

RNA-Seq キャンペーン情報 2020.09

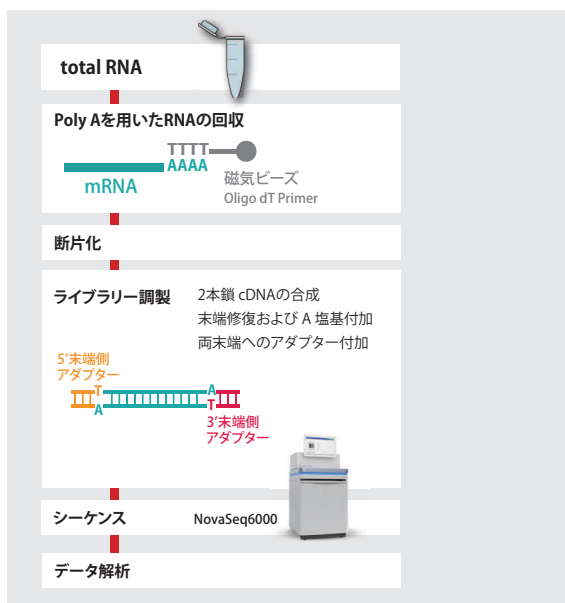
実施期間：～2020年10月16日(金) 検体受け入れ分

RNA シーケンス (RNA Seq)

RNA-Seq(RNAシーケンス)は、次世代シーケンスを用いて取得したリードの情報(生データ)をデータ解析することで、遺伝子の発現量が解析できる手法です。一般的な手法では、total RNA のご提供を頂き、polyA を利用して mRNA を回収してサンプル調製を進めますが、polyA が無い生物種である場合には、リボソームRNAを除去する手法(リボゼロ処理)を利用してサンプル調製を進めます。また、通常は公開されているリファレンス配列を利用してデータ解析を行いますが、リファレンス配列のない生物種の場合には、別途のデータ解析でリファレンス配列を作成してから遺伝子発現解析を実施します。目的やサンプルに合わせて、ライブラリ調製、シーケンス、データ解析等の仕様を選択することで、様々なアプリケーションのご提案が可能です。

RNA-Seq (PolyA による回収)

ヒト・マウスなどのpolyAを持つ mRNA を対象とした解析です。リファレンス配列の無い生物種である場合、得られたリードを de novo アセンブル・BLAST検索することで、リファレンス配列を作成して解析を進めることが可能です。



- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Stranded mRNA Library Prep
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (illumina)
 - ・ 4 Gb/サンプル, 100 bp, paired end

RNA-Seq (polyAによる回収)

項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 39,500
データ解析	ヒト・マウス* ¥ 15,500
マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	その他生物種 ¥ 40,000

*ヒト・マウスのデータ解析において、5比較以上の解析を希望される場合は追加費用が必要になります。詳しくはお問い合わせ下さい。

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

微生物のRNA-Seq (リボゼロ処理)

polyAの無いmRNAを持つ微生物のRNA-Seqを実施する場合は、通常の手法ではサンプル調製ができないため、リボソームRNAを除去する手法でライブラリ調製を行います。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Stranded mRNA Library Prep (bacteria)
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (illumina)
 - ・ 4 Gb/サンプル, 100 bp, paired end

RNA-Seq (リボゼロ処理)

項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 46,000
データ解析	¥ 40,000
マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

total RNA-Seq (リボゼロ処理)

ヒトやマウス由来のサンプルであっても、non-coding RNAやlncRNAと呼ばれるpolyAの無いRNAを対象にした解析を希望される場合に行っている手法です。Total RNA からリボソーム RNA を除去してライブラリ調製を進めます。10 Gb/sample 程度のデータ取得をお勧めします。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Stranded total RNA Library Prep Kit with RiboZero kit
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (illumina)
 - ・ 10Gb/サンプル, 100 bp, paired end

total RNA-Seq (リボゼロ処理)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 60,000
データ解析 マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	ヒト・マウス※ ¥ 15,500 その他生物種 ¥ 40,000

※ヒト・マウスのデータ解析において、5 比較以上の解析を希望される場合は追加費用が必要になります。詳しくはお問い合わせ下さい。

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

微量サンプルのRNA-Seq (SMARTer による増幅)

微量サンプルの場合には、SMARTer を用いた増幅を含む仕様でライブラリ調製を進めることが可能です。10 ng 程度の微量なサンプルからでもデータを取得できる可能性があります。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (0.01 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ SMARTer Ultra low RNA Kit
+ TruSeq library construction
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (illumina)
 - ・ 4Gb/サンプル, 100 bp, paired end

微量サンプルのRNA-Seq (SMARTer による増幅)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 59,000
データ解析 マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	ヒト・マウス※ ¥ 15,500 その他生物種 ¥ 40,000

※ヒト・マウスのデータ解析において、5 比較以上の解析を希望される場合は追加費用が必要になります。詳しくはお問い合わせ下さい。

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

Iso-Seq (PacBio を利用)

ショートリードのシーケンサーでは、アイソフォーム(スプライシングバリエーション)の判別が困難ですが、ロングリードのPacBioシーケンサーでは、1つのリードで mRNA 分子全体を網羅することができる (mRNAの全長を 1リードでシーケンスできる) ため、多様なアイソフォームが混在する場合でも、それらを見分けることができ、アイソフォームごとの発現解析を実施することが可能です。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (3 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ Sequel Iso-Seq Library Construction
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : PacBio Sequel
 - ・ 1 SMRT Cell (データ量の目安 20-25Gb)

Iso-Seq (PacBio を利用)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製	¥ 56,500
シーケンス (1 SMRT Cell)	¥ 226,000
データ解析 (クラスタリング, マッピング)	¥ 105,000
納品用ハードディスク	¥ 30,000

small RNA-Seq (miRNA-Seq)

18~30塩基程度の small RNA の両端にアダプターを付加し、シーケンスを行うことで、small RNA の同定と発現量を解析するサービスです。検出できるダイナミックレンジが広いので、miRNA などの small RNA の発現量を調べたい場合に有効です。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (3 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Small RNA Library Prep Kit
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : HiSeq 2500 (Illumina)
 - ・ 50bp, Single end, 1 lane/複数サンプル

small RNA-Seq (miRNA-Seq)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製 (1サンプルあたり)	¥ 34,000
シーケンス (1レーンあたり)	¥ 157,000
データ解析 (1サンプルあたり)	¥ 40,000
納品用ハードディスク	¥ 30,000

6検体/1レーンの場合...
 ライブラリ調製 ¥ 34,000 × 6
 シーケンス ¥ 157,000 × 1
 データ解析 ¥ 40,000 × 6
 ハードディスク ¥ 30,000 × 1