

バイオインフォマティクス受託解析支援

スポット解析サービス ＜総合カタログ＞

この印刷物は、2006年2月現在の内容を記載しております。

株式会社メイズ 東京都渋谷区幡ヶ谷 3-20-2 TS ビル 101 TEL.03-3378-7430 FAX.03-3378-7247
<http://www.maze.co.jp>
お問い合わせ：sales@maze.co.jp



Hot Annotation for AccessionNo.

AccessionNo.に直近の遺伝子情報を付与

公共 DB の情報は、日々更新されています。発現解析や配列解析で得られた注目遺伝子群に、最新の公共 DB で遺伝子情報 (UniGeneID や GeneID 等) を付与します。詳細な情報を手動でご確認いただけるよう、元の公共 DB へのリンク付けも行っております。

1. 本サービスの内容

- NCBI UniGene の情報と Entrez Gene の情報を付与します。
- 生物種は、UniGene データが提供されている生物種に限定させていただきます。
なお、ヒト・マウス・ラット・ニワトリについては、無料で弊社の assembled EST database 「AssEST」を参照していただく ID とパスワードを一定期間ご提供いたします。
- ヒト・マウス・ラット・ニワトリ以外の生物種で、AssEST データの作成をご希望の方は、「cDNA Clustering, Assembling & Viewing」をご参照ください。
- UniGene がない生物種については、別途お見積もりの上、作業いたします。
- ご提供いたしますデータをご研究の目的に沿って、さらに 2 次加工することも可能です。

2. 本サービスの流れ

- データ作成条件を確認させていただきます。AccessionNo. を Text ファイルでいただきます。
- UniGeneID と Entrez GeneID を最新の NCBI の情報から決定します。
- その他情報の関連付けを行います。
- 納品物のエクセルファイルを作成

3. 納期（発送）

ご依頼受付後：営業日 10 日以内（目安）

費用			
NO	項 目	料 金（税込）	備 考
1	Accession のアノテーション	105,000 円	5 千 Accession までは一括料金、それ以上は別途お見積もり

ご注意） 出力結果は、エクセルファイルでご提供いたします。

網羅的 *in silico* cDNA cloning サービス

断片配列群にスクリーニング可能な情報を付与

お客様の転写配列群に対し、次の実験へ持ち込む判断をしていただくための一次スクリーニング情報を付与します。類似性検索結果のファイルや付与情報元へのリンクもついておりますので、手動による確認も容易に行っていただくことができます。

1. 本サービスの内容

- UniGene の情報を基本情報として、コード蛋白質の推定を目標に情報を付与いたします。
- ヒト・マウス・ラット・ニワトリについては、弊社「AssEST」が作成しています EST を Assemble して得られた仮想最大長 cDNA を利用します。よって、お客様には、無料で AssEST を参照していただく ID とパスワードを一定期間ご提供いたします。
- それ以外生物種で UniGene のデータがあるものは、UniGene の配列を利用して、情報付与を行います。もし、AssEST データの作成をご希望の方は、「cDNA Clustering, Assembling & Viewing」をご参照ください。
- UniGene がない生物種については、別途お見積りの上、作業いたします。
- ご提供いたしますデータをご研究の目的に沿って、さらに 2 次加工することも可能です。

2. 本サービスの流れ

- データ作成条件を確認させていただきます。配列は、FASTA 形式でお願いいたします。
- 仮想最大長 cDNA 配列への類似性検索（ヒト・マウス・ラット・ニワトリ）
または、UniGene の Seqall.への類似性検索。TOP ヒットから UniGeneID を決定。
- 仮想最大長 cDNA 配列の TopHitProtein 情報を取得、UniGene のプロテイン情報を取得。
コード蛋白質の推定情報とします。
- ゲノムへの検索結果など、その他情報の関連付け。
- 納品物作成
- 付与情報の一覧

3. 納期（発送）

ご依頼受付後：営業日 20 日以内（目安）

費 用			
NO	項 目	料 金（税込）	備 考
1	配列のアノテーション	136,500 円	1 千配列までは一律料金、 それ以上は別途お見積もり

ご注意） 出力結果は、エクセルファイルでご提供いたします。

マウス完全長クローン関連付けサービス 発現解析実験を効率よく進めるために

注目遺伝子を次の実験へ持ち込む際、cDNA クローンの簡単な入手は重要です。弊社では、cDNA の AccessionNo. から、同じ遺伝子のマウス完全長クローンを関連付けいたします。

本サービスは、「慶応大学医学部解剖学教室仲嶋研究室」で開発されたシステムを利用しております。

1. 本サービスの内容

- AccessionNo. の配列を類似性検索により、マウス完全長クローンと関連付けします。
- 直接完全長クローンの配列にヒットしない場合でも、ヒットした mRNA を介してヒットする完全長クローンを検索し、リストします。
- ORF が定義されていない完全長クローンについては、さらに、類似性検索により、ORF が得られる mRNA を検索し提示します。
- DNA アレイのスポットに、完全長クローンを関係付けたデータも作成します。
- 得られた完全長クローンの AccessionNo. に、さらにアノテーション情報を付与するサービスをご提供できます。詳細は、「Hot Annotation for Accession No.」のカタログをご覧ください。
- ご提供いたしますデータをご研究の目的に沿って、さらに 2 次加工することも可能です。

2. 本サービスの流れ

- データ作成条件を確認させていただきます。AccessionNo. を Text ファイルでいただきます。
- 完全長クローンの配列と最新の公共 DB のデータを利用して、完全長の AccessionNo. を決定します。
- その他情報の関連付けを行います。
- 納品物のエクセルファイルを作成します。

3. 納期（発送）

ご依頼受付後：営業日 10 日以内（目安）

費 用			
NO	項 目	料 金（税込）	備 考
1	Accession のアノテーション	210,000 円	5 千 Accession 以上の料金です。 それよりも数が少ない場合は ご相談ください
2	DNA アレイのスポット アノテーション	105,000 円	メーカーやバージョンなどによっては、 価格が異なる場合がございます。

ご注意） 出力結果は、エクセルファイルでご提供いたします。

本サービスでは、ひとつひとつの結果の正誤チェックは行っておりません。クローンのご発注など、次のステップに進まれるときは、ご確認をしていただくようお願いいたします。

cisRED を用いた 予測転写因子結合部位探索サービス

cisRED(cis-regulatory element database <http://www.cisred.org/>)で公開されている、予測転写因子結合部位とモチーフをもとに転写因子結合部位や、その因子を持つ遺伝子をリストアップして、研究に有用な集計データをレポートします。

1. 本サービスの内容

- ご指定の遺伝子名で cisRED にて公開されている予測転写因子結合部位を探索し、その結果のリストとお客様に必要な集計データを提供します。
- cisRED で公開されている予測モチーフをご指定いただき、それを持つ cisRED の予測対象となっている遺伝子リストとお客様に必要な集計データを提供します。
cisRED では、転写開始点の上流 1.2Kbp 及び下流 100bp を探索範囲としております。

2. 本サービスの流れ

- 注目されている遺伝子(標準:EnsemblGene の ID)、又は、cisRED の転写因子結合部位のモチーフをテキストファイルでご指定いただきます。また、集計データについて、お客様のご要望を電子メール等でご確認をさせていただきます。
- 弊社内で、cisRED のデータを用い探索作業をおこないます。
- 納品物作成します。

3. アウトプット

- GeneName / Motif 数 / Motif ID / ConsensusSequence / chr / strand / start / end / Discovery Method / cisRED へのリンク

4. 納期（発送）

ご依頼受付後：営業日 7 日（目安）

費 用			
NO	項 目	料 金（税込）	備 考
1	遺伝子名からの探索	210,000 円	指定対象遺伝子数 5 千未満 EnsemblGene 以外でのご指定の場合 遺伝子関連付けのための 費用が別途必要となります。
2	モチーフからの探索	210,000 円	モチーフ 10 以下

ご注意) 集計データ作成に複雑な処理や多くの情報付与が必要場合、別途料金をいただく場合があります。

株式会社メイズ 東京都渋谷区幡ヶ谷 3-20-2 TS ビル 101 TEL.03-3378-7430 FAX.03-3378-7247
<http://www.maze.co.jp>
お問い合わせ：sales@maze.co.jp



ゲノムワイドな 転写対象遺伝子候補探索サービス

注目されている転写因子のモチーフをもとに、全ゲノム配列から転写対象遺伝子候補を探索し、モチーフの位置情報等解析に必要な文字・数値情報をご提供します。また、DNA 配列上にモチーフ位置と遺伝子情報を整理し、探索結果を視覚的に検討できる HTML ファイルをご提供します。

1. 本サービスの内容

- ご指定のモチーフ(コンセンサス配列)で、全ゲノム塩基配列を探索します。
- 探索範囲は、翻訳開始点の上流 9Kbp 及び遺伝子 3' 端の 2Kbp です。(応相談)
- モチーフを遺伝子領域に持つ転写対象遺伝子候補をリスト化します。
- 得られたモチーフの数を、遺伝子単位、エキソン・イントロン単位に整理します。
- 遺伝子ごとに、スプライシングバリエーションや周辺遺伝子情報とともに、DNA 配列上に整理し、モチーフを視覚的に評価できる HTML ファイルを提供します。
- 遺伝子情報やエキソン・イントロン構造等は、Ensembl のデータから取得します。
- 別途、絞込みの条件として、Ensembl の種間保存領域情報を利用することもできます。

2. 本サービスの流れ

- お客様より、モチーフを指定していただきます。
- 弊社内に構築済みの Ensembl サーバを用いて、探索作業をおこないます。
- 文字・数値データはエクセルファイル、可視化情報は HTML ファイルにてご提供いたします。
- 納品物は膨大なデータ量になります。媒体や方法をご相談の上決定いたします。

3. アウトプット

- 遺伝子ごとの情報：転写結合部位の数 / exon-intron 構造情報
- モチーフごとの情報：転写因子結合部位数 / 染色体位置 / ストランド(+/-) / 翻訳開始点 / mRNA / exon 内位置、intron 内位置、HTML ファイルへのリンク

4. 納期(発送)

ご依頼受付後：営業日 20 日(目安)

費 用			
NO	項 目	料 金 (税込)	備 考
1	1 モチーフ	453,600 円	

SplicingVariant 候補探索サービス 機能ドメイン情報を付与

ご指定の遺伝子における、**Splicing Variant** 候補の有無、さらに蛋白質ドメインのアノテーションを付与し探索結果をご提供します。同時に、**Splicing Variant** ごとにアライメント表示した、蛋白質ドメイン情報を表示する HTML ファイルもご提供いたします。

1. 本サービスの内容

- ご指定の遺伝子における **Splicing Variant** 候補をご提供いたします。
- **Splicing Variant** ごとに、蛋白質ドメイン情報を付与します。
- **Splicing Variant** と蛋白質ドメイン情報を可視化して、同時に評価できる HTML ファイルをご提供いたします。

2. 本サービスの流れ

- ご指定の遺伝子名から、弊社 AssEST(転写産物クラスタリングデータベース)を用いて、**Splicing Variant** 候補の探索を行います。
- 探索した、各 **Splicing Variant** の蛋白質ドメインのアノテーションを付与します。
- **Splicing Variant** の構造や蛋白質ドメインのアノテーションを表示する HTML ファイルを作成します。
- 納品物を作成します。

3. 納期（発送）

ご依頼受付後：営業日 7 日（目安）

4. 費用

NO	項 目	料 金（税込）	備 考
1	基本料金	52,500 円	Splicing Variant 候補の有無レポート
2	1 遺伝子探索結果	118,650 円	遺伝子数を指定した場合

cDNA Clustering, Assembling & Viewing

断片配列群をクラスタリング・アッセンブル

遺伝子情報を付与し、高機能ビューアを提供

お客様の転写配列群を配列類似性により Clustering・Assembling し、得られた仮想最大長 cDNA 配列について、遺伝子情報を付与します。また、ビューアとして、弊社「AssEST」をご提供するオプションも用意しております。

1. 本サービスの内容

- Clustering は、TIGR の TIGCL を利用します。
- Assembling は、CAP3 または PHRAP を利用します。
- Clustering・Assembling・Annotation データ提供形態は、3 種類用意しております。
 - ◇ LightService
 - ・エクセルファイル及びテキストファイル
 - ◇ AssEST Viewer
 - ・エクセルファイル及びテキストファイル
 - ・AssEST アノテーションデータ (HTML)
 - ・AssEST のアライメントビューア (JAVA プログラム) を同梱
 - ◇ AssEST Viewing System
 - ・AssEST Viewing System をサーバコンピュータにセットアップして納品
- ご提供いたしますデータをご研究の目的に沿って、さらに 2 次加工することも可能です。

納期と費用			
NO	項 目	料 金 (税込)	納期と備考
1	Light Service	1,260,000 円	2 0 営業日
2	AssEST Viewer	2,625,000 円	4 0 営業日
3	AssEST Viewing System	3,360,000 円	4 5 営業日 ハードウェア費用を含む 別途、保守契約をご用意しております

ご注意) 配列数 1 万までの価格です。1 万配列以上の場合はご相談ください。

UniGene Assembling&Viewing System

公共 DB の cDNA 配列を有効利用し 配列解析を一気にすすめるための最強ツール

NCBI UniGene に登録があるの生物種をご指定いただき、Assembling(仮想最大長 cDNA の作成)・Annotation(コード蛋白質の推定)し、1 塩基レベルまで詳細に配列を検討できる高機能グラフィカルインタフェースを持った WebDataBase システムとして提供します。

1. 本サービスの内容

- UniGene の生物種をご指定いただきます。なお、ヒト・マウス・ラット・ニワトリは、インターネットのサービスを行っておりますので、「Internet AssEST」のサービスをご利用ください。
- Assembling は、PHRAP を利用します。Assembling により仮想最大長 cDNA を得ます。
- 仮想最大長 cDNA を全生物種の既知蛋白質に類似性検索し、もっとも類似性の高かった蛋白質を TopHitProtein として、データベースに登録します。
- 弊社 AssEST の検索機能、配列のアライメント状態を詳細に検討できる高機能グラフィカルツールをウェブでご利用していただくことができます。
- オプション：
 - ◇ ゲノム配列が解読されている生物種については、仮想最大長 cDNA をゲノムマップして、配列のゲノムマップされた様子を 1 塩基レベルでご覧いただけます。
 - ◇ 独自にシーケンスされた配列を一部加えて処理することも可能です。
 - ◇ ご提供いたしますデータをご研究の目的に沿って、さらに 2 次加工することも可能です。

納期と費用			
NO	項 目	料 金 (税込)	納期と備考
1	UniGene Assembling & Viewing System	2,625,000 円	納期：40 営業日 ハードウェア費用・初年度システムライセンス料・導入時のデータ・初年度ソフトウェア保守作業を含む
2	データ更新作業費	1,680,000 円	納期：40 営業日 データ更新とは、導入時以降のデータ更新。
3	次年度ライセンス料	420,000 円	導入次年度以降の年間ライセンス料
4	ソフトウェア保守料	252,000 円	オフサイト作業による導入次年度以降の年間ソフトウェア保守料。 ユーザサポート等含む

ご注意) オプション作業の費用は、含まれておりません。

PHRED/PHRAP/CONSED は米国 University of Washington が著作権を保持しています。

株式会社メイズ 東京都渋谷区幡ヶ谷 3-20-2 TS ビル 101 TEL.03-3378-7430 FAX.03-3378-7247
<http://www.maze.co.jp>
 お問い合わせ：sales@maze.co.jp

