

2019年2月末
までキャンペーン

ライブラリー作製からデータ解析まで

RNA-seq解析

非モデル生物の
遺伝子発現解析は
裏面に →

通常100,000円 →

70,000円~/サンプル

納期:

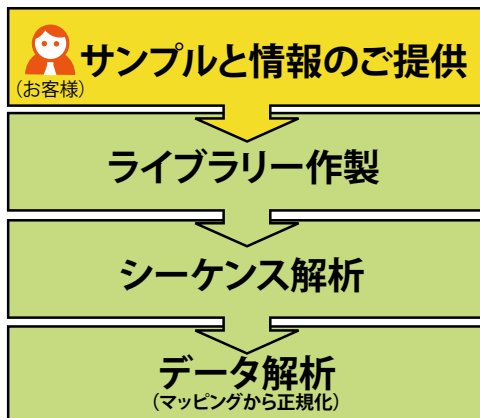
1ヶ月

※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+20,000円/サンプルとなります。

※価格は税別です

●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。

Illmina社のNextSeq500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。

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)。

各解析の説明は裏面をご覧ください。
また、弊社HPに解析の具体例(納品データイメージ)を掲載しています。

(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。

株式会社 生物技研

〒243-0022 神奈川県厚木市酒井 3068 天幸第7ビル5階
TEL 046-280-4118 FAX 046-280-4148
WEB <http://www.gikenbio.com/>
<見積り依頼・お問合せ> dna@gikenbio.com

価格	1~5サンプルの場合： 80,000円/サンプル (税別) 6サンプル以上の場合： 70,000円/サンプル (税別)
納期	約1ヶ月(20営業日)
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)
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(20,000円/サンプル)。 シーケンシング解析(NextSeq 75bpペアエンド解析) データ解析 <p>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。</p>
ご提供サンプル	トータルRNA 1 µg以上 (>50ng/ul, >20ul) ※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	<ul style="list-style-type: none"> サンプル情報提供用紙 オーダーシート データ解析依頼書 <p>お見積時にこれらのファイルをメール添付でお送りしますので、ご記入の上、サンプル送付時に送信ください。</p> <p>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)は、CD-RやUSBに入れて送付いただくか、ダウンロードできるURLをご連絡ください。</p> <p><i>De novo</i> transcriptome assembly 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。</p>

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。	1/パターン 50,000円 追加1/パターンごと +10,000円
	参照ゲノム配列なし <i>De novo</i> transcriptome assembly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。	
主成分分析(PCA)	遺伝子発現プロファイルの類似性を座標分布で示します。	10,000円
クラスタリング解析	遺伝子発現プロファイルの類似性を階層クラスタリングで示します。	10,000円
ヒートマップ解析	遺伝子発現プロファイルを色で表現した可視化グラフを提供します。	20,000円
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。	1/パターン 70,000円 追加1/パターンごと +10,000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。	1/パターン 70,000円 追加1/パターンごと +10,000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</i> transcriptome assembly	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	Thermo Fisher社のRiboMinus Transcriptome Isolation Kit等を使用して、rRNAを除去します。	20,000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と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)

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

【納期】4~6週間

Oxford Nanopore社 GridION X5 を使用したロングリードシーケンス解析(+100,000円~<納期: +1週間>)を6/1サービス開始予定!