

理研ジェネシス 受託解析サービスキャンペーン

期間：2020年11月4日 ~ 2021年1月15日 検体受領分まで

mRNA

次世代シーケンス解析 mRNA Sequencing (ヒト・マウス・ラットのみ)

- 遺伝子発現レベルとスプライシングパターンの両方の解析を実施。
- 生体内の遺伝子発現変動を網羅的に解析でき、サンプル特異的な遺伝子発現パターンの同定が可能。
- パスウェイ解析*やGO解析を組み合わせることで、さらに実用的な解析結果を提供。

※ 有償オプション解析です。詳細は裏面をご参照ください。

解析費用

下記検体数一括解析における1検体あたりの解析費用（税別）となります。また、下記検体数以外をご希望の場合には、別途お問い合わせください。バイオインフォマティクス費用は、シーケンスと同時にご注文頂いた場合の価格となります。

検体数	シーケンス解析費用	バイオインフォマティクス解析費用
2~8 検体	36,000 円	24,000 円
9~14 検体	36,000 円	20,000 円
15~20 検体	34,000 円	18,000 円
21~30 検体	34,000 円	15,000 円

オプション解析	解析費用
階層型クラスタリング + ヒートマップ作成	50,000 円 / 1解析
パスウェイ解析	90,000 円 / 1解析 (5比較)

※弊社mRNA Sequencing 解析のオプションサービスとしてご利用頂いた場合の価格です。

解析仕様

ライブラリ作製キット	TruSeq Stranded mRNA Library Prep
機種	NovaSeq™ 6000 (Illumina 社)
リード数/検体	約 40M
バイオインフォマティクス解析	スプライシングパターン予測、 発現レベル比較、GO解析

● 納期は仕様により異なりますので、お問い合わせください。

サンプル条件

サンプルの種類	精製 Total RNA
RNA 量	3 µg
RNA 濃度*	65 ng/µL 以上
RIN (RINe)値	7 以上

※ サンプルの定量は、Agilent 2100 Bioanalyzer または Agilent 2200 TapeStationを用いた方法を推奨しています。

理研ジェネシス次世代シーケンス受託解析サービス

解析結果

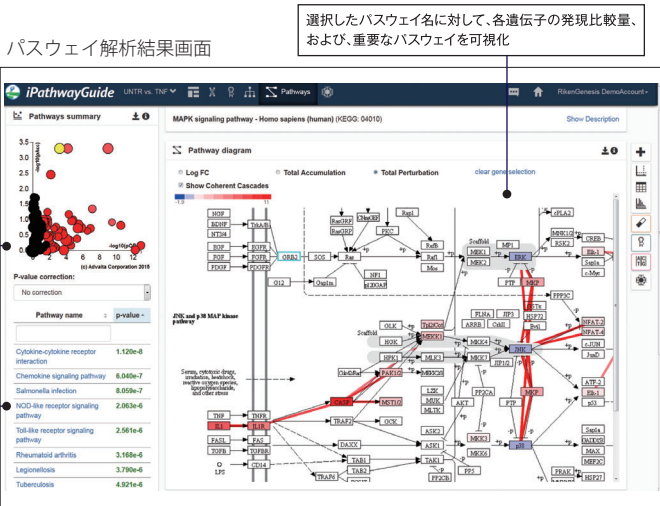
リード配列を参照配列に対してスプライシングを考慮してマッピング^{※1}し、ジャンクション構造予測^{※1}を行います。その後、転写物のアセンブリ^{※1}、発現レベルの比較を行います。発現レベルの比較は、geneレベルやisoformレベルで実施し、各種アノテーション^{※2}をつけてエクセル・マクロファイルとテキストファイル^{※3}でご提出します。

算出されたFPKM値とlogFCおよびアノテーションの一覧

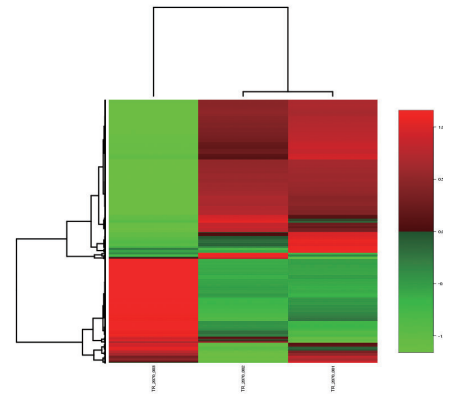
gene_id	gene_name	transcript_id	locus	refseq_id	go_id	kegg_id	omim_id	pfam_id	group1_name	group2_name	group1_fpkm	group2_fpkm
XLCC_000012	LOC2846CXR	NM_1840205	859036	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	3.14043	0.167024
XLCC_000013	SAMD11	NM_152481	861120-894679	NM_152481	GO:000011	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	3.32805	0.273787
XLCC_000015	PLEKHA1	NM_001161	901784-917473	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	1.71313	0.061069
XLCC_000018	-	CUFF_20	11.995610-1002693	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	4.00842	0.873198
XLCC_000031	-	CUFF_69	11.1357116-1358620	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.922778	1.21426
XLCC_000032	TMEM88B	NM_001114	1361259-1363258	NM_001114	GO:001601	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.922231	35.6113
XLCC_000037	-	CUFF_70	11.1535649-1542813	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.758249	3.97885
XLCC_000042	GABRD	NM_000811	119507071-1962192	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.112503	88.4902
XLCC_000043	PRKG2	NM_001033	11981908-2144159	NM_000811	GO:0007104080	13716361	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	6.84026	131.389
XLCC_000047	PLCH2	NM_014633	2398871-2436964	NM_014633	GO:000811	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.232023	15.7028
XLCC_000048	LOC100958	NM_003821	2487207-2515972	NM_00129	GO:0006904060	602746	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	16.9842	3.64546
XLCC_000051	PRDM16	NM_199451	2975759-3355185	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.232442	1.59301
XLCC_000053	ARHGEF1	NM_014441	33711463-3398164	NM_014441	GO:000721	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	4.48763	0.474878
XLCC_000054	TPRG1L	NM_182751	3541555-3546695	NM_182751	GO:000811	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	13.0706	64.5332
XLCC_000057	SMIM1	NM_001161	3689278-3693055	NM_001161	GO:007001	61524261	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	3.61116	0.298129
XLCC_000061	-	CUFF_134	1.4036217-4072768	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	1.20769	0.010799
XLCC_000065	KCNAB2	NM_003631	5922899-6161253	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	12.6759	82.7778
XLCC_000067	LRWD3	NM_009861	62937867-6298504	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.627561	0.051098
XLCC_000080	SLC45A1	NM_001081	8378170-9404227	NM_001081	GO:000861	905763	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.423887	7.68141
XLCC_000090	RBP7	NM_052961	110057247-10084647	NM_052961	GO:000681	608604	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	0.32682	21.2198
XLCC_000092	KIF1B	NM_015071	10270683-10442664	-	-	-	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	9.0403	72.6401
XLCC_000102	FBXO44	NM_033181	117708417-11723384	NM_00101	GO:001901	609111	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	7.48996	42.2051
XLCC_000105	AGTRAP	NM_001041	11796141-11810828	NM_00104	GO:000161	608729	-	-	Group01_Group03	Group01_Group03	22.366	4.10366

- ※1 マッピング結果、ジャンクション構造予測結果、転写物のアセンブリ結果はIntegrative Genomics Viewer (IGV) で閲覧することが可能です。
- ※2 発現レベル比較データには次のようなアノテーションがつけます (Humanの場合)。遺伝子名、ゲノム上の位置、Entrez Gene ID、RefSeq ID、GO ID、KEGG ID、OMIM ID、Pfam IDなど
- ※3 アノテーションは弊社オリジナルのエクセル・マクロ (AnnotationViewer) で閲覧でき、IGVおよび外部データベースと連携するようになっています。

オプション解析



階層型クラスタリング+ヒートマップ作成



パスウェイ解析 (ヒト・マウス・ラットのみ対応可能)

iPathwayGuide (Advaiva Bioinformatics社) を用いて実施します。最新のKEGGデータベースを基にパスウェイ解析を行います。

階層型クラスタリング+ヒートマップ作成

ご指定いただいた遺伝子リストを基に、階層型クラスタリングの実施とヒートマップの作成を行います。またヒートマップの並び順に対応したExcelファイルも合わせて出力します。

納品物

- ・解析報告書
- ・データHDD：リード情報 (FASTQ)、マッピングデータ (BAM)、ジャンクション構造予測データ (BED)、転写物データ (GTF)、発現レベル比較データ (エクセル・マクロファイルとテキストファイル)、GO解析データ (テキストファイル)

お問い合わせ先

株式会社理研ジェネシス 営業部

〒141-0032 東京都品川区大崎 1-2-2

アートヴィレッジ大崎セントラルタワー 8F

TEL: 03-5759-6042 / MAIL: info2@rikengenesys.jp

販売代理店

- ・本サービスは研究用です。診断目的には使用できません。
- ・本サービスの結果に起因して生じた損失・損害等については、サービスの仕様上、責任を負いかねます。
- ・記載の会社名および製品名は、弊社または各社の商標または登録商標です。