

de novo トランスクリプトーム解析

■ 解析概要

次世代シーケンサーを使用して、RNA サンプルから網羅的な遺伝子情報を取得します。

■ 対象生物

- ・ゲノム配列が解読されていない生物種・品種
- ・動植物、昆虫、真菌類などすべての真核生物



■ ご用意いただくサンプル

精製済み Total RNA

- ・ Illumina 解析：5μg 以上（濃度：50ng/μL 以上 液量：40μL 以上）
- ・ PacBio 解析：10μg 以上（濃度：200ng/μL 以上 液量：50μL 以上）

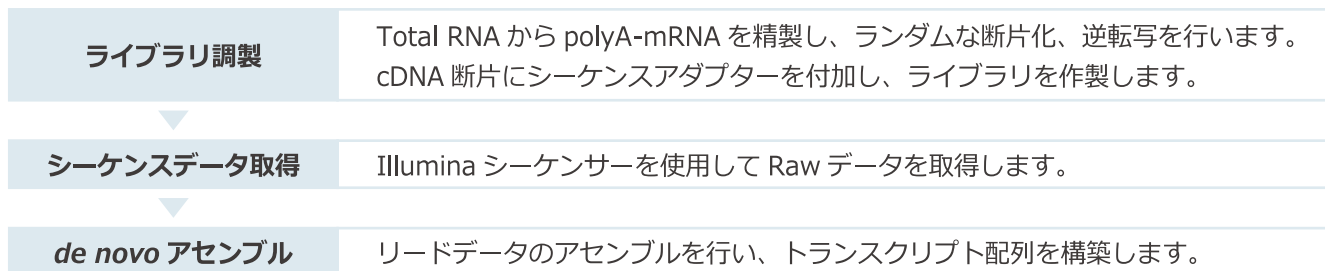
※ サンプル量が上記基準に満たない場合でも解析可能な場合がございますので、ご相談ください。

■ トランスクリプト配列構築

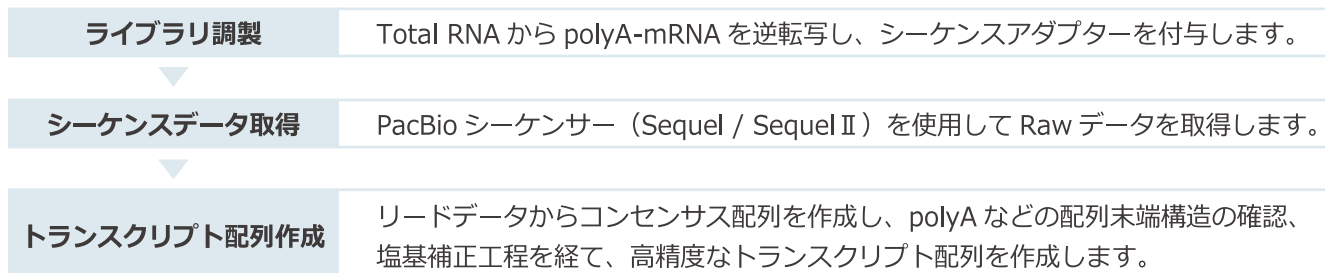
トランスクリプト配列構築には、Illumina、PacBio のシーケンサーをご利用いただけます。

Illumina RNA-Seq の特長	PacBio Iso-Seq の特長
<ul style="list-style-type: none"> ・少ないサンプル量、低コストで解析が可能 ・ショートリードから推定遺伝子配列を構築 ・同じデータを使用して発現頻度解析も可能 	<ul style="list-style-type: none"> ・ mRNA の全長配列をシーケンス ・アイソフォームの構造を正確に決定できる ・発現解析には Illumina のデータが必要

● Illumina 解析ワークフロー



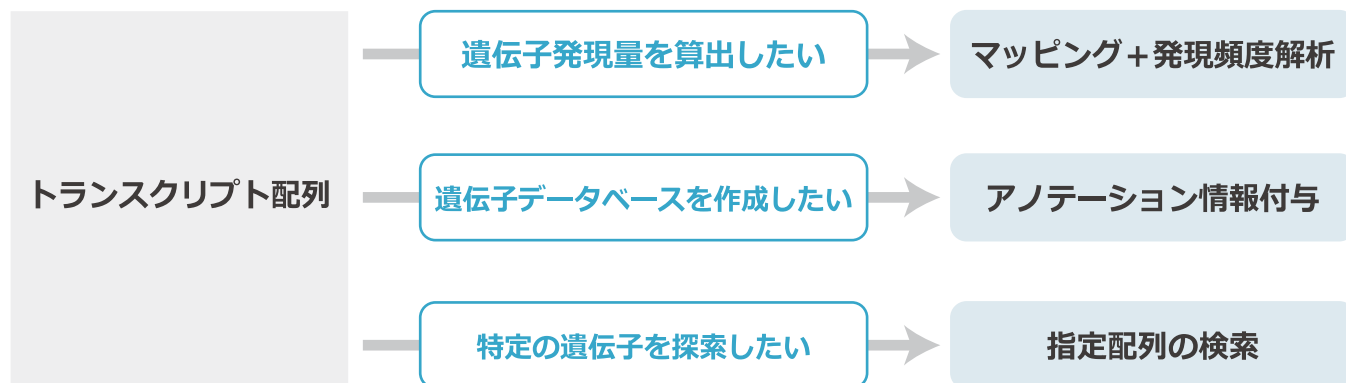
● PacBio 解析ワークフロー



[納品データ] トランスクリプト配列データ（FASTA 形式）

関連解析

前項で構築したトランスクリプト配列について、目的に応じて下記の解析を行うことができます。



■ マッピング+発現頻度解析

トランスクリプト配列を参照配列として、Illumina RNA-Seq のリードデータをマッピングし、発現頻度情報を算出します。検体間・群間の発現比較も可能です。

[納品データ] アライメントデータ (BAM 形式)、発現頻度解析結果 (EXCEL 形式)

※ 下記「アノテーション情報付与」とセットでご利用いただくことをお勧めいたします。

■ アノテーション情報付与

トランスクリプト配列を対象として、既知遺伝子データベースを参照した BLAST 検索を行い、相同遺伝子情報を付与します。

[納品データ] BLAST 検索結果 (EXCEL 形式)

■ 指定配列の検索

トランスクリプト配列の中から、ご指定いただく配列と相同性の高いトランスクリプト配列を検索します。(指定配列の例：近縁種の相同遺伝子、ペプチド断片配列など)

[納品データ] BLAST 検索結果 (EXCEL 形式)

お見積り依頼

▼ お問い合わせの際、こちらをお知らせいただくとスムーズです ▼

- 生物種、サンプルの組織
- 検体数 (発現比較解析を行う場合、ご希望の比較内容)
- 解析目的
 - (例) ・ 遺伝子データベースを作成したい
 - ・ 遺伝子発現解析を行いたい
 - ・ 特定の遺伝子を探索したい など



お気軽にお問い合わせください。

hss-ngs@hssnet.co.jp

<https://www.hssnet.co.jp>

代理店



北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 札幌市北区新川西2条1丁目2-1

☎ 0120-613-190

TEL : 011-768-5903 FAX : 011-768-5951

E-mail : hss-ngs@hssnet.co.jp

URL : <https://www.hssnet.co.jp>

※ 本サービスの仕様は、予告なく変更する場合がございます。