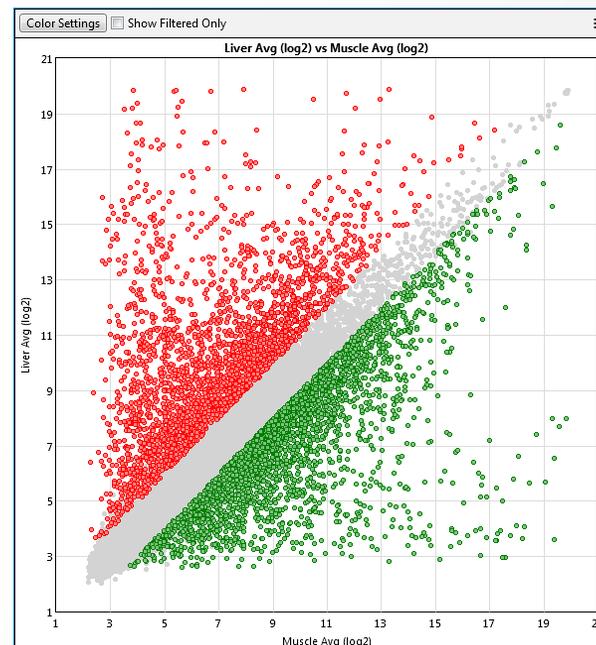
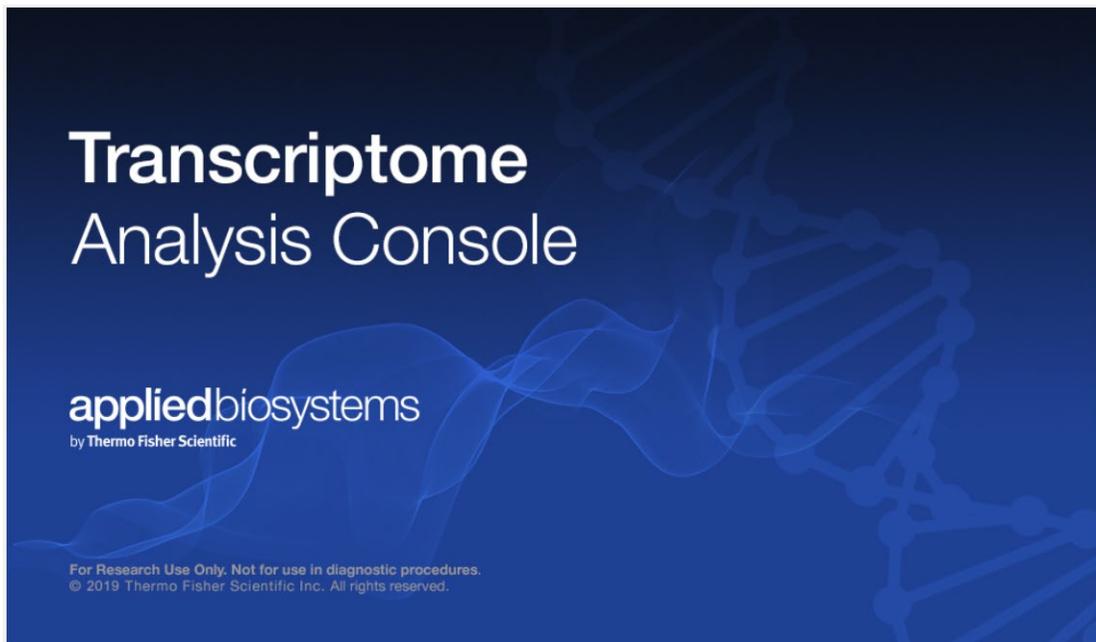


Scanner

Agenda

- マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析とは
- NGSとの違いや使い分け
- マイクロアレイ解析のポイント
- **無償解析ソフトウェア Transcriptome Analysis Console (TAC)**
- 最新の研究事例紹介

Transcriptome Analysis Console (TAC)



◇**充実**:「この無償ソフトで解析は十分」とおっしゃってくださるお客さまも
TACで出力されたグラフを論文に利用した例も有り

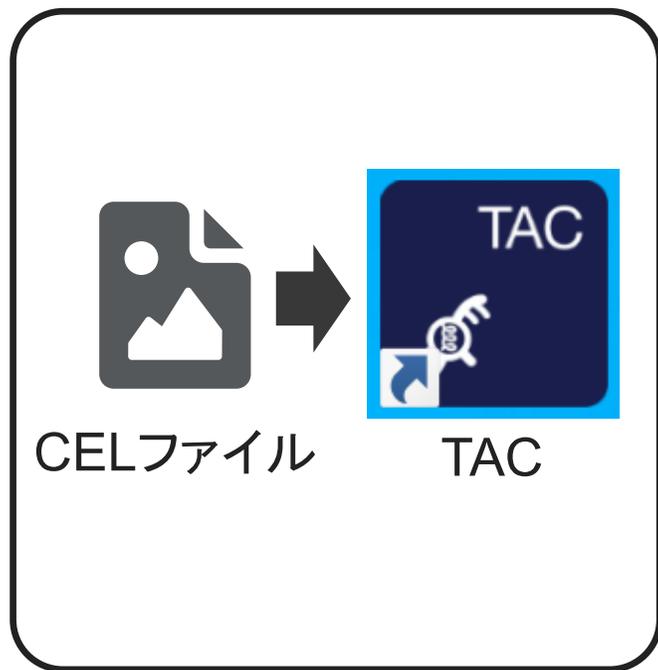
◇**早い**: Clariom™ S Arrayであれば、数十秒(2群・N=2の場合は15~30秒程度)で解析終了

◇**わかりやすい**: 遺伝子リストとグラフが連動していて、直感的に使えるデザイン
バイオインフォマティクスに詳しくなくても解析可能

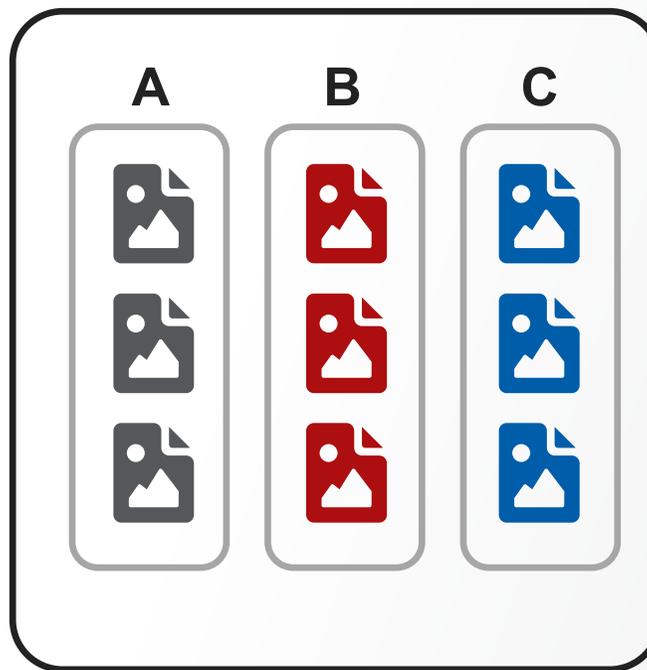
◇**無償**: どなたでも自由に解析可能

TACを使用したデータ解析の流れ

①CELファイル読み込み



②グループ設定



③解析を実行



3ステップで解析結果を表示可能!

データ解析に専門的な知識が無くとも簡単にご利用いただけます。

appliedbiosystems ClariomS_human_SampleData.tacx

Sample QC View Summary View Gene View

Gene Table Summary Sample Table

Comparison: Liver vs Muscle What is the differential expression between Liver and Muscle?

Apply View Filters Show/Hide Columns Export Add Column Customize Annotations

Gene List miRNA Interaction

ID	Liver Avg (log2)	Muscle Avg (log2)	Fold Chan...	P-val	FDR P-val	Gene Symbol	Description
count: 6458							
TC1200011920.h...	3.83	17.62	-14193.000	6.02E-23	9.39E-19	MYL2	myosin light chain 2
TC1100011182.h...	3.59	16.93	-10367.000	8.75E-23	9.39E-19	PYGM	phosphorylase, glycogen...
TC1200012832.h...	15.34	3.09	4876.16	1.41E-22	1.01E-18	PAH	phenylalanine hydroxylase
TC0200010847.h...	6.58	18.92	-5210.52	3.44E-22	1.85E-18	DES	desmin
TC0200016560.h...							elch-like family membe...
TC1700009744.h...							myosin, heavy chain 1, sk...
TC0300007500.h...							inter-alpha-trypsin inhibi...
TC1900011449.h...							oponin T type 1 (skeleta...
TC1700009745.h...	4.22	10.83	-3583.4	1.59E-21	4.43E-18	MYH2	myosin, heavy chain 2, sk...
TC0300013107.h...	15.47	3.66	3590.23	2.30E-21	4.43E-18	SLC2A2	solute carrier family 2 (fa...
TC0900009949.h...	7.76	18.35	-1537.74	2.34E-21	4.43E-18	TPM2	tropomyosin 2 (beta)
TC1100007463.h...	14.78	3.71	2149.59	2.71E-21	4.43E-18	F2	coagulation factor II (thr...
TC1000011400.h...	2.71	14.83	-4457.92	2.79E-21	4.43E-18	ANKRD1	ankyrin repeat domain 1...
TC0300010855.h...	15.23	3.33	3806.65	2.96E-21	4.43E-18	CYP8B1	cytochrome P450, family...
TC0100017663.h...	8.99	19.68	-1648.87	3.10E-21	4.43E-18	ACTA1	actin, alpha 1, skeletal m...
TC0500008766.h...	3.79	14.89	-2192.35	4.22E-21	5.07E-18	MYOT	myotilin
TC1200008615.h...	3.46	17.37	-15403.000	4.49E-21	5.07E-18	MYBPC1	myosin binding protein...
TC1700006523.h...	16.52	5.85	1623.12	4.60E-21	5.07E-18	SERPINF2	serpin peptidase inhibitor...
TC0400012478.h...	3.59	15.91	-5129.7	4.79E-21	5.07E-18	ASB5	ankyrin repeat and SOCS...
TC1400008752.h...	16.64	6.2	1386.01	4.93E-21	5.07E-18	CIDEB	cell death-inducing DFFA...
TC1500010407.h...	17.04	6.87	1148.49	5.06E-21	5.07E-18	ANPEP	alanyl (membrane) amin...
TC1000006701.h...	16.37	4.95	2745.69	5.42E-21	5.07E-18	ITIH2	inter-alpha-trypsin inhibi...

Gene Table (各転写産物の情報)

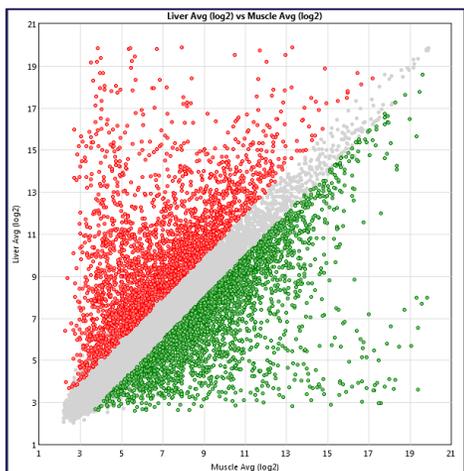
Scatter Plot Volcano Plot Hierarchical Clustering WikiPathways Sample Signals Chr Summary

Color Settings Show Filtered Only

Liver Avg (log2) vs Muscle Avg (log2)

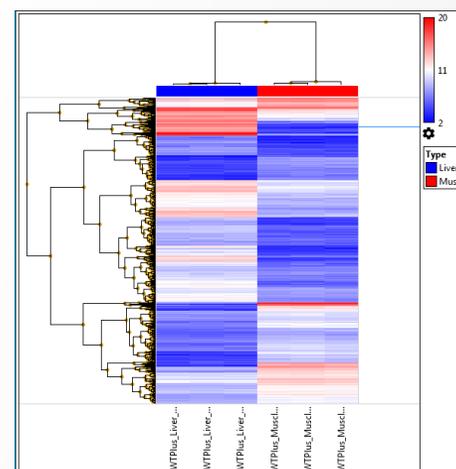
グラフデータ

TACで作成可能なグラフ例



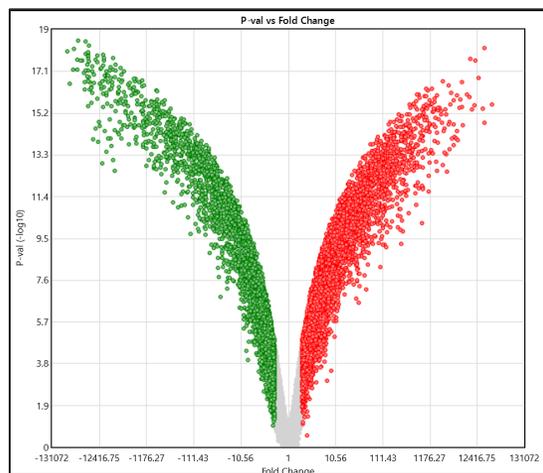
Scatter plot

- ・XY軸を遺伝子発現量(log2)でプロットした散布図
- ・発現量差が大きい遺伝子を見つけやすい



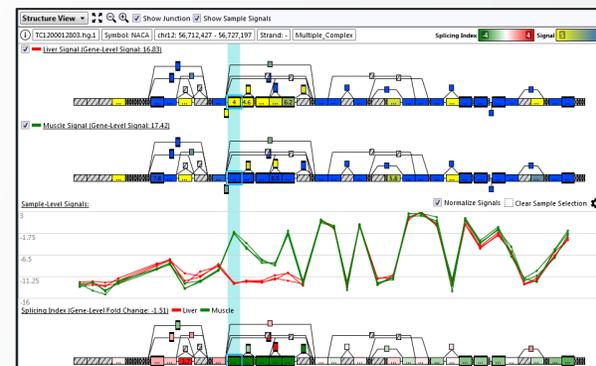
Hierarchical Clustering

- ・発現変動パターンが類似する遺伝子を自動でクラスタリング
- ・最大5000遺伝子まで表示可能



Volcano plot

- ・Fold Changeとp-valueでプロットした散布図
- ・有意差が大きい遺伝子を見つけやすい



Alternative splicing view

- ・エクソンレベルでの発現変動(選択的スプライシング)を分析可能
- ・アイソフォームの推定

(Clariom™ D Arrayなど一部の対応アレイのみ)

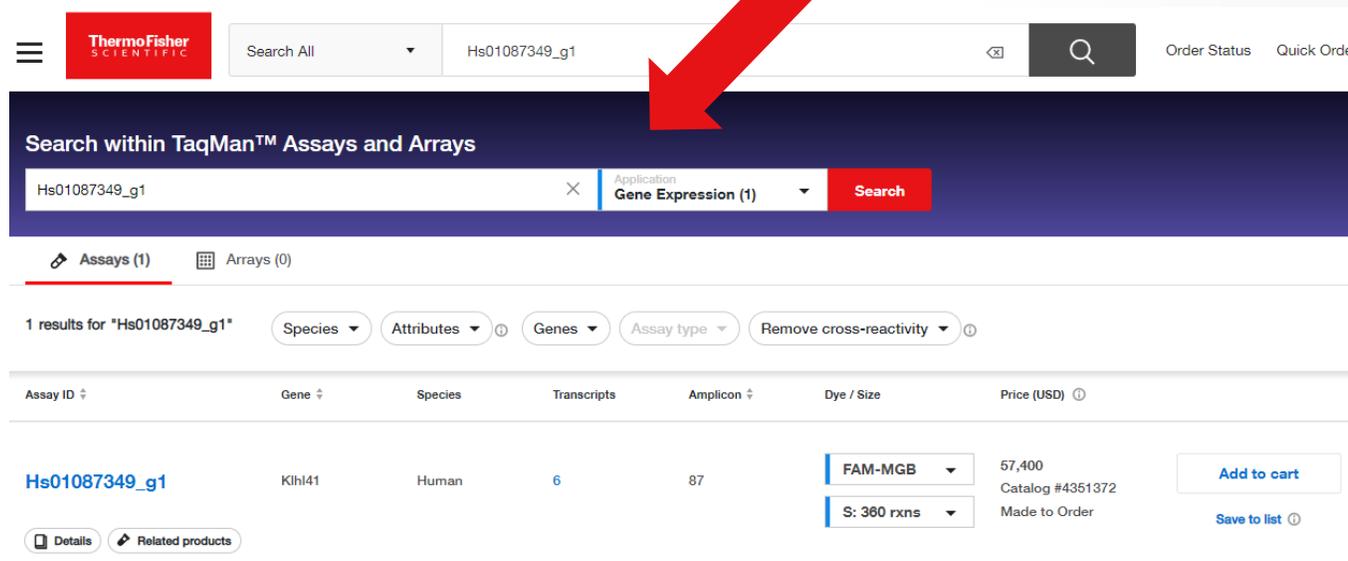
TaqMan Assayとの連動

候補遺伝子をqPCRで解析するのに最適なTaqMan Assayの情報をTAC上から取得できます。

ID	Liver Avg (log2)	Muscle Avg (log2)	Fold Chan...	P-val	FDR P-val	Gene Symbol	Description	Best_Coverage_TaqMan_Assay	Best_Coverage_TaqMan_Assay_HTML
TC0200016560.h...	3.81	17.8	-16288....	2.63E-25	5.63E-21	KLHL41	kelch-like family membe...	Hs01087349_g1	http://www.thermofisher.com/order...
TC1100011182.h...	4.06	16.97	-7707	2.29E-24	2.20E-20	PYGM	phosphorylase, glycogen...	Hs00989940_gH	http://www.thermofisher.com/order...
TC1200011920.h...	4.49	17.85	-10514....	3.08E-24	2.20E-20	MYL2	myosin light chain 2	Hs00166405_m1	http://www.thermofisher.com/order...
TC0900009247.h...	13.73	4.03	831.76	4.51E-24	2.42E-20	C8G	complement component...	Hs01113922_g1	http://www.thermofisher.com/order...
TC0200010847.h...	7.23	18.94	-3342.68	6.65E-24	2.69E-20	DES	desmin	Hs00157258_m1	http://www.thermofisher.com/order...
TC0900009949.h...	8.29	18.35	-1064.96	7.57E-24	2.69E-20	TPM2	tropomyosin 2 (beta)	Hs00992819_g1	http://www.thermofisher.com/order...

- × 配列情報の検索
- × プライマーのデザイン
- × 測定条件の検討

etc...



Search within TaqMan™ Assays and Arrays

Hs01087349_g1

Assays (1) Arrays (0)

1 results for "Hs01087349_g1"

Assay ID	Gene	Species	Transcripts	Amplicon	Dye / Size	Price (USD)
Hs01087349_g1	Klhl41	Human	6	87	FAM-MGB S: 360 rxns	57,400 Catalog #4351372 Made to Order

手間が掛かる準備は不要です。
設計済みのTaqMan Assayを活用
すれば研究を効率的に進められます。

- マイクロアレイを用いた遺伝子発現解析とは
- NGSとの違いや使い分け
- マイクロアレイ解析のポイント
- 無償解析ソフトウェア Transcriptome Analysis Console (TAC)
- **最新の研究事例紹介**

論文事例: COVID-19に対する早期IFN-1治療の有効性について

[研究目的]

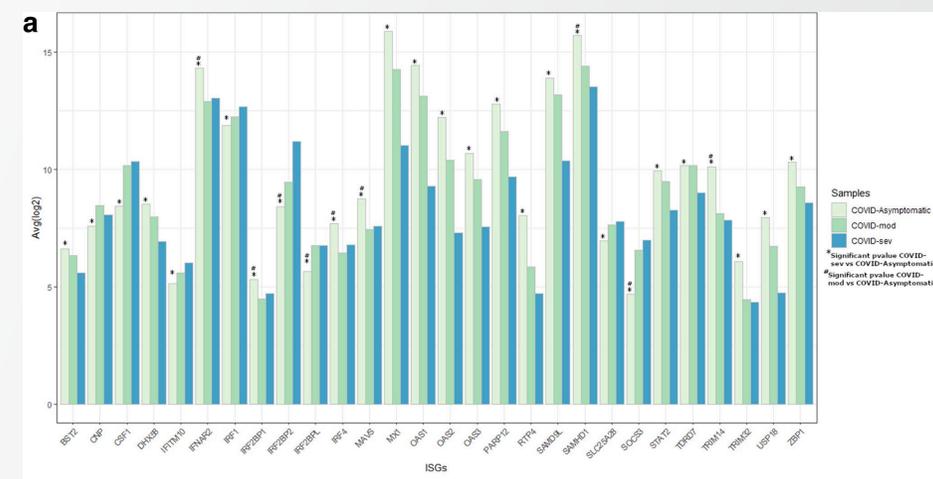
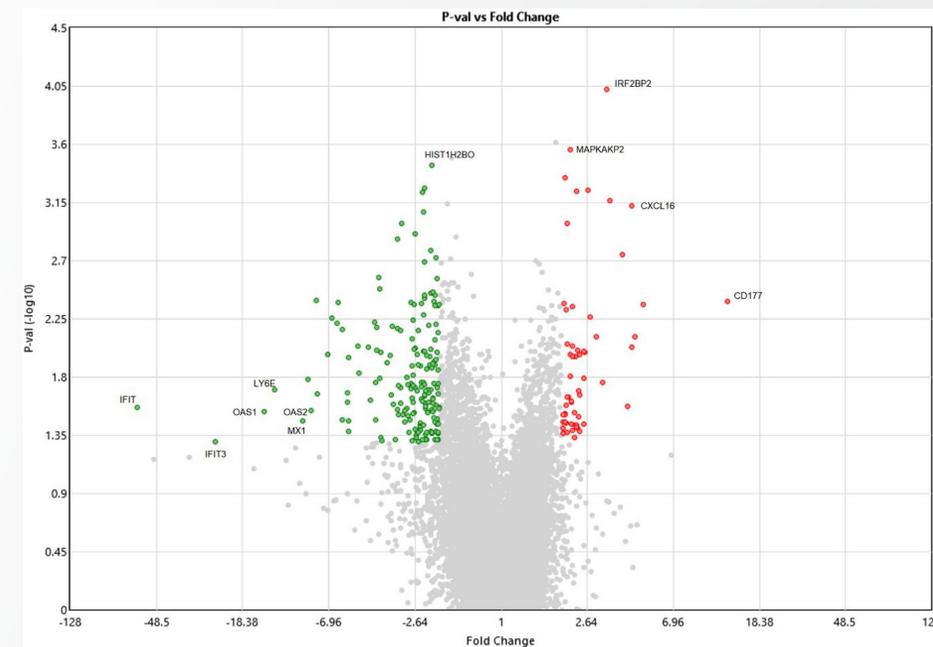
COVID-19患者と非感染者を比較し重症度の違いに関連するバイオマーカーを探索する。

[マイクロアレイの使用例]

重症患者、軽症患者、無症候性患者、非感染者の全血サンプルを用いてClariom S arrayによる網羅的な解析を実施した。その結果、無症候性患者では1型インターフェロン反応が優位に向上し、その一方で重症度が高い患者ほどインターフェロン刺激遺伝子の異常が認められた。

[使用用途]

大規模集団に対する網羅的な遺伝子発現解析



Masood, Kiran Iqbal, et al. *Scientific reports* 11.1 (2021): 1-14.

論文事例: STAT3のS727リン酸化はccRCCの悪性度を促進させる

[研究目的]

淡明細胞型腎細胞癌(ccRCC)の進行におけるSTAT3リン酸化の寄与を明らかにするために、STAT3 Y705およびS727リン酸化変異体を持つ人間由来のccRCC細胞株を作成し解析を行った。

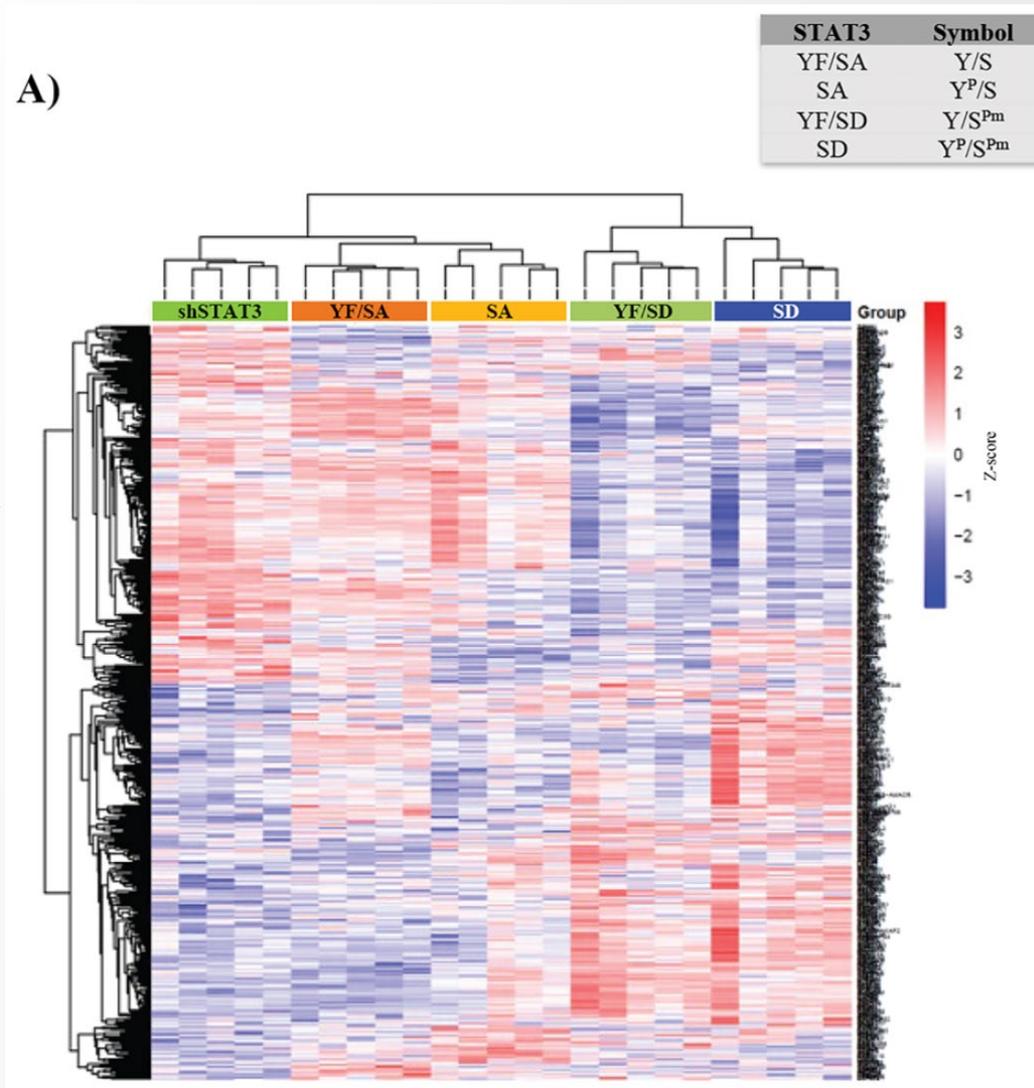
[マイクロアレイの使用例]

STAT3のリン酸化状態の違いによって遺伝子の発現にどのように影響するかを調べるためにマイクロアレイによる網羅的な解析が実施されている

また、特異的なリン酸化パターンが細胞の遺伝子発現にどのように影響を及ぼすのかをヒートマップで可視化されている。

[使用用途]

遺伝子発現プロファイルを調べるための網羅的な発現解析



論文事例: KMT2Cハプロ欠損マウスへのLSD1阻害剤投与による変化

[研究目的]

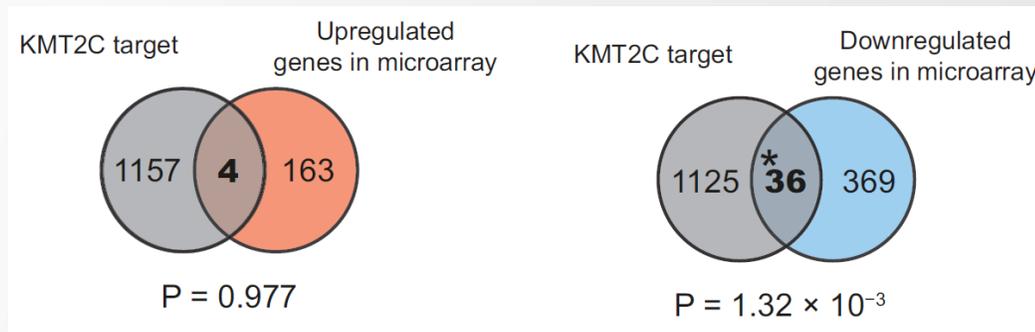
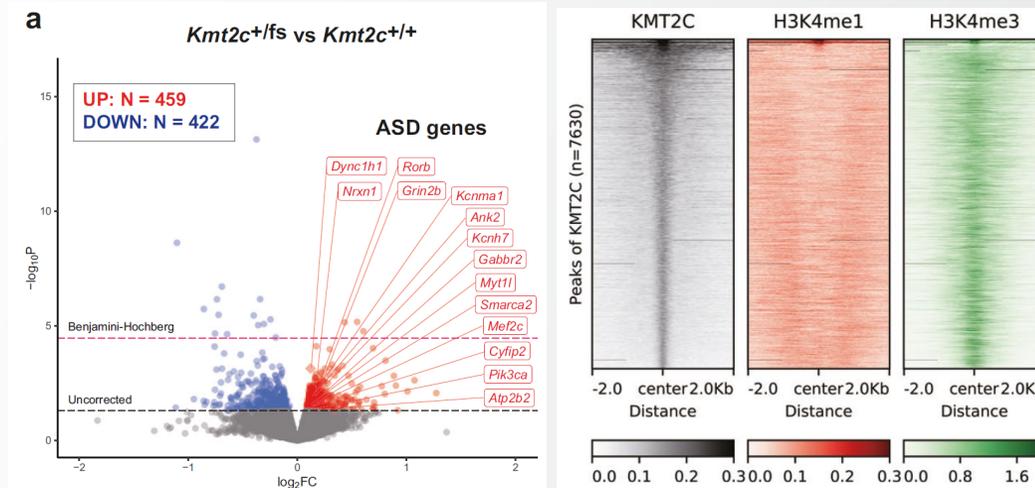
自閉症スペクトラム障害 (ASD) やKleefstra症候群と因果関係のある遺伝子として報告されているKMT2Cの疾患モデルマウスを確立し、分子病態を調査した。

[マイクロアレイの使用例]

RNA-seqによってKMT2C ^{+fs}マウスの脳で見られたトランスクリプトーム変化のメカニズムを洞察するためにChIP-seqの共局在評価を実施した。その結果をより深く理解する目的で、KMT2Cターゲット遺伝子とマイクロアレイスクリーニング結果とのオーバーラップを調べている。

[使用用途]

別アプリケーションの解析結果に対する補助的な解析



論文事例: in vivo Single-cell CRISPR screensによるT細胞運命制御機構の解明

[研究目的]

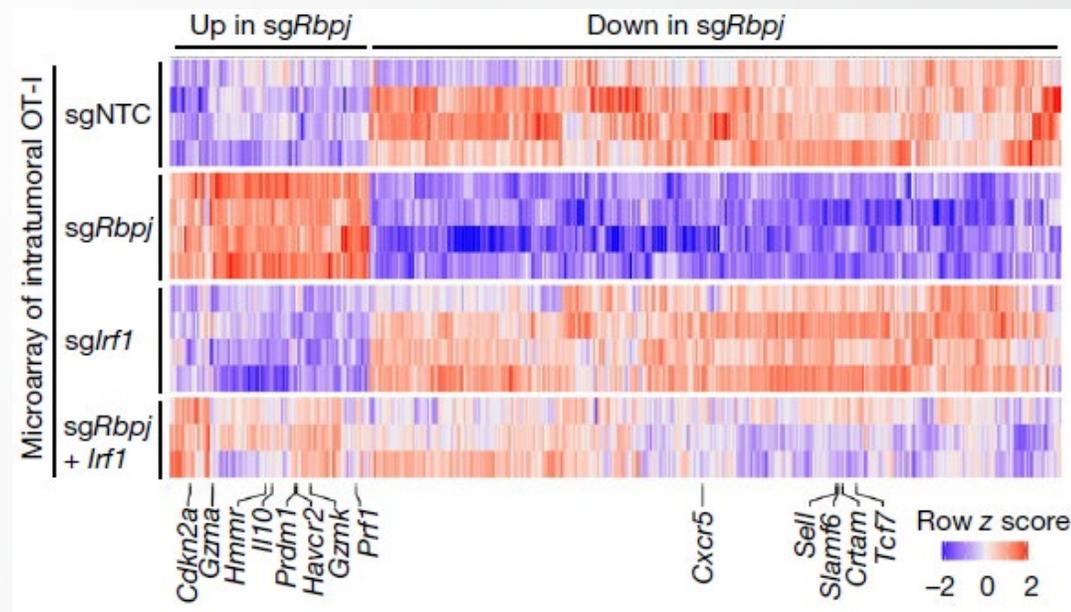
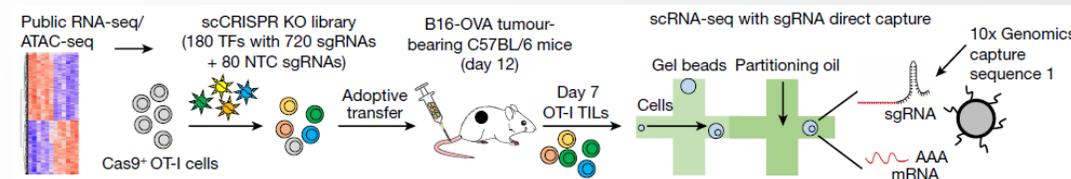
がんに対する免疫応答を調節するための新たな遺伝子を特定するために、Single-cell CRISPR screensによる遺伝子制御ネットワークの系統的なマッピングと探索を実施した。

[マイクロアレイの使用例]

メラノーマ細胞を移植したマウスに異なる遺伝子操作を受けたOT-I細胞 (sgNTC、sgRbpj、sgIrf1、sgRbpj+Irf1) を移植した。これらの特定の遺伝子操作が、細胞の挙動に与える影響を調べるためClariom S arrayによる遺伝子発現解析を実施した。

[使用用途]

細胞の挙動への影響を調べるための網羅的な遺伝子発現解析



- **マイクロアレイは既知遺伝子の発現量を網羅的に調べるのに役立つツール**
- **予算や目的に応じてNGSと使い分けるのが効果的**
- **適切なアレイの選び方やサンプル調製におけるQCを確認することが重要**
- **弊社提供の無償のソフトウェアではじめての方でも手軽に解析可能**
- **最新の研究事例においても幅広く活躍**

Thank you

研究用または製造用にも使用できません。診断用には使用いたしません。

© 2022 Thermo Fisher Scientific Inc. All rights reserved.

All trademarks are the property of Thermo Fisher Scientific and its subsidiaries unless otherwise specified.

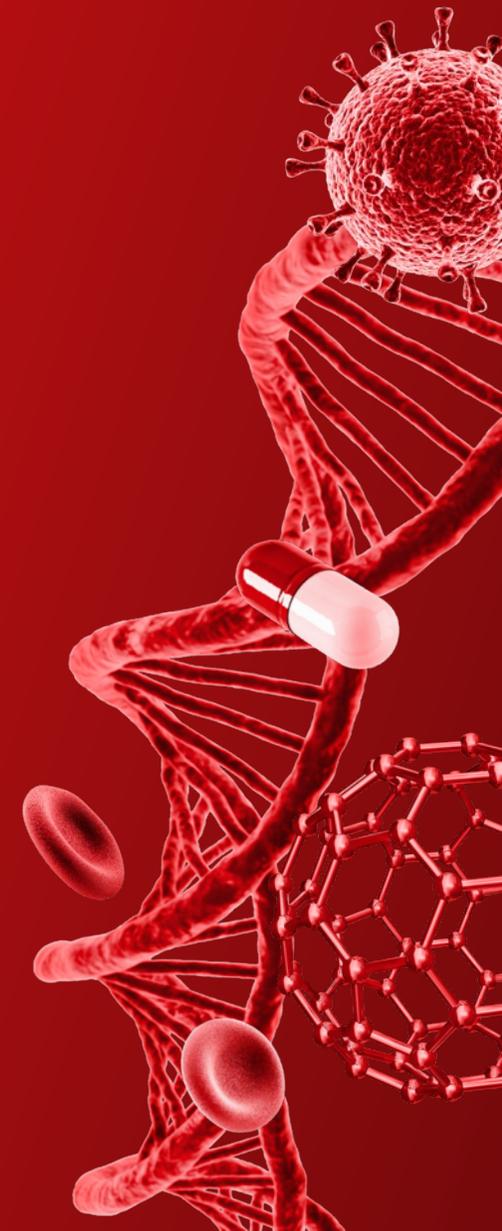
Agilent and Bioanalyzer are trademarks of Agilent Technologies, Inc. Google and Chrome are trademarks of Google Inc.

記載の価格は2022年6月現在のメーカー希望小売価格です。消費税は含まれておりません。

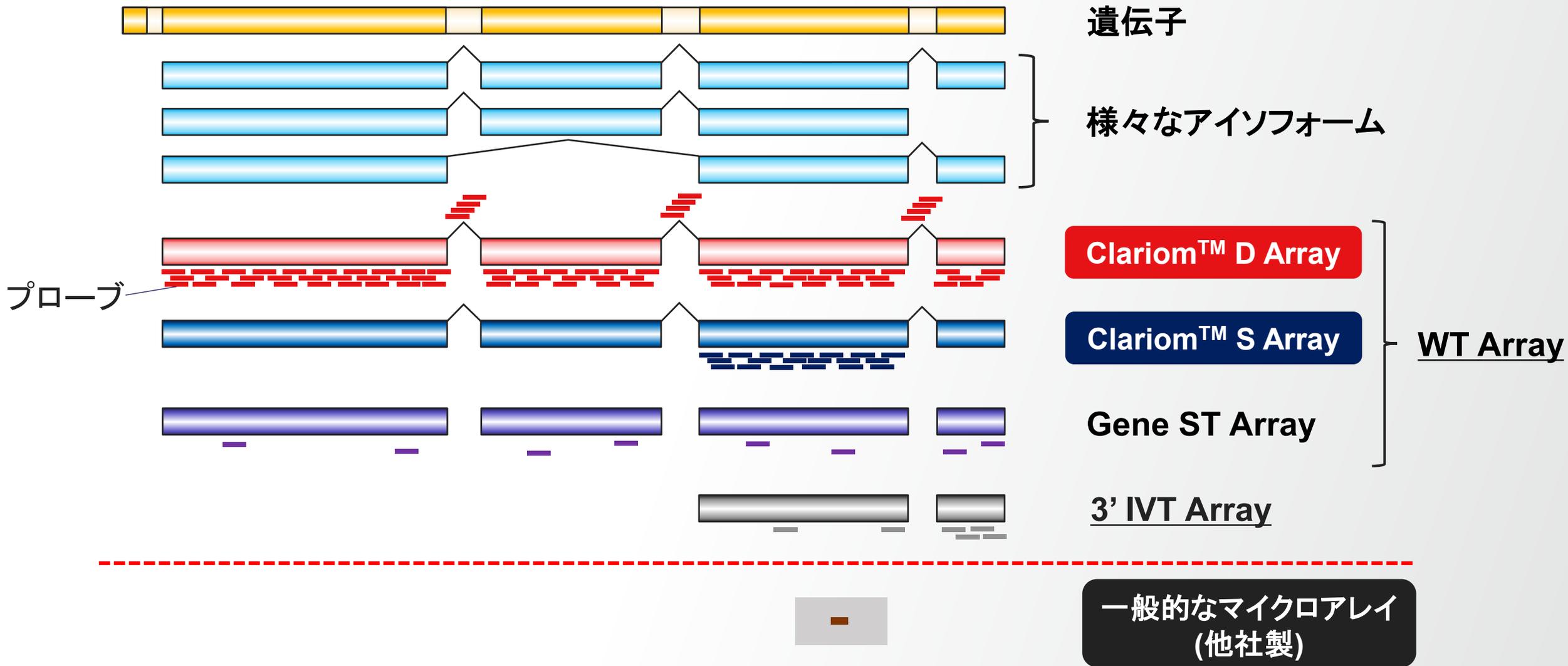
実際の価格は、弊社販売代理店までお問い合わせください。

価格、製品の仕様、外觀、記載内容は予告なしに変更する場合がありますのであらかじめご了承ください。

標準販売条件はこちらをご覧ください。 thermofisher.com/jp-tc

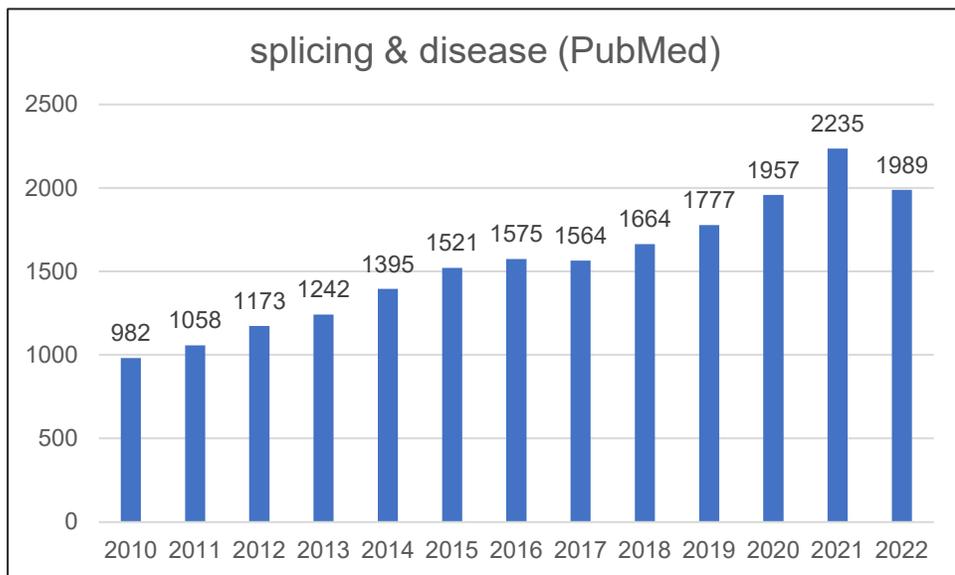


発現解析用マイクロアレイの違い



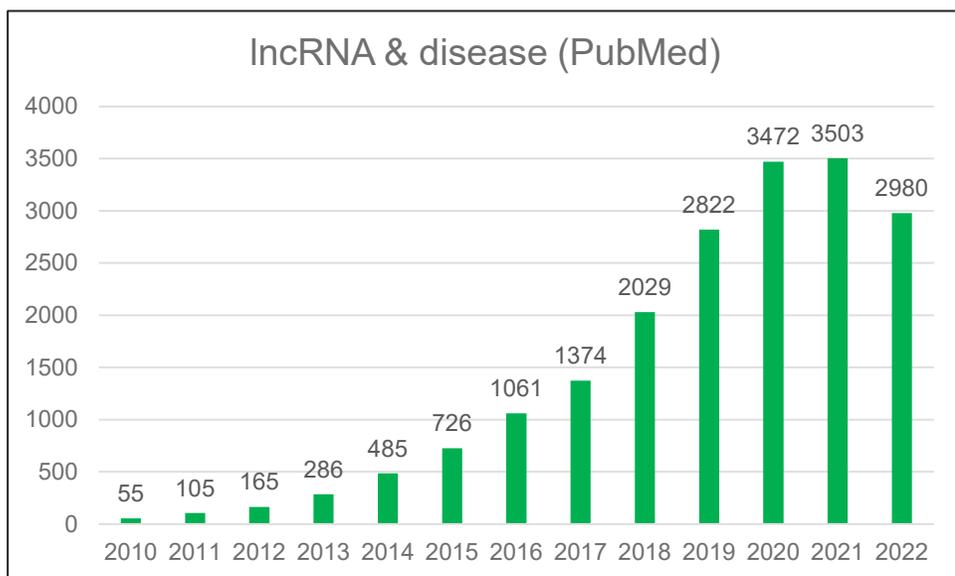
遺伝子の全領域を標的とするWTタイプと3' 末端側を標的とする3' IVTタイプの2種類がある

選択的スプライシングやlncRNAに関する研究は増えている



選択的スプライシング

- ・論文数は年々増加
- ・ヒト遺伝子の95%に選択的スプライシング
- ・転写産物のスプライシングの違いによってタンパク質の機能が異なる
- ・バイオマーカーとして注目



Long non-coding RNA

- ・論文数は顕著に増加傾向
- ・特定の疾患で発現変動が生じるためバイオマーカーとして注目
- ・体液中に安定して存在