

RNAシーケンス(RNA-seq)解析

研究検査

2026年6月現在

- 網羅的遺伝子発現解析 -

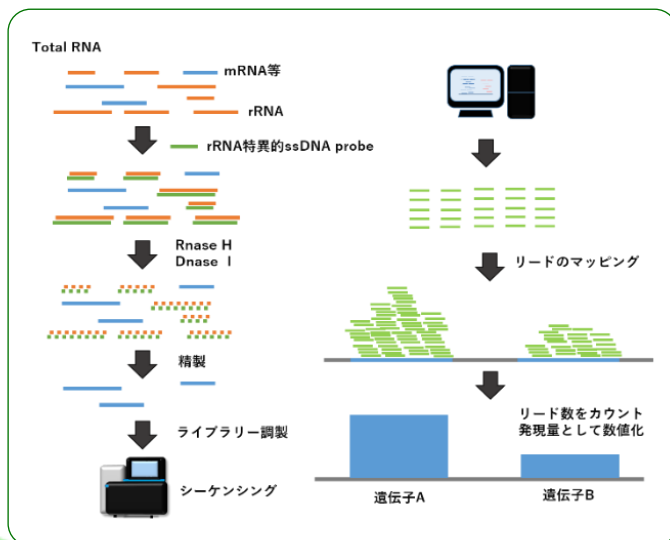
検査概要

材 料	ヒト、マウス、ラットなど哺乳動物の細胞、組織、血球、抽出済total RNAなど ※そのほかのサンプルについてはお問い合わせください
必 要 量	Total RNA：300 ng以上（濃度 20 ng/μL以上、液量 15 μL以上） 培養細胞：5×10 ⁵ 個以上 組織：10 mg程度 ※軟骨組織、脂肪組織などRNA量が少ない組織はご相談ください
シ ー ケ ン ス 条 件	シーケンサー：Next Seq 500 (PE 2×36) ※ご相談により変更可能です ライブラリー：NEBNext Ultra II Directional RNA Library Prep Kit データ量：2000万リード相当/検体
解 析 内 容	●Fastqデータ変換 ●リードマッピング ●発現量算出 ●主成分分析 ●ヒートマップ作成と階層的クラスタリング ●発現変動遺伝子の選定 ●ジーンエンリッチメント解析 ※ 解析目的に応じて、メタデータを統合させた主成分分析やヒートマップ作成、GSEA解析にも対応します
納 品 物	解析レポート、USBメモリまたはクラウドダウンロード (FASTQ file, BAM file, CLC file, 各遺伝子定量値など各解析データ)
納 期	検体受領後 2カ月程度 ※納期は状況により変動することがあります

原 理

RNA-seqとは、次世代シーケンサーを用いた遺伝子発現を網羅的に解析する技術です。サンプル間での遺伝子発現レベルを比較することで特異的に変動する遺伝子を同定し、変化した機能を推定します。

- ✓ NEBNext rRNA Depletion Kit(NEB Inc.)を用いてtotal RNAからrRNAを選択的に除去します。分解の見られるRNAでも解析可能であることが特徴です。
- ✓ 次世代シーケンサーから得られた生データはCLC Genomics Workbench (QIAGEN Inc.)統合配列解析ソフトウェアを用いて解析を行い、各遺伝子の発現量を数値化します。



特徴

RNA抽出からデータ解析まで全てサポート

RNA抽出から実施しております。またデータの解析までしっかりサポートいたしますので、サンプルだけ準備いただければ後はお任せください。

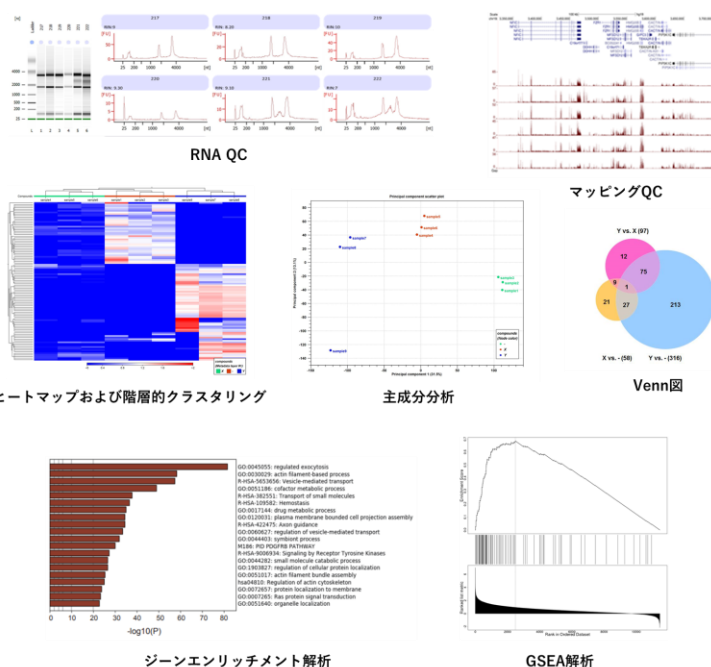
打合せやデータの説明もしっかり実施

ご要望に応じてサンプル数の相談や解析内容のご説明など、事前に打合せをいたします。
また結果報告時にはWebミーティングを実施し、データの見方について説明をいたします。

解析内容

- ✓ Fastqデータ生成
- ✓ リードマッピング
- ✓ Total count, CPM, TPM値の算出
- ✓ 主成分分析
- ✓ ヒートマップ作成と階層的クラスタリング
- ✓ 発現変動遺伝子の選定
- ✓ ジーンエンリッチメント解析

※ 解析目的に応じて、メタデータを統合させた主成分分析やヒートマップ作成、GSEA解析にも対応します



解析施設について

本解析のシーケンス作業はつくば i-Laboratoryまたは内容に応じて弊社提携先施設にて実施いたします。

つくば i-Laboratoryは国立大学法人筑波大学附属病院と株式会社LSIメディエンスとの協業・連携のもと、臨床検査技師会、地域関連団体の協力を得て臨床検査分野の教育・研究・診療の支援サービスを提供しています。



お問い合わせ



〒819-0388

福岡県福岡市西区九大新町4-1
九州プロサーチ有限責任事業組合
<https://kpsl.jp/>