

次世代シーケンサ Web 解析システム ChIP-seq

蛋白質結合部位情報作成システム

リファレンスゲノム配列に、トランスクリプトのリード配列をアライメントし、蛋白質が DNA に結合していると考えられる領域の情報とその強度を求めます。

ChIP-seq システムの特長

- ・高度なデータ解析ツールプログラムの機能をフルに活用できます。

MACS で用意されてる処理を Web のユーザインタフェースから利用できるようにしています。コントロールとトリートメントをそれぞれ指定して、測定値を算出します。

- ・多検体のデータ解析が可能

複数のサンプルを別々に同時に解析可能で、その結果がサーバに保存され、いつでも取り出すことができます。

- ・結合部位の近傍遺伝子情報を付与

検出された結合部位の近傍にある遺伝子のアノテーションを付与します。

- ・リード配列のクオリティチェックとトリミング・クリーニング

リード配列のクオリティ値の統計的表示や、トリミングやクリーニングを行うことができます。同じリード配列に対して、パラメータを変えて、トリミング・クリーニングが可能で、それぞれの結果を別々に保存することができます。

処理構成

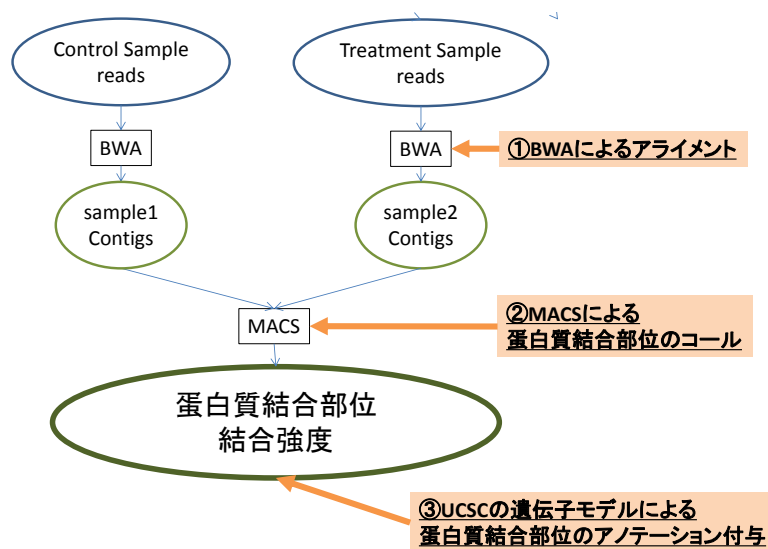


図1 : mRNA-seq by genome の処理構成

※サンプルのアライメントは、予め複数行っておくことができます。

利用ソフトウェア BWA、MACS

株式会社メイズ

〒193-0835 東京都八王子市千人町 1-2-17 604 Tel.042-673-3020 Fax.042-673-3022 <http://www.maze.co.jp>