



AZENTA
LIFE SCIENCES

次世代シーケンシング受託サービス
RNA-Seq

安心の
国内ラボ
対応

RNA-Seq遺伝子発現解析、お手頃価格で

- ✓ まとめて最大 27% おトク
- ✓ 国内ラボで実施するから
 - ・ 速いQC
 - ・ 高いクオリティ
 - ・ 得られる安心感

1サンプル 39,600 円 (税込)

11%引き 10サンプル：1サンプルあたり 35,200 円 (税込)

23%引き 20サンプル：1サンプルあたり 30,250 円 (税込)

27%引き 30サンプル：1サンプルあたり 28,600 円 (税込)

標準サービスの流れ (全て国内ラボで実施)

ご注文、サンプル送付	CLIMSオンラインシステムからお見積り依頼をお願いします。
サンプルQC	サンプル受領後、弊社国内ラボにて濃度・品質を確認
ライブラリ調製	Poly-A 選択法・ストランド特異的ライブラリ調製
シーケンシング	DNBSEQ-G400 150 bp ペアエンド (PE) 希望リード数を選択 参考データ量 / 6 Gb = 2,000万PEリード (高等動植物)、 3 Gb = 1,000万PEリード (ゲノムサイズの小さいモデル生物)
バイオインフォマティクス (オプション)	<ul style="list-style-type: none"> ・ 解析なし (FASTQ形式生データ) ・ 解析あり (別途料金; 簡易解析あるいは標準解析)
納品	sFTPによるダウンロード納品 納期はサンプルの品質確認後20-30営業日 (1~1.5か月) ハードディスク納品も可

ご依頼時の諸事項・ご確認をお願いします

プロモーションコード: DNBRNA2205 (CLIMS からお見積り依頼の際にご入力ください)

- サンプル発送時には、サンプル情報シートのご提出と CLIMS 上でのご注文確定をお願いします。
CLIMS のご利用方法は、本誌右上の QR コードより手順書をご参照ください。
- 納期の記載は土日祝日を除く営業日数の目安。サンプル数・データ量により変動することがございます。
- ご提出の RNA サンプルのご返却には原則対応しておりません。
- 提出物: トータル RNA (>1 µg、RIN ≥ 6.0、ゲノム DNA の過剰な混入のないこと)

CLIMS
ご利用手順



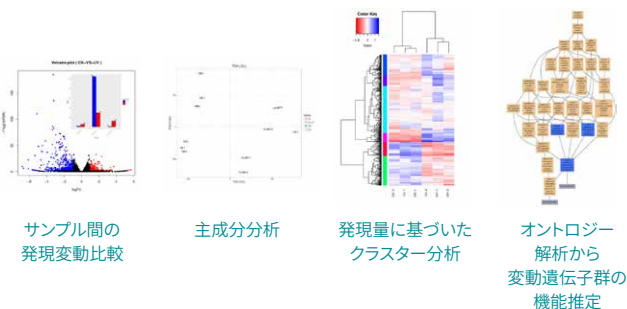
納品内容を選べます

生データ納品 (解析なし)	簡易解析 11,000 円 (税込)	標準解析 27,500 円 (税込)
ダウンロード納品 5,500 円 (税込) またはハードディスク納品 13,200 円 (税込)		
FASTQ ファイル		
QC レポート	QC レポート + 解析レポート	
—	マッピング結果 (BAM ファイル)	
—	遺伝子発現量カウント一覧 (raw count/FPKM/TPM) 遺伝子名、染色体、位置情報含む	
—	—	各サンプルでの 発現量一覧
—	—	サンプル間の 発現変動比較
—	—	オントロジー解析から変動 遺伝子群の機能推定

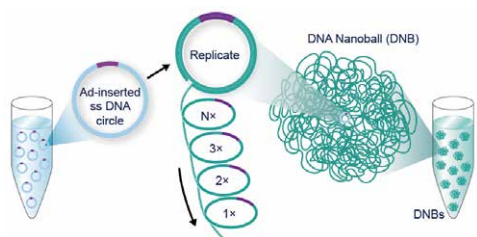
■ 標準解析の納品データ例

Gene ID	GS1	GS2	GS3	GS4	GS5	GS6	GS101	GS102	GS103	GS104	GS105	GS106	GS107	GS108	GS109	GS110
ENSG00000200000	120	145	38	48	78	89	32	38	21	2	2	2	2	2	2	2
ENSG00000100000	48	58	28	21	24	22	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34
ENSG00000100001	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120	120
ENSG00000100002	375	317	312	347	375	338	243	275	288	288	288	288	288	288	288	288
ENSG00000100003	217	286	251	343	351	386	214	288	274	274	274	274	274	274	274	274

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



DNBSEQ-G400プラットフォーム



- 一本鎖環状 DNA ライブラリからローリングサークル増幅により DNA ナノボールを生成。
- 常に元の分子をテンプレートとして増幅することでエラーの蓄積を軽減。
- 標準出力は FASTQ 形式のため、基本的に既存のパイプラインで解析が可能です。



弊社国内ラボでは 2020 年より導入、サービス開始。

これまでに RNA-Seq のほか、全ゲノム解析・エクソーム解析、10x Genomics シングルセル解析および Visium ライブラリのシーケンシングを実施。その品質と費用対効果で大好評をいただいております。

仕様	リード数 / レーン	データ量 / レーン	品質 (Q30)
150 bp PE	3.5~4.5億PEリード	105~135 Gb	>85%

* データ出力・品質はライブラリの特性により影響を受けるため目安となります。保証するものではありません。

©2022 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2022年5月現在のものです。



取扱店・代理店 記入欄

アゼンタ株式会社 (旧社名 日本ジーンウイズ株式会社)
〒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