

RNA-seq解析

ライブラリー作製からデータ解析まで

100,000円/サンプル

納期:

4~8週間

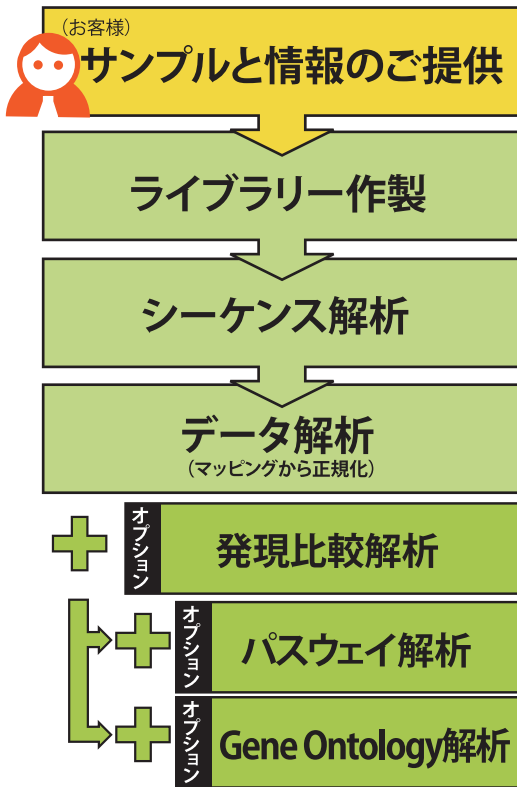
非モデル生物の
遺伝子発現解析は
裏面に ➡

※ご依頼は2サンプル以上から承ります

※rRNA除去が必要な場合(バクテリア等)は+30,000円/サンプルとなります

※記載価格は全て税別です。

●解析の流れ



トータルRNAとサンプル情報を裏面の条件で、(株)生物技研へ送付ください。

rRNAの品質確認^(注1)後、ライブラリーを作製致します。その後、ライブラリーの濃度と品質を確認致します。

Illumina社のシーケンサーを使用してシーケンシング解析を行い、ペアエンドリードを取得します。解析長はお選びいただけます。

Tophatソフトウェアを用いてレファレンス配列にマッピング致します。その後、featureCountsを用いてカウントを行った後、RPKM正規化を行ったデータを提供致します^(注2)。

iDEGES正規化 (Sun et al., BMC Bioinformatics, 2013) 後、edgeRを用いて発現変動遺伝子を検出致します。

発現比較解析の結果から同定された発現変動遺伝子が、どのような代謝系に関わっているのかを可視化させます。

全遺伝子のGO termと発現比較解析の結果から同定された発現変動遺伝子のGO termについて、出現頻度の比較とFisher検定による有意差検定を行います。

(注1) rRNAの分解が進んでおり、シーケンシング解析を行ってもデータが得られないと判断した場合は、中止させていただきます(この場合のご請求は行いません)。

(注2) *De novo* transcriptome assembly解析の場合、解析方法が通常の解析とは異なります。

	納期重視プラン	価格重視プラン
価格と納期	全ての作業を弊社で行います。 価格 100,000円/1サンプル 納期 4週間程度	ライブラリー構築までとデータ解析は自社で行い、イルミナ社のシーケンサーでのデータ取得のみ弊社あるいは提携先で行います。 価格 その都度ご相談 【参考価格】 納期 2か月程度 6サンプル/75bpペアエンド解析/12Gb保証の場合→42万円(7万円/1サンプル)
シーケンス解析方法	75bpペアエンド解析	75bpペアエンド解析、100bpペアエンド解析、150bpペアエンド解析、250bpペアエンド解析から選択可能
データ量	2,000万リード/1.5Gb (サンプルがバクテリア等の場合は1,000万リード/0.75Gb)	ご希望のデータ量に応じます。
サービス内容	<ul style="list-style-type: none"> ・オリゴdTでmRNAを精製、ランダムプライマーでcDNA合成 ・シーケンスライブラリー作製 ※サンプルがバクテリア等の場合、rRNA除去が必須です(30,000円/サンプル)。 ・シーケンシング解析(上記の通り、プランによって解析長とデータ量が異なります) ・データ解析 Tophatソフトウェアを用いてレファレンス配列にマッピングいたします。 その後、featureCountsを用いてカウントを行った後、RPKM正規化を行います。 ※cufflinksを用いた解析も対応可能です。 	
ご提供サンプル	トータルRNA 1 µg以上 (50ng/ul, 20ul 程度) ※1 µg以上のトータルRNAをご用意できない場合は、ご相談ください。	滅菌水に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。
ご提供情報	レファレンス配列(fasta形式)/遺伝子アノテーション情報(gff形式, gtf形式) データはCD-RやUSBに入れて送付頂くか、ダウンロードできるURLをご連絡下さい。 <i>De novo transcriptome assembly</i> の解析をご希望のお客様は、お送り頂かなくても結構です。	

オプション

項目	備考	価格(税別)
発現比較解析	参照ゲノム配列あり iDEGES正規化(Sun et al., BMC Bioinformatics, 2013)後、edgeRを用いて発現変動遺伝子を検出致します。	50,000円
	参照ゲノム配列なし <i>De novo transcriptome assembly</i> で得られたcontigに対しRSEMを用いてマッピングを行います。その後、edgeRを用いて発現変動遺伝子を検出致します。	
パスウェイ解析	KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)を利用したパスウェイ解析です。発現変動解析の結果から同定された遺伝子が、どのような代謝系に関わっているのかを可視化させます。	70,000円
Gene Ontology (GO) 解析	全遺伝子のGO termと発現比較解析の結果から同定された発現変動遺伝子のGO termについて、出現頻度の比較とFisher検定による有意差検定を行います。発現変動遺伝子の特徴的なGO termを推定することができます。	70,000円
パスウェイ解析とGO解析のセット割引	パスウェイ解析とGO解析の両方が10万円でご利用いただけます。 70,000+70,000-40,000=100,000円	-40,000円
<i>De novo transcriptome assembly</i>	参照ゲノム配列がない非モデル生物の遺伝子カタログ作成を、Trinityを用いて行います。	100,000円
rRNA除去	イルミナ社のRibo-Zeroを使用して、rRNAを除去します。	30,000円 /サンプル
RNA抽出	QIAGEN社のRNeasyを使用して、トータルRNAを抽出します。	20,000円 /サンプル

参照ゲノム配列の情報がない生物 (非モデル生物)でも RNA-seqのデータを利用することで 参照配列を得ることができます。

RNAseq用ライブラリーを150bpペアエンドリードで解析します。
得られたリードをデノボアセンブルすることで発現遺伝子カタログを作成し、参照ゲノムの代わりにしてマッピングに使用します。



RNA-seqデータを利用した 発現遺伝子カタログの作成 (発現比較解析用参照配列の作成)

【価格】

RNA-seq用ライブラリー調製	40,000円
150bpペアエンド解析 (3,000万リード保証)	160,000円
<i>De novo transcriptome assembly</i>	100,000円
合計	300,000円

【納期】4~6週間