

RNA-Seq

RNA-Seqをもっと身近に！
キャンペーン延長決定！
2020年3月末までのご利用分まで

国内ラボでのライブラリ調製

– rRNA枯濁法（ヒト/マウス/ラット）、超微量オプション、短納期にも対応 –

不安定なRNAサンプルも国内調製なら安心

- サンプルの品質確認も迅速、再提出の場合でも時間を節約
- 各種サンプルからのRNA抽出にも対応



マイクロアレイから乗り換えのチャンス

- RNA-Seqならマイクロアレイにできないこと色々
- 解析内容も充実



ジーンウィズなら納期も短く

- 通常納期で25-30営業日（実質5-6週間）
- 短納期サービス利用で解析込み最短15営業日



お問い合わせの際は **プロモーションコード『NGSJP1909b-RN50Y』** をお伝えください

➤ 1サンプル50,000円から

- poly-A選択；ストランド特異的ライブラリ調製
- Illumina HiSeq/NovaSeq, 2,000万 ペアエンドリード（150 bp ペアエンド、6 Gb）
- 解析なし（生データFASTQ納品）
- 標準解析込みの場合、1サンプル75,000円（解析内容は裏面参照）

➤ 6サンプル以上でさらにお得、例えば2群比較、n=3の場合：

- 1サンプルあたり、解析なし45,000円、標準解析込み70,000円

- ❖ サンプル提出ガイドライン：トータルRNA 1 μg以上 (>50 ngかつ>15 μl)、RIN: 7以上、過剰量のDNA混入が無いこと
- ❖ 納期は、解析なし25営業日、標準解析あり30営業日
- ❖ 別途、送料10,000円、データ納品料 – クラウド5,000円またはハードディスク12,000円（10サンプル以上のご依頼で無料）
- ❖ データ量は目的に応じて1 Gbで指定可能
- ❖ 各種試料からのRNA抽出も承ります。細胞、組織のほか、FFPEなどにも対応。ご相談ください。
- ❖ 納期約15営業日の短納期オプション適用は、キャンペーン特価でプラス10,000円の追加料金（標準解析込み）
 - poly-A選択；ストランド特異的のみ対応、基本的にサンプル提出ガイドラインを満たしていることが必須
- ❖ rRNA除去法（ヒト・マウス・ラット）、超微量RNA対応オプションは、それぞれキャンペーン特価プラス10,000円の追加料金
 - 超微量オプションは、サンプルによって十分な結果の得られないリスクがございますこと、ご了承ください。
- ❖ 価格は税別、納期はサンプルの品質確認後の土日祝日を除く営業日数。サンプル数や内容、その他事情により変動する場合がございます。

RNA-Seqのマイクロアレイ解析に対する優位性

| | RNA-Seq | マイクロアレイ |
|-----------------------|-------------------------|-------------|
| 再現性 | 高い | 高い |
| 感度 / ダイナミックレンジ | 高い / 数倍～数万倍 | 低い / 数倍～数百倍 |
| スプライシングパターン、新規転写産物の同定 | 可能(アイソフォームレベルでの発現を解析) | 不可 |
| リファレンス配列のない生物への解析 | 可能(アセンブリ/ORF分析/アノテーション) | 不可 |
| 多型同定 | 可能(RNAのSNP/InDelを同定) | 不可 |
| 価格 | RNA-Seqとマイクロアレイでほぼ同じ | |

お問い合わせからご注文、納品まで

受託サービスの流れは以下ページに記載：

https://web.genewiz.com/hubfs/Japan%20Assets/NGS_Order_Flow_GENEWIZJP.pdf

お客様

ジーンウィズ



お問い合わせ
見積もり依頼

ご注文

RNAサンプル
調製

ドライアイス
同梱発送

サンプル受領
品質確認

ライブラリ調製

シーケンシング
データ解析

納品後の
サポート

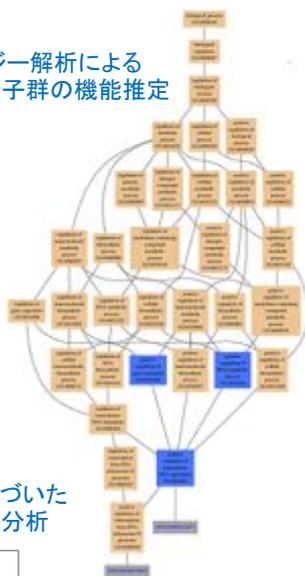
- ・ お見積もり依頼はオンラインシステムから
- ・ まずは弊社ウェブサイトよりアカウント作成
- ・ お問い合わせはメールまたはお電話でも
- ・ プロジェクト内容、サンプル調製のご相談も承ります

- ・ サンプルQC確認結果は受領後、最短1-2営業日でご報告
- ・ 解析込みの場合、サンプル比較情報シートをお送りします
比較の組み合わせを記入、メール添付でご提出ください
- ・ オンラインシステムで進捗状況をご報告

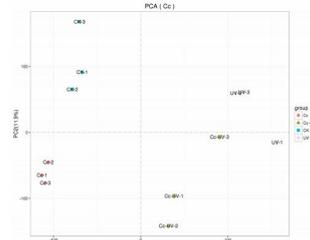
バイオインフォマティクス解析の納品例

- 全遺伝子の発現量一覧
- 反復実験でのサンプル間の相関検定、PCoA(主座標分析)
- 任意のサンプル・グループ間での発現変動比較
- ジーンオントロジー解析
- スプライシングパターン・アイソフォームの同定、新規転写物同定
- 転写物レベルでの多型(SNP/INDEL)検出
- 遺伝子発現調節経路のネットワーク解析(追加解析)
- 融合遺伝子の同定検出(追加解析)

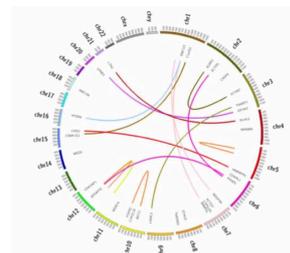
オントロジー解析による
変動遺伝子群の機能推定



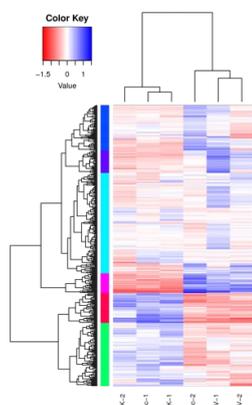
主座標分析



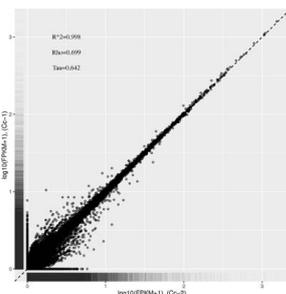
融合遺伝子同定
(追加オプション)



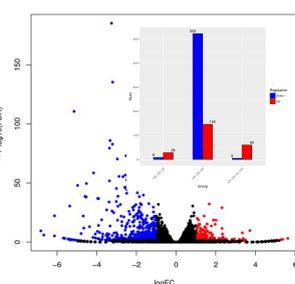
発現量に基づいた
クラスター分析



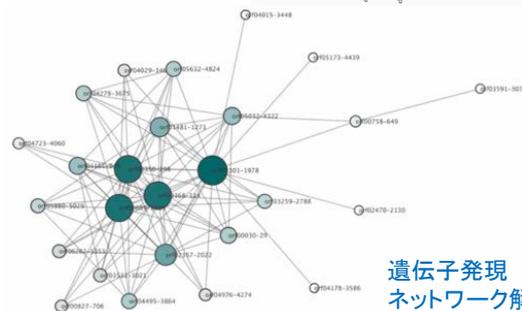
反復実験での相関解析



サンプル・グループ間の
遺伝子発現量変動を比較



遺伝子発現
ネットワーク解析
(追加オプション)



©2019 GENEWIZ Inc. 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。記載の内容は、2019年10月現在のものです。

日本ジーンウィズ株式会社

取扱店・代理店 記入欄

〒333-0844 埼玉県川口市上青木3-12-18
埼玉県産業技術総合センター 508号室(オフィス)・553号室(ラボ)
電話: 048-483-4980 Eメール: NGS.Japan@genewiz.com

NGS009CA-R0-1911TC