

次世代シーケンシング受託サービス

RNA-Seq 遺伝子発現解析



信頼できる解析パートナーをお探しですか？

アゼンタ株式会社のジーンウィズ™にお任せください！

GENEWIZ®の標準RNA-Seq遺伝子発現解析は、高精度なデータと迅速な納期で、研究の成功を強力にサポート。お客様のニーズに合わせたカスタマイズ可能なソリューションを提供し、専門的なバイオインフォマティクス解析もワンストップで対応します。

ジーンウィズ™の強み

✓ 国内ラボでの安心対応と高精度なデータ

不安定なRNAサンプルでも安心の国内ラボでライブラリ調製を実施します。各種検体からのRNA抽出にも対応し、高精度なデータを迅速に提供することで、研究の成功を強力にサポートします。

✓ 迅速な対応と柔軟なサービス

サンプルの品質確認とご報告は、サンプル受領確認、後約2営業日以内に対応します。
超微量RNAや分解RNA、スクリーニング目的のハイスループット発現解析にも対応します。

✓ 充実のカスタマーサービス

専任のカスタマーサービスチームが、プロジェクト全体を通じてきめ細かくサポート。
お問い合わせやご相談にも迅速に対応し、常にお客様の視点に立ったサービスを提供します。

✓ 国内外の実績と信頼

国内外の多くの研究機関から高い評価を得ており、信頼性の高いパートナーとして選ばれ続けています。競争力のある価格で最高の結果をお届けし、長期的な協力関係を築いていきます。

RNA-Seq とは？

RNA-Seqは、転写物の定量的測定を行い、ゲノム全体で網羅的に遺伝子発現を検出するための主要な方法です。マイクロアレイに比べてダイナミックレンジが広く、アイソフォームや新規転写物、ストランド特異性の同定が可能なることから、より正確な遺伝子発現解析を実現します。薬剤投与の分子効果や遺伝子変異の影響を探索する目的のほか、cDNA全長配列の決定や融合遺伝子同定にも利用できます。目的やRNAの品質、生物種に応じて、適切なRNA選択法、ライブラリ調製法、データ解析手法を用いることで、多様な研究ニーズにお応えします。

RNA-Seq 遺伝子発現解析

GENEWIZ®のRNA-Seq ワークフロー：サンプル受領から納品まで

受領～サンプル品質確認

- 濃度・品質確認の結果と予定納期をご案内。
- ガイドラインに満たない場合は別途ご相談ください。

ライブラリ調製～シーケンス解析～データ解析

- 各段階で進捗をご報告します。
- 解析込みのご依頼の場合、サンプルの品質確認報告時に、リファレンスと発現比較を行う組み合わせをお伺いします。



納品について

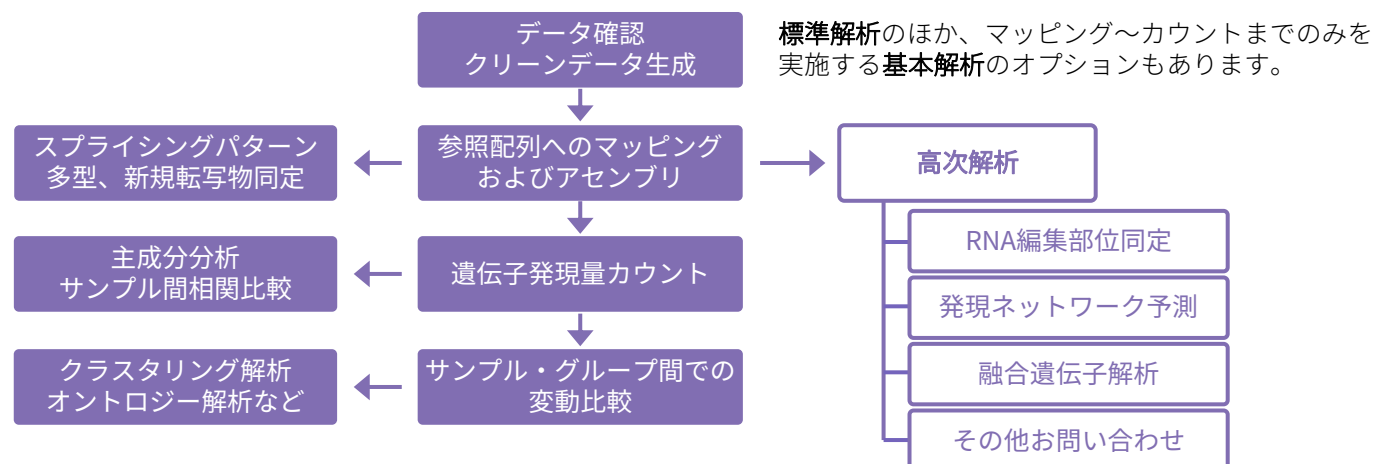
- ハードディスクまたはダウンロードで納品します。
- 納期はサンプルの品質確認完了後、約25営業日（RNA提出、生データ納品）です。
- 短納期オプションもございます。

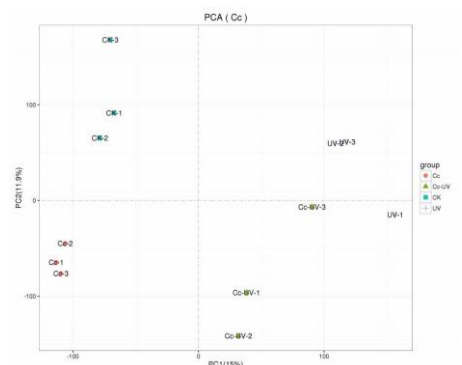
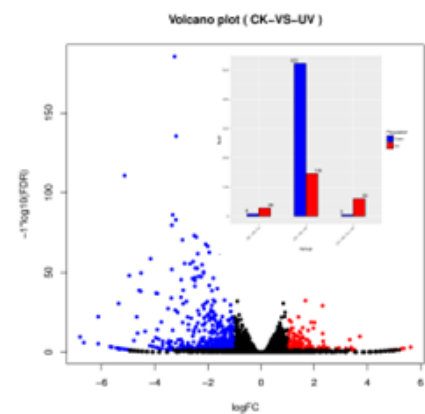
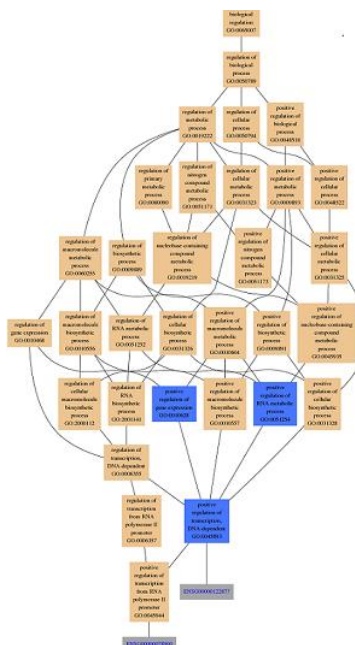
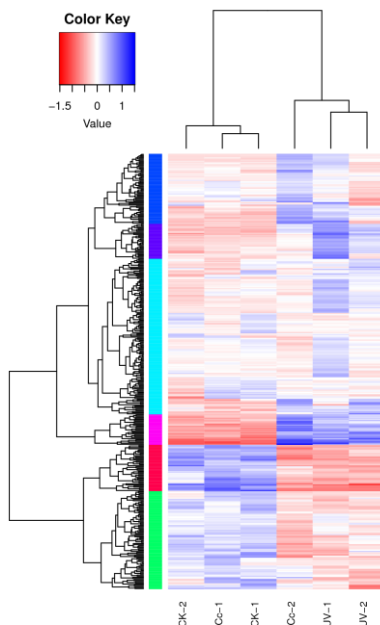
シーケンシング仕様

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枯渇法適用の場合
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。
- シーケンス解析は、弊社国内ラボ設置のillumina NovaSeqあるいは弊社海外拠点にて実施（国内指定も可能）。 MGI tech DNBSEQ-G400も選択可能（レーン単位4億PE相当）。

解析手順の概要





RNA-Seq 遺伝子発現解析

関連サービス

- **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10,000~40,000細胞を解析。シングルセルでのレパトア解析、ATAC解析、細胞表面タンパク質同定、固定ワークフローの遺伝子発現Flexも提供。組織からの細胞分散、核抽出などにも対応。
- **Stereo-seq：一細胞以下の超高解像度 空間的遺伝子発現解析**
凍結切片の他、FFPEにも対応（2024年9月下旬リリース予定）。ヒト、マウスのほか、ラットやジェノグラフトモデルにも対応。
- **Small RNA-Seq**
エクソソーム由来のmicroRNAなど、微量検体にも対応。
- **Iso-Seq：PacBio Sequelを用いたロングリードシーケンス解析による、全長cDNA・アイソフォーム同定**
Iso-Seqは、遺伝子の発現パターンやスプライシングの多様性を深く理解するための強力なツールです。全長のcDNAシーケンシングにより、転写産物の複雑な構造を正確に捉えることができます。
- **HT-Gex**
薬剤・化合物スクリーニングなど、多検体解析に特化した遺伝子発現解析サービス

よくある質問

1. **RNA量がガイドラインを満たしており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。
2. **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。
3. **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。

オンライン技術相談承ります！

メールのやり取りだけでは難しい内容や画面を共有しての納品データの説明なども承ります。ご記入のご希望日をもとにスケジュールを調整し、マイクロソフトTeams会議の招待メールを、ご入力いただいたメールアドレスへお送りいたします。

なんでもアゼンタ株式会社のジーンウィズ™ NGSチームへご相談ください！

下記のURLか右のQRコードからお申し込みください

<https://web.genewiz.com/ja-jp/web-meeting-request>



AZENTA
LIFE SCIENCES

アゼンタ株式会社（旧社名 日本ジーンウィズ株式会社）
〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9番15号
NFパークビルディング4階
電 話：03-6628-2950（平日 9:00～18:00）FAX：03-6628-2951
メール：sales.japan@azenta.com ウィブ：www.genewiz.com/ja-JP

取扱店・代理店 記入欄