

期間限定 ディスカウントキャンペーン

RNA-seq

遺伝子発現解析サービス

Illumina Platform (NovaSeq 6000 / Novaseq X Plus)

サービス名	キャンペーン価格 (税抜/1サンプル)	受入 サンプル	リード長 データ量	参考納期 検体受領日から	備考/サンプル要件
真核生物 RNA-seq Poly-A 選択法, Stranded	¥25,000-	total RNA	150PE 4Gb	4~6 週	総量1µg以上, 濃度50ng/µL以上, 液量20µL以上 OD260/280 ≥ 1.8, OD260/230 ≥ 1.0
真核生物 RNA-seq 微量サンプル, Non-stranded	¥45,000-	total RNA	150PE 4Gb	5~8 週	総量4ng以上, 濃度0.2ng/µL以上, 液量10µL以上 OD260/280 ≥ 1.8, OD260/230 ≥ 1.0 ※検出可能範囲に満たない場合もご相談ください
真核生物 RNA-seq rRNA除去法, Stranded	¥50,000-	total RNA	150PE 6Gb	5~8 週	総量1µg以上, 濃度50ng/µL以上, 液量20µL以上 OD260/280 ≥ 1.8, OD260/230 ≥ 1.0
原核生物 RNA-seq rRNA除去法, stranded	¥33,000-	total RNA	150PE 1Gb	4~7 週	総量2µg以上, 濃度50ng/µL以上, 液量20µL以上, OD260/280 ≥ 1.8, OD260/230 ≥ 1.0
真核生物 RNA-seq グロビン除去+rRNA除去法	¥60,000-	total RNA	150PE 6Gb	5~8 週	総量1µg以上, 濃度50ng/µL以上, 液量20µL以上 OD260/280 ≥ 1.8, OD260/230 ≥ 1.0
FFPERNA-seq	¥60,000-	total RNA	150PE 12Gb	5~8 週	総量300ng以上, 濃度10ng/µL以上, 液量20µL以上 OD260/280 ≥ 1.8, OD260/230 ≥ 1.0

丁寧なビフォア アフターサポート



15名以上の博士研究者が在籍。
高い専門性と丁寧なサービスで、
最後までご満足いただけるサー
ビスを提供します。

リーズナブルで 高品質なデータ取得



リーズナブルで高品質なデータ
取得をご提供します。データ解
析をご自身で実施するお客様か
らも選ばれています。

カスタム実験 カスタム解析対応



ご研究目的やご要望の図版、参
考文献等に応じたカスタム実験
やオーダーメイド解析、統合解
析も承ります。

バイオインフォマティクスも柔軟に対応
詳細は裏面 または弊社 Web サイトから

レリクサ RNA-seq



裏面に詳細

💡 [オプション] バイオインフォマティクスもお任せください



事前ヒアリング



パッケージ解析



オーダーメイド解析

Ph.D. 15 名在籍。基本解析からオーダーメイドの高次解析 / 統合解析まで
Wet と Dry 双方に精通した研究チームが柔軟にサポートいたします

基本解析仕様

ベーシック解析

1. データ QC
2. リードクリーニング
3. マッピング
4. リードカウント
5. TPM 値の算出
6. サンプル間の相関分析
7. 主成分分析 (PCA)
8. 階層的クラスタリング
9. ヒートマップ描画

DEG 解析

スタンダード解析

弊社の Differentially Expressed Gene 解析 (=DEG 解析, 発現変動遺伝子解析) では、2 群間において有意に発現変動している遺伝子を抽出し、変動値とその p 値, q 値を算出します。

また、得られた結果を用いてヒートマップ, 動的な MA plot, Volcano plot を描画し、遺伝子発現変動の全体像やその統計的な優位性を様々な角度から俯瞰的に掴むことができます。

GO 解析や IPA 解析を実施する上で必須の解析となります。

GO 解析

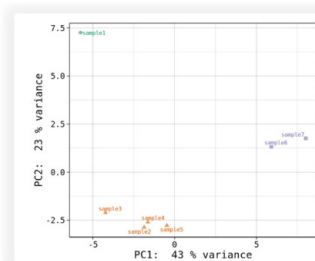
スタンダード解析

Gene Ontology エンリッチメント解析では、2 群間において有意に発現変動している遺伝子において特定の機能が濃縮 (enrich) されているあるいは希薄 (purified) であるかを統計的に検定することで、発現変動遺伝子解析より得られる膨大な情報から生物学的な意義を解釈する助けとなります。通常、濃縮された GO term について、有意差検定結果を棒グラフで可視化に表現しますが、弊社では GO term の階層的なつながりを示すと同時にバブルプロットでは発現上昇や減少する遺伝子群において検出される同じ GO term についても、上昇と減少のどちらにより寄っているかを確認できます。

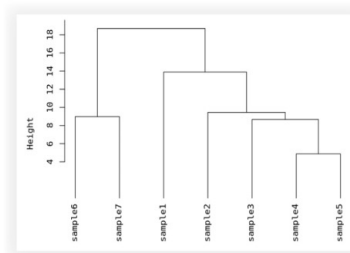
データ解析例



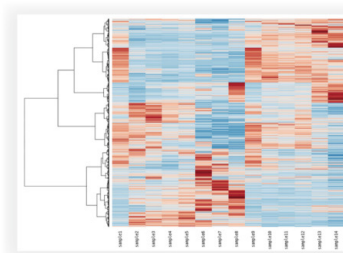
6. 相関分析



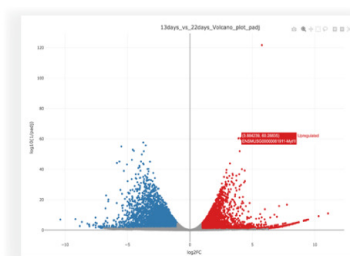
7. 主成分分析



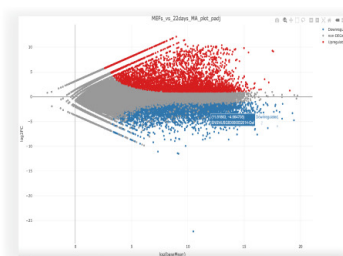
8. 階層的クラスタリング



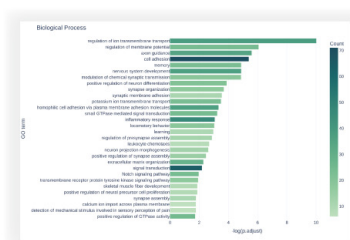
9. ヒートマップ描画



Volcano plot



MA plot



GO plot



Bubble plot

【特典】RNA-seq データ解析をオプションで申込の場合、当社開発のグラフ化ツール RIAS™ の利用アカウントを無償ご提供！

RIAS
Rhelixa Integrated Analyzers



発現量の閾値を変えて、グラフを簡単に再作成したい



外れ値となるサンプルや不要な遺伝子を除いて、グラフを簡単に再作成したい



特定の遺伝子に注目してグラフを作成し、発現変動の有意性を評価したい

販売店

株式会社 Rhelixa (レリクサ)

〒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 FAX : 03-6240-9331

E-Mail : inquiry@rhelixa.com

Web : <https://rhelixa.com/>