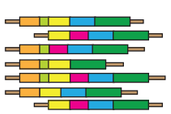
遺伝子発現を極める

生物技研では、4つの遺伝子発現解析サービスをご用意しています。目的に合わせてご利用ください。

構造
Iso-seq（アイソセック）解析

サービスページ

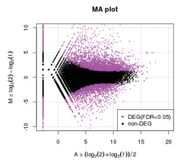


転写産物全長を解析できるので、アイソフォームを網羅的に探索できる。

何が分かる？	転写産物の完全長構造（アイソフォーム）
強み	エクソン構造・UTR・スプライシングを1本のリードで解読 新規アイソフォームの発見ができる可能性が高い
弱み	発現量の定量性はショートリードより低い コストが高いため、サンプル数を増やしにくい
向いている研究	非モデル生物の遺伝子モデル構築 アイソフォームの網羅的探索 新規スプライシングイベントの発見
価格（税別）	50,000円/サンプル　※10万リード取得（キャンペーン中）
シーケンシング条件	PacBio Revioを用いたロングリード解析

発現量
RNA-seq 解析

サービスページ

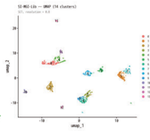


発現変動遺伝子（DEG）を同定し、発現量の比較ができる。

何が分かる？	遺伝子レベルの発現量（DEG解析）
強み	発現量の定量精度が最も高い 安価でサンプル数を増やせる 低発現の遺伝子を検出できる可能性がある
弱み	アイソフォーム構造は不完全
向いている研究	機能解析（GO, KEGG） 多数サンプルの統計的解析
価格（税別）	40,000円/サンプル　※4,000万リード取得
シーケンシング条件	MGI DNBSEQ 150 bpペアエンド解析

細胞ごと
シングルセル scRNA-seq 解析

サービスページ

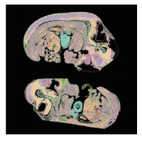


組織内の細胞の多様性やそれぞれの細胞集団の遺伝子発現の類似性がわかる。

何が分かる？	細胞ごとの遺伝子発現と細胞タイプ
強み	細胞集団の異質性を解析 発生・再生の細胞ダイナミクスが分かる
弱み	転写産物は断片化されるため、 アイソフォームはほぼ分からない
向いている研究	細胞間の遺伝子発現の違いを理解 組織の中の隠れた細胞集団が見える 特定細胞群のマーカー探索
価格（税別）	160,000円/サンプル　※T2Kit使用プラン
シーケンシング条件	MGI DNBSEQ 150 bpペアエンド解析

位置情報
Stereo-seq（ステレオセック）解析（空間トランスクリプトーム解析）

サービスページ



組織のどこでどんな遺伝子が発現しているかがわかる。

何が分かる？	組織内の位置情報つき遺伝子発現
強み	サブセルラー級の高解像度（500 nm） 全トランスクリプトームに近い解析が可能 FFPEサンプルが利用できる
弱み	コスト高 データ解析に時間がかかる
向いている研究	組織全体の発現地図 発生や再生過程の空間的遺伝子発現
価格（税別）	1,980,000円/チップ　※30億リード取得
シーケンシング条件	MGI DNBSEQ read1, 50 bp read2, 100 bp

株式会社 生物技研



10th Anniversary Campaign

対象期間（サンプル到着日）
2026年12月24日まで

延長！

全長 mRNA シーケンス解析
Iso-seq（アイソ セック）解析で遺伝子発現を構造的に解明しよう

平均2 kb のリードを取得する Iso-seq 解析だからできること

- 非モデル生物の遺伝子モデル構築
- アイソフォームの網羅的探索
- 新規スプライシングイベントの発見

Iso-seq 解析 62%以上 OFF!

例：~~150,000円~~ → 50,000円（税別）



この先の10年もよろしくお願いいたします。

さらに！同時依頼で RNA-seq 解析も 最大15% OFF!

株式会社 生物技研
〒252-0154　神奈川県相模原市緑区長竹 657
TEL 042-780-8333　FAX 042-780-8334
＜見積り依頼・お問合せ＞ dna@gikenbio.com

2026.11.01

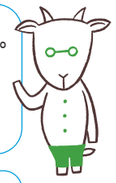
62%以上 OFF!

全長 mRNA シーケンス解析 PacBio® Revio (平均2 kb) Iso-seq 解析 キャンペーン

取得データ量	価格（税別）	納期
10 万リード	~~150,000 円~~ → 50,000 円 / サンプル	30 営業日 3 セル以上の場合は要相談
100 万リード	~~420,000 円~~ → 140,000 円 / サンプル	
200 万リード	~~525,000 円~~ → 175,000 円 / サンプル	
500 万リード程度※1（1 セル占有）	~~800,000 円~~ → 300,000 円 / セル	

真核生物のみ解析可能です。
cDNA 合成にオリゴ dT を用いるので、polyA を持たない生物は解析できません。

取得データ量は全遺伝子数の 20-50 倍が目安です。



作業内容	・送付サンプル（トータルRNA）の品質確認 ・オリゴdTプライマーでcDNA合成 ・シーケンスライブラリー作製 ・シーケンシング解析（PacBio Revio） ・データ解析 リードの振り分けおよびIndex配列の除去を行った後、ノイズを除去します。Iso-Seqソフトウェアを用いて、フィルタリングした完全長リードをクラスタリングします。 その後、参照配列がある場合は、クラスタリングした配列をpbmm2を用いて参照配列にマッピングを行います。 Iso-Seqソフトウェアを用いて、固有のアイソフォームに分類します。参照gtfもある場合は、SQANTI3を用いて、統合したアイソフォームをアノテーションします。
ご提供サンプル※2	トータル RNA 1 ug 以上（＞50 ng/ul、＞20 ul） ※RNase-free water に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。 ※複数セルをご依頼の場合は、1 セルごとに前述の RNA 量が必要です。
納品物	以下のデータをDVDやUSB等の記録媒体に保存して納品します。 ①シーケンス生データ（fastq＆bam形式） ②クラスタリングの結果（エクセルファイルとfasta形式） ③DDBJのデータベース登録に必要なデータ → 参照配列がなければ納品物は①～③のみです ④固有のアイソフォームの分類データ(gff形式など) ⑤Mappingの結果(bam形式) ⑥参照配列（fasta&fasta.fai形式） → 参照配列があるが、参照gtfがなければ、①～⑥を納品します ⑦Annotation結果（エクセルファイル） ⑧参照遺伝子アノテーション（gtf形式） → 参照配列とgtfともがあれば、①～⑧を納品します
ご依頼の流れ	まずは弊社HPのお問合せフォームからお見積りをご依頼ください。

Kinnex キットによる連結ライブラリーを使用しないため、高いクオリティーのリードが期待できます。



※1　サンプルに依存するため、データ量の保証はできません。また、1 サンプル分のライブラリー調製費用は上記に含まれています。複数サンプルご依頼の場合は、2 サンプル目以降からライブラリー調製費用 100,000 円 / サンプルが別途必要です。
※2　試料を送付いただき、弊社で RNA 抽出を実施することも可能です（RNA 抽出費用 20,000 円 / サンプル、納期 5 営業日追加）。

さらに！ Iso-seq 解析と同時のご依頼ならこちらも割引

最大15% OFF!

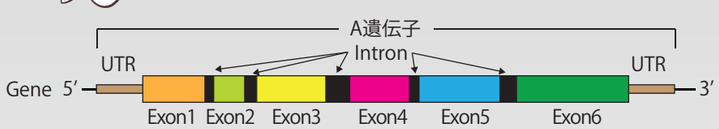
ショートリード（150 bp×2）で発現量を解析 RNA-seq 解析 MGI DNBSEQ

取得データ量	価格（税別）	納期
4,000 万リード（6 Gb）	~~40,000 円~~→ 1~7サンプルご依頼の場合 5% OFF! 38,000 円 / サンプル 8~23サンプルご依頼の場合 10% OFF! 36,000 円 / サンプル 24サンプル以上ご依頼の場合 15% OFF! 34,000 円 / サンプル	30営業日

Saccharomyces cerevisiae は、オリゴ dT で mRNA を精製ができないため、リボソーマル除去（定価 20,000 円 / サンプル）が別途必要です。リボソーマル除去にも数量割引が適用されます。



アイソフォームとは？



転写＋mRNA前駆体プロセシングを経て、成熟mRNAが生成される

mRNA

昔の教科書的にはこのようなmRNAが生成される

しかし、実際はエクソンが欠損した様々なmRNAが生成されている。

Isoform



mRNAを解析しよう!

ショートリード（RNA-seq解析）

ショートリードでの解析では、どのエクソンが使われいるかはわかる。しかし、どの組合せで 1 本の転写産物となっているのかはあいまい。

ロングリード（Iso-seq解析）

ロングリードでの解析なら転写産物全長を解読でき、アイソフォームを網羅的に探索できる。





UTR(untranslated region/非翻訳領域)：
mRNAには残るが翻訳されない部分

Intron（イントロン）：
スプライシングによってmRNAから除去される部分

Exon（エクソン）：
タンパク質の情報として翻訳される部分

Isoform(アイソフォーム)：
同じ遺伝子から作られるタンパク質のバリエーションのこと。主に選択的スプライシングによって生じる。
例えば、臓器によって発現するアイソフォームが異なることが知られており、単一の遺伝子が複数の役割を担っている。

Iso-seq解析についてのギモン・シツモン

Q1. 遺伝子数はどうやって調べたらよいですか？

A1. NCBIのGenomeデータベースなどで、遺伝子のアノテーションデータを調べます（近縁なモデル生物の遺伝子数も参考にできます）。

生物種の学名をお知らせいただければ、弊社でお調べすることも可能です。

▼遺伝子数とIso-seq解析推奨プランの例

生物種	遺伝子数	Iso-seq解析推奨プラン
出芽酵母(*Saccharomyces cerevisiae*)	6,021	100万リード
キイロショウジョウバエ(*Drosophila melanogaster*)	13,962	100万リード
線虫(*Caenorhabditis elegans*)	19,983	100万リード
ヤギ(*Capra hircus*)	20,572	100万 or 200万リード
マウス(*Mus musculus*)	22,198	100万 or 200万リード
モモ(*Prunus persica*)	23,135	100万 or 200万リード
イネ(*Oryza sativa Japonica*)	29,427	100万 or 200万リード
ニジマス(*Oncorhynchus mykiss*)	41,896	100万, 200万リード or 占有

Q2. ショートリードのRNA-seq解析を実施する必要がなくなりますか？

A2. いいえ、ロングリードのIso-seq解析だけでは発現量の精密な定量が難しいため、両者は補完関係です。

ショートリードのRNA-seq解析は、1遺伝子あたり数百～数千リードが得られます。また、解析費用が安価なため、サンプル数を増やすことができ、統計的に信頼性の高い定量が可能です。



Q3. アイソフォーム情報があると、ショートリードの解析結果の考察が変わりますか？

A3. はい、考察が深まります。

以下の例は、マウスの脳と肺における2つの遺伝子の発現比較結果です。
ショートリードの解析では、2遺伝子ともリード数に大きな差はありませんでした。しかし、Iso-seq解析を実施すると、発現されるアイソフォームに違いがあることが示唆されました。

▼アイソフォーム情報がないとき

遺伝子	Brain	Lung
Slc40a1	1.70	2.04
Mars2	1.06	0.98

▼アイソフォーム情報があるとき

遺伝子	Brain	Lung
Slc40a1-Isoform-1	0.66	2.76
Slc40a1-Isoform-2	4.54	1.51
Slc40a1-Isoform-3	0	0
Slc40a1-Isoform-4	0	0.37
Mars2-Isoform-1	3.09	1.72
Mars2-Isoform-2	0	0.74
Mars2-Isoform-3	1.94	0.81
Mars2-Isoform-4	0.83	1.28

優占するアイソフォームが異なる
Lung特異的

表に示す数値はTPM正規化後のリード数