



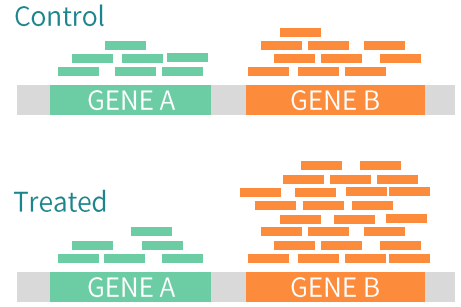
RNA-Seq 遺伝子発現解析

網羅的な遺伝子発現解析を目的としたアプリケーションです。マイクロアレイと比較して、ダイナミックレンジが広く、アイソフォームの同定が可能などの特長により、ゲノム全体での遺伝子発現を検出する主要な方法となっています。

利用例：

- 薬剤処理前後の遺伝子発現変化を比較、薬理効果に関わる分子機序を解析。
- 野生型と変異体での発現の差異を比較、表現型に関わる分子機構を探索。

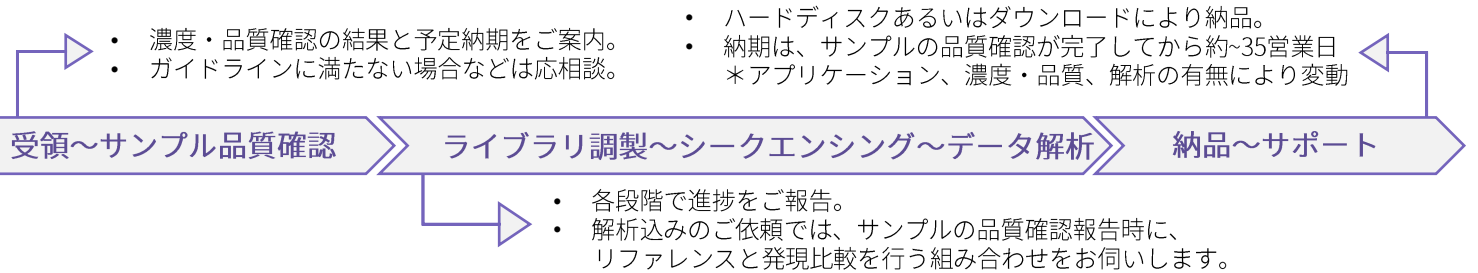
目的・生物種・RNAの量/品質により、適切なRNA選択法とライブラリ調製法があります。またRNA-Seqのオプション解析では、アイソフォームの発現変動、RNA編集部位の検出、融合遺伝子解析、発現ネットワーク解析も可能です。



アゼンタの特長・強み

- サンプルの品質確認、ご報告はサンプル受領確認後、約2営業日以内の迅速対応。
- 不安定なRNAサンプルも安心の、国内ラボでのライブラリ調製。各種検体からのRNA抽出も対応。

サンプル受領から納品まで



サンプル提出ガイドライン

アプリケーション	トータルRNA総量 (濃度、液量)	純度	品質・分解度	その他事項
Poly-A選択法； ストランド特異的	>0.5~1.0 ug (>50 ng/μl, >10 μl)	OD260/OD280: 1.8~2.2	RIN: >=7	
rRNA枯濁法； ストランド特異的	>0.5~1.0 ug (>50 ng/μl, >10 μl)	OD260/OD280: 1.8~2.2	RIN: >=2~3 (分解度合 いによりリスクあり)	ゲノムDNAの混入がないこと。
Ultra-Low Input RNA-Seq (微量・超微量)	最低量10 pg相当 総量10 ng以下対象	OD260/OD280: 1.8~2.2	RIN: >=2~3	

- ※ RNA抽出からご依頼の際はお問い合わせください。
- ※ rRNA枯濁法は、ヒト・マウス・ラット、バクテリアに標準対応。rRNA除去率はベストエフォート型サービスとなります。
- ※ Ultra-Low Input RNA-Seqでは、rRNA除去法(ヒト・マウス対象)が標準仕様。対象外の生物種については、RNAの量・品質が条件を満たす場合はpoly-A選択を試みます。いずれもリスクありをご了承の上での実施となります。

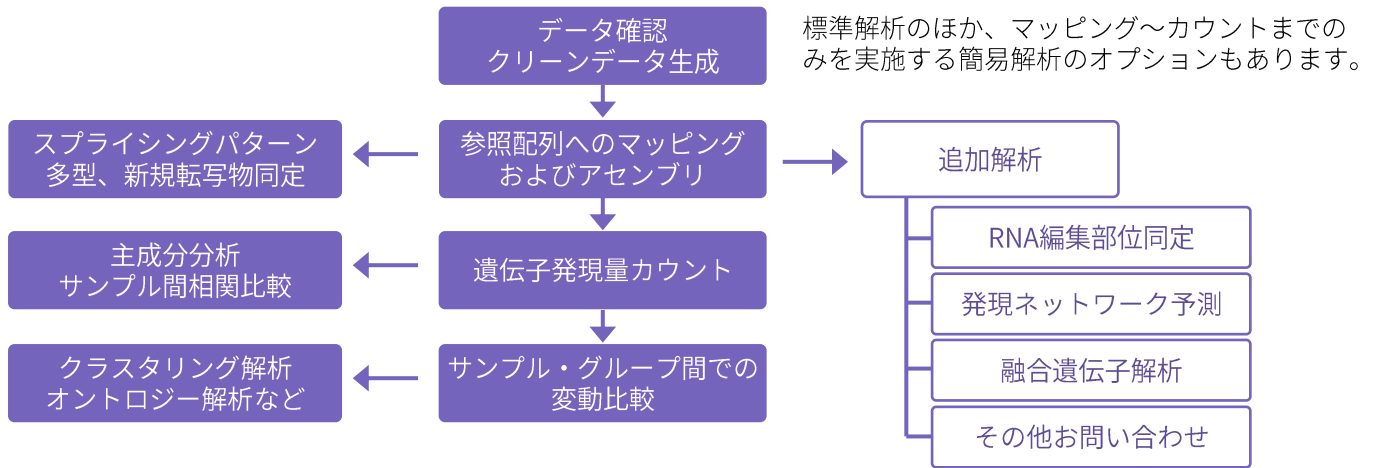
シーケンシング仕様

標準リード数 (ペアエンド/PE)	標準データ量 (塩基数/Gbase)	対象生物種・アプリケーション
500~1,000万	1	バクテリア等、ゲノムサイズ・遺伝子数の少ない生物
1,000万	3	ハエ、シロイヌナズナ等のゲノムサイズ・遺伝子数の中程度の生物
2,000万	6	高等動植物(ヒト、マウス、その他モデル動植物)
4,000万	12	ヒト、マウスでrRNA枯濁法適用の場合
8,000万	24	リファレンスがない生物で新規転写物アセンブリを行う場合

- ※ 150 bp PE仕様。標準リード数・データ量はサンプルあたり。新規転写物アセンブリではプロジェクトあたりのリード数・データ量。
- ※ Illumina NovaSeqのほか、国内ラボ設置の費用対効果に優れたMGI tech DNBSEQ-G400も利用可能(一部のアプリケーションを除く)。



解析手順の概要

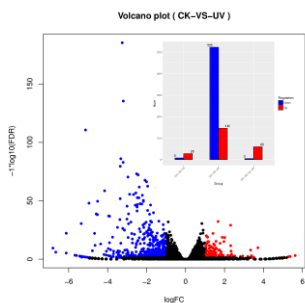


標準解析の納品データ例

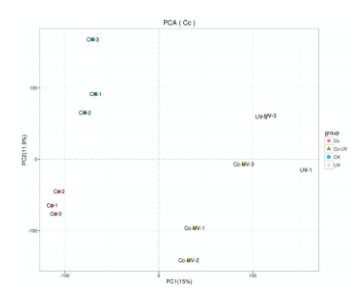
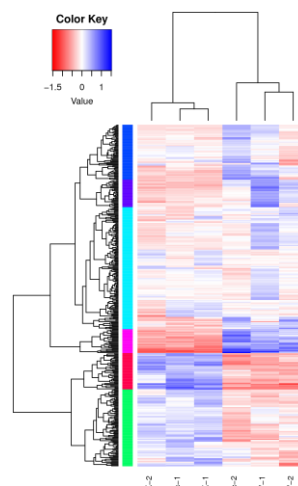
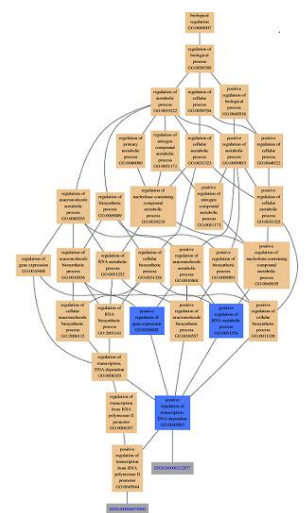
各サンプルでの発現量一覧 (生リードカウント/FPKM/TPM)
任意のサンプル間・グループ間での発現変動率一覧

Gene ID	CK-1	CK-2	CK-3	CK-1	CK-2	CK-3	CK-UV-1	CK-UV-2	CK-UV-2	UV-1	UV-2	UV-2
ENSG00000220002	12	13	25	54	218	178	22	18	215	27	2	2
ENSG00000149482	46	48	30	21	24	21	25	28	37	18	16	15
ENSG00000153404	1233	1225	1232	333	256	265	789	875	798	104	102	824
ENSG00000149289	876	857	813	847	536	589	245	275	289	258	325	214
ENSG00000220244	247	236	223	143	107	100	218	226	214	179	108	823

サンプル間の発現変動比較



主成分分析

発現量に基づいた
クラスター分析オントロジー解析による
変動遺伝子群の機能推定

よくある質問

- 『RNA量がガイドラインを満たしていませんがライブラリ調製可能でしょうか。』
利用可能な量に応じて増幅サイクル数を増やして対応します。サンプル品質確認のご報告時にご相談も可能です。リスクありをご了承いただいた上での実施になりますが、多くの成功実績があります。
より微量のRNAの場合には、Ultra-Low Input RNA-Seqのオプションもご用意しています。
- 『RNAが分解していますが、ライブラリ調製可能でしょうか。』
rRNA枯渇法では分解しているRNAにも対応可能です。ただし、生物種により対応できないこともあります。
- 『poly-A選択法とrRNA枯渇法で調製されたライブラリは比較可能でしょうか。』
基本的にできません。Poly-A選択とrRNA枯渇法では検出されるRNAの種類が異なるため、ライブラリ間で正しくノーマライズできないことによります。

関連サービス

De novo Transcriptome Assembly リファレンスのない生物種に対し転写物の配列をアセンブル、アノテーションを付加し、リファレンスを新規に作成。これを用いて遺伝子発現解析を実施。

Iso-Seq PacBio Sequelを用いたロングリードシーケンシングによる、全長cDNA・アイソフォーム同定。

Single Cell RNA-Seq 10x Genomicsのシステムを用いたシングルセル遺伝子発現解析。同時に1ウェルあたり最大10,000細胞を解析。同一細胞での遺伝子発現+レパトア解析、細胞表面タンパク質同定も可能。

©2021 Azenta Japan Corp. 本サービスは研究用のみに使用できます。診断目的に使用することはできません。
当印刷物に記載されている会社名および商品名などは、各社の商標または登録商標です。本印刷物記載の内容は2021年11月現在のものです。