



RNA-Seq

タイトル	RNA-Seq解析 [配列分析 + 情報解析]	
提供試料	● RNA (6 検体) □ 植物サンプル ()	
RNA抽出	● なし	□ あり (□ 磁気ビーズ法 □ スピンカラム法)
情報解析	□ なし (リード配列のみ納品します) ● あり (発現量解析)	
作業内容	<ol style="list-style-type: none"> RNAサンプルのQC RNA-Seq用ライブラリ作製 (6ライブラリ) 塩基配列分析 DNBSEQ-G400RSによる100塩基長のペアエンド分析×1レーン 総データ量80Gb程度 ※データ量はあくまで目安です 情報解析 <ul style="list-style-type: none"> リードの精査 (QC、トリミング) 参照ゲノム配列へのマッピング (HISAT2) (参照配列の指定あり) 発現量解析 (StringTieによるTPM値の算出) 	
納品物	<ul style="list-style-type: none"> 受託業務報告書 塩基配列データ (Fastqファイル) マッピング結果 (bamファイル) 発現量解析の結果 (TPM値の表) 	
参考見積	705,100円 (税込)	配列分析_419,100円 (税込)、情報解析_286,000円 (税込)
標準納期	作業開始後75営業日	配列分析_60営業日、情報解析_15営業日

RNA-Seq解析に関する補足：

サンプル数が少ない解析では、DNBSEQ-G400RSだと取得する配列量が多すぎるため、一部のデータのみ解析に使う「ダウンサンプリング処理 (特定のIndexの配列のみ使用)」を実施します。
また、マッピング時に参照配列がない場合は、別途取得したRNA-Seq配列を用いてリファレンスの構築を行うことも可能です (費用は相応に発生します)。