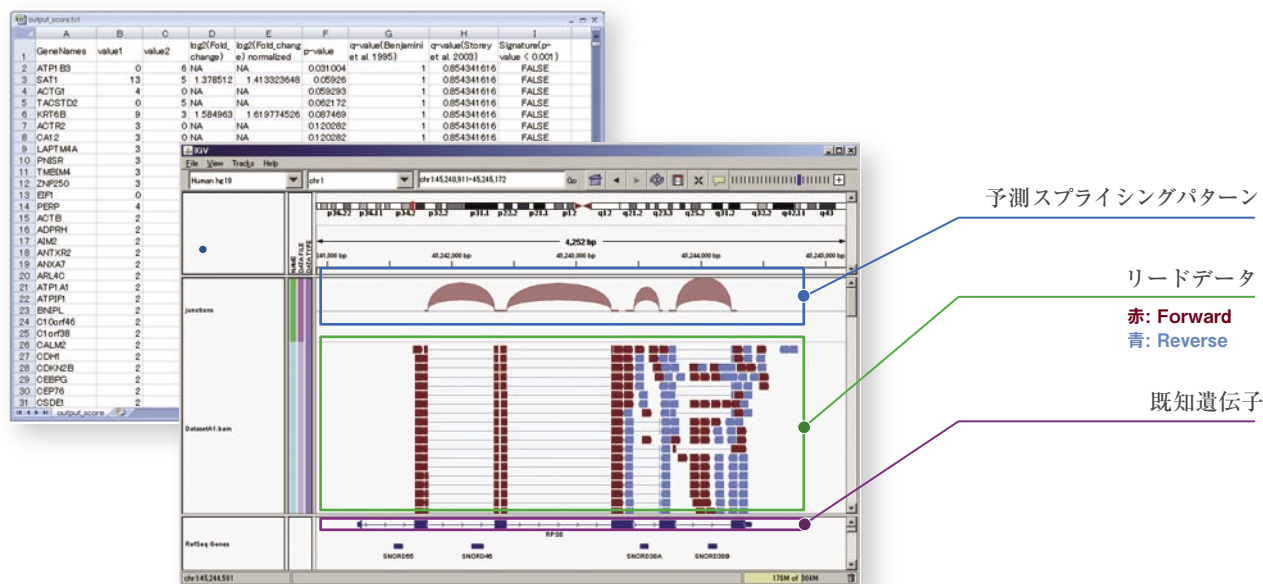


Human Transcriptome Sequencing

解析結果

スプライシングを考慮してリードを参照配列に対してマッピングし、どのような転写物がどの程度転写されているかを検出します。



マッピング結果から遺伝子ごとの発現レベルを正規化し、サンプル間で発現に差が見られる遺伝子を同定します。遺伝子のエクソンにマッピングされたリード数、RPKM (Reads Per Kilobase of exon model per Million mapped reads)、サンプル間のFold change、P値などを計測します。マッピング結果や、予測されたスプライシングパターンはIntegrative Genome Viewer (IGV)*で閲覧することが可能です。

※ <http://www.broadinstitute.org/igv/>

サンプル条件

サンプル	精製 Total RNA
RNA量	>5 μ g
濃度	>50ng / μ l
品質	OD260/280=1.8-2.0, RIN:>8
輸送時のサンプル形態	エタノール沈殿後のサンプル

- サンプルの定量方法はAgilent 2100バイオアナライザ、およびNanoDropを推奨しております。
- サンプルをお預かりする際には、電気泳動図(バイオアナライザによる)のご提出をお願いしております。
- 詳細は弊社までお問い合わせください。

解析例

機種	HiSeq 2000
データ量 / サンプル	約4Gb
リード長	100bp
シーケンス方法	Paired End / Multiplex
バイオインフォマティクス解析	予測されたスプライシングパターン・正規化された発現量・サンプル間で発現に差がある遺伝子のリスト・一部の融合遺伝子候補
納期	サンプル受領後、約3ヶ月 ※同時に解析を行うサンプルの数が多い場合には、別途お打合せの上決定致します。

お問い合わせ先

株式会社 理研ジェネシス 営業・企画部

〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22

理化学研究所 横浜研究所 東研究棟3F

TEL: 045-521-8781 E-mail: info2@rikengenesi.jp

URL: <http://www.rikengenesi.jp/>



販売代理店