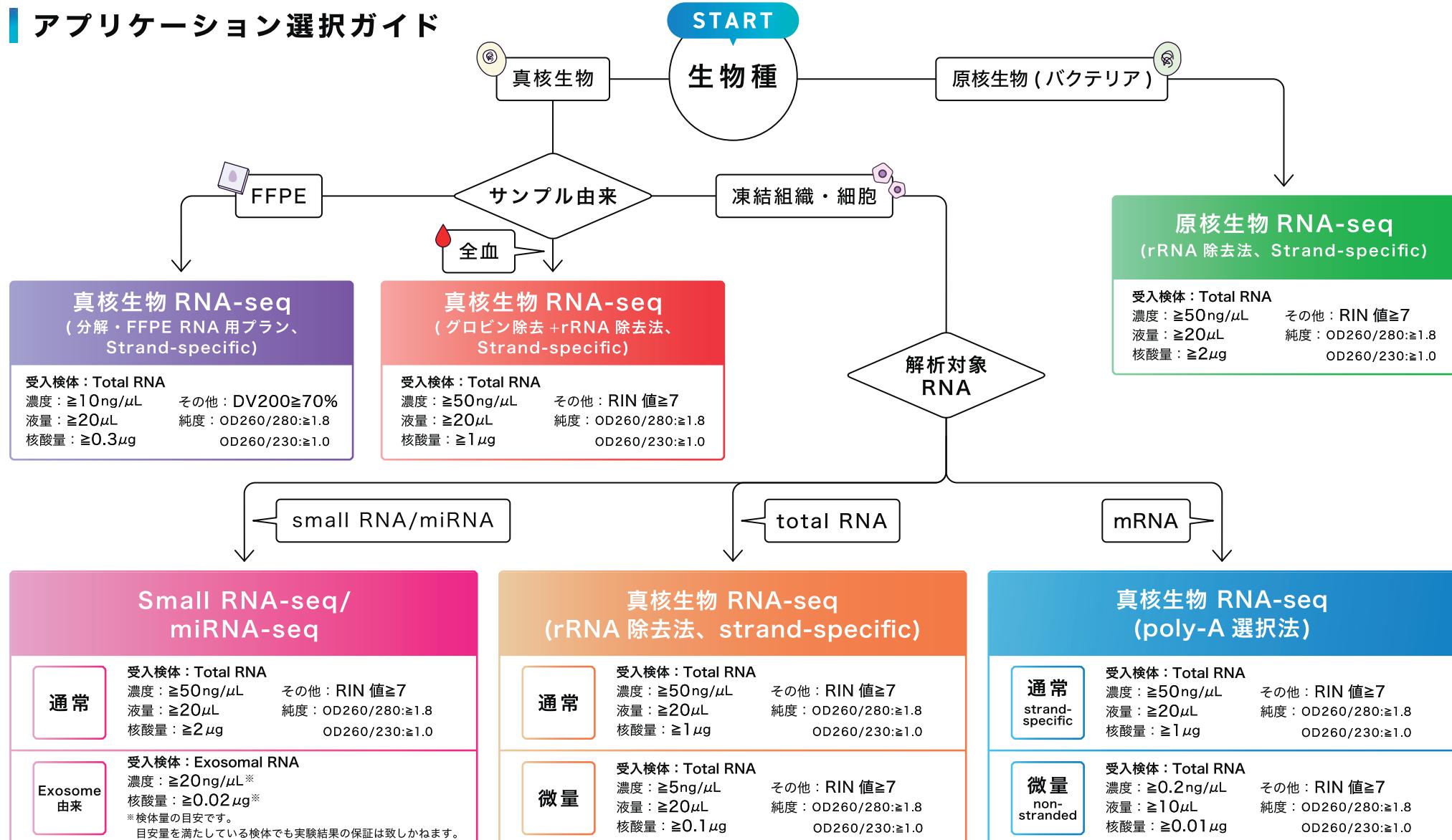


網羅的な遺伝子発現プロファイリング トランскриプトーム解析

アプリケーション選択ガイド



▼ データ取得量目安 *Total RNA-seq(rRNA 除去法) の場合は下記の 2 倍 * 真核生物の場合

遺伝子レベルの発現量比較	2000-5000万リード / 1000-2500万ペアリード / 推奨4000万リード (6Gb)
転写産物レベルの発現量比較	5000-1.5億リード / 2500-7500万ペアリード / 推奨6000万リード (9Gb)
新規転写産物探索	1.5-3 億リード / 7500-1.5 億ペアリード
FFPE で新規探索	3 億リード以上 / 1.5 億ペアリード以上

▼ データ取得仕様

シーケンサー	NovaSeq X Plus
リード長	150bp Paired End
参考納期	データ取得：4~7 週 データ解析：2~4 週

▼ 豊富なバイオインフォマティクス解析プラン

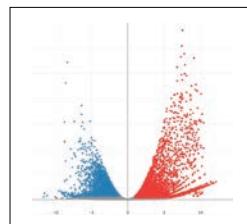
＜ベーシック解析プラン＞

各サンプルの遺伝子発現の定量及び各種描画データをもとに群間比較解析前に発現傾向を把握することができます。

＜スタンダード解析プラン＞ * 実施のために DEG/DEmiRNA 解析が必要となります。

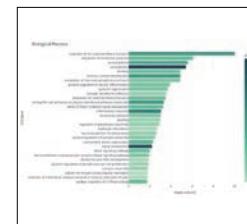
DEG/DEmiRNA 解析

異なる条件間で遺伝子の発現量が異なる遺伝子 (DEGs) を特定するための解析です。



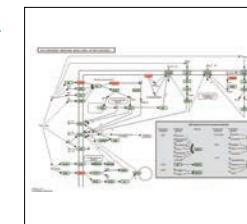
GO 解析*

遺伝子やその産物がどのような生物学的機能を持つのかを解釈するための解析です。



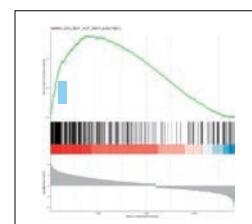
KEGG パスウェイ解析*

特定の遺伝子などがどのような生物学的パスウェイに関与しているかの解析です。



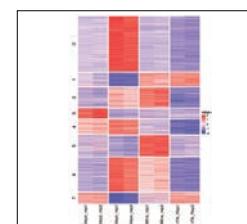
GSEA 解析*

遺伝子発現データ全体について特定の遺伝子セットが系統的に発現変化をしているかどうかを評価する解析です。



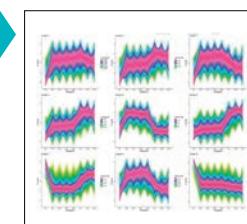
k-means クラスタリング解析

データを k 個のクラスターに分割し、類似性の高いデータを同じクラスターにまとめ、遺伝子発現のパターンや構造を理解するための解析です。



時系列変動遺伝子/miRNA 解析

異なる時間ポイントで収集された遺伝子発現データを解析し、時間とともに変動する遺伝子を特定するための解析です。



その他…

- ・融合遺伝子解析
- ・トランスクript SNV 解析

- ・miRNA のターゲット遺伝子予測解析
- ・de novo アセンブル解析

- ・スプライシングバリエント解析
- ・ベイズ推定を用いた多群比較解析

＜オーダーメイド解析プラン＞

他アプリケーションとのマルチオミクス統合解析、公共データとの統合解析などの標準サービスメニュー外のカスタム解析を実施します。

販売店

Rhelixa
Decoding Life, Creating Future

〒104-0042

東京都中央区入船 3-7-2 KDX 銀座イーストビル 5F

TEL : 03-6272-3115

Mail : sales-support@rhelixacom

詳しくは
弊社サービスページへ

レリクサ RNA-seq

<https://www.rhelixa.com/service/>

