



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 () ● あり (発現量解析)	
作業内容	<p>1. RNAサンプルのQC (6 サンプル)</p> <p>2. RNA-Seq用ライブラリ作製 (6 ライブラリ)</p> <p>3. 塩基配列分析 DNBSEQ-G400RSによる100bp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</p> <p>4. 情報解析</p> <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) <p>*情報解析は、当センターと連携する(株)セルイノベーターに再委託する場合があります</p>	
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	690,800円 (税込)	配列分析_394,900円 (税込)、情報解析_295,900円 (税込)
標準納期	作業開始後60営業日	配列分析_45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)。

なお、アノテーション情報付加および発現比較解析についても対応可能です (別途お見積りを承ります)。