

2023年12月4日

各 位

オンコセラピー・サイエンス株式会社
代表取締役社長 嶋田 順一
(コード番号 4564 東証グロース)
(問い合わせ先) 管理本部統括取締役 朴 在賢
電話番号 044-201-6429

当社連結子会社での、RNA シーケンス解析におけるデータ解析オプション拡充のお知らせ

この度、当社連結子会社である株式会社 Cancer Precision Medicine が実施している受託解析サービスにおける RNA シーケンス解析につきまして、データ解析オプション【遺伝子発現解析】の解析項目を拡充いたしましたので、以下のとおりお知らせいたします。

RNA シーケンス解析【遺伝子発現解析】

- TPM 値算出

遺伝子発現量として、TPM (Transcripts Per Million) 値を算出します。TPM は、各遺伝子にマッピングされたリード数を、総リード数及び遺伝子長で補正した値として算出されます。

- 発現変動遺伝子解析 (Differentially Expressed Genes Analysis, DEG 解析)

異なる条件やグループ間 (組織の違いや、薬剤投与の有無等) において、遺伝子発現量の変動 (上昇または低下) を統計的に検出し、発現量が有意に異なる遺伝子群を抽出します。

- 遺伝子オントロジーエンリッチメント解析 (Gene Ontology Enrichment Analysis, GO エンリッチメント解析)

DEG 解析で検出された発現変動遺伝子に着目し、遺伝子機能に関するデータベース (遺伝子オントロジー) 上でどのカテゴリの遺伝子が多く観測されたかを抽出します。異なる条件やグループ間における差異を特徴づける、生物学的プロセスや機能を抽出することができます。

- 時系列発現量変動解析 (Time Series 解析)

経時的な RNA シーケンスデータを元に、時系列に沿った発現量変動検出や、発現変動遺伝子の抽出を行います。概日リズム、発生、ストレス応答等の生物学的プロセスや、薬剤投与の影響などに関して、遺伝子発現量変動の経時的評価が可能となります。

- 遺伝子セットエンリッチメント解析 (Gene Set Enrichment Analysis, GSEA)

異なる条件やグループ間における発現変動遺伝子が、事前に定義された遺伝子セットに偏って抽出されるかどうかを評価します。比較したいサンプル群間で、どのような生物学的プロセスや機能に影響が表れているかを調べることができます。

対応生物種：ヒト、マウス等

受託解析サービスに関するご質問、ご相談は、下記フォームよりお問い合わせください。

<https://www.cancerprecision.co.jp/inquire/jutaku/>

以上