



いよいよ

## セルイノベーターが RNAseqによる発現解析サービスを開始します (ヒト・マウス・ラット限定)

★ お預かりしたサンプルのQC→シーケンス→データ解析を全て自社（国内）で実施します。

### ☆ 1レーン 買い切りサービス

**600,000 円（税抜き）**

- ・最大サンプル数 16サンプル（生物種は2種類まで）
- ・トータルデータ量

150b pair end read 82.5G base

\* RNA抽出からマッピング、リードカウントまで含まれます。

\* +**110,000円**で発現比較解析（比較数は制限なし）の対応可能です。

☆ **1サンプルあたりも 70,000円**（150b pair end read, 6G base）

ヒト・マウス・ラット  
以外の生物種をご希望  
の際はご相談ください

### 受託解析の流れ

#### 実験計画

・実験の目的、ご予算に応じた解析をご提案いたします。タイムポイント、薬剤処理実験のdoseなどもご相談下さい。

#### サンプルお預かり・解析

・QC後ライブラリー調製、シーケンスを行います。  
・データの前処理、配列データのマッピング、リードカウントを行います。

\* オプションでRNA抽出にも対応可能です

#### データマイニング (オプション)

・オプションで発現変動解析、変動遺伝子のパスウェイ解析、クラスタリング解析、GO解析等に対応します  
・データの追加解析、論文用の作図・Materials & Methods の作成等にも対応可能です

#### 納品

・結果を分かりやすくご説明、解析ツールのご紹介や解析法のご相談にも対応いたします

#### 納品後のサポート

納品後もサポートは継続します

### ご相談ください！

n数を増やしたいけど予算が！

・・・DNBSEQでn=3の解析を無理なく

納期がかかりすぎて発表に間に合わない！

・・・一貫解析で研究をスピードアップ

データの見方が分からなかったらどうしよう

・・・納品時には結果の説明をします。  
アフターサポート対応も可能です  
(データは5年間保管します)

### 株式会社セルイノベーター

812-8582 福岡市東区馬出3-1-1

九州大学 九州大学 コラボ・ステーション I  
共同実験室 4-1

株式会社セルイノベーター九州大学内ラボ

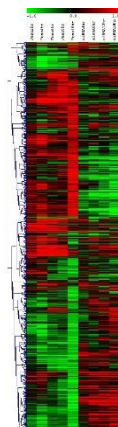
TEL : 092-986-5427

<http://www.cell-innovator.com/jp/>

Mail: [contact@cell-innovator.com](mailto:contact@cell-innovator.com)

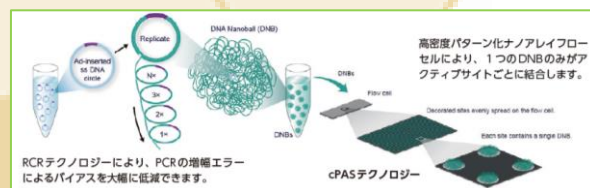
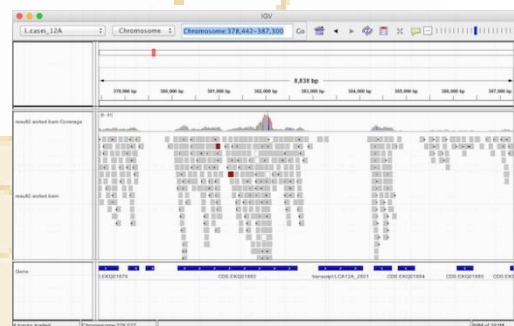
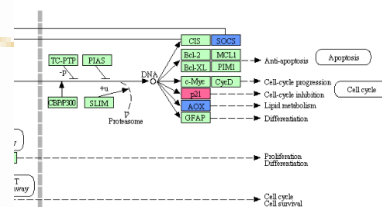
# サービス概要

|       |                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            |
|-------|----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 価 格   | 70,000円/sample                                                                                                                                                                                                                                                                                                             |
| データ量  | 150b pair end read, 6G base (40Mリード)                                                                                                                                                                                                                                                                                       |
| 納 期   | 6~8週間                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      |
| 作業内容  | <ul style="list-style-type: none"> <li>・お預かりサンプルのQC</li> <li>・rRNA除去とシークエンスライブラリー作成</li> <li>・シークエンス解析 (DNBSEQ-G400RS FAST使用)</li> <li>・FastQCによるデータQCとtrimmomaticによるデータのクリーニング</li> <li>・bowtie2 およびRSEM によるマッピングと、リードカウント(CPMの算出)</li> </ul>                                                                             |
| サンプル  | <ul style="list-style-type: none"> <li>・ヒト・マウス・ラット由来</li> <li>Total RNA 1 ug以上 (濃度&gt;50 ng/ul)</li> <li>A260/A280 1.8~2.0</li> <li>RIN値 7.0以上</li> <li>28s/18s 2.0以上</li> <li>* 1 ug以上のサンプル調製が難しい場合はご相談下さい。</li> <li>* polyA selectionをご希望の場合はtotal RNA 2 ug以上ご用意ください。</li> <li>* ヒト・マウス・ラット以外の生物種の解析はご相談ください。</li> </ul> |
| 基本納品物 | <ul style="list-style-type: none"> <li>・マッピングデータ (.bam file)*</li> <li>・リードカウント結果</li> <li>・作業報告書</li> </ul> <p>*bam fileはダウンロード納品が基本ですが、サンプル数によってはHDD納品 (有償) となります。またFASTファイルをご希望の場合はご相談ください。</p>                                                                                                                         |



## オプションサービス

| 項 目    | 内 容                                                                              | 価 格                             |
|--------|----------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------|
| RNA抽出  | 様々な検体からのRNA抽出を行います。残ったRNAは返却可能です。                                                | 5,000円/sample                   |
| 発現比較解析 | edgeRによる発現変動遺伝子を検出<br><br>パスウェイ解析、GO解析が可能なデータベースのご紹介をします。Heatmap作成、データの抽出等を含みます。 | 1比較50,000円<br>追加1比較ごと + 10,000円 |
| 変異解析   | 発現遺伝子の配列を元にしたvariant解析                                                           | 50,000円/sample                  |



ご紹介している解析は実施可能な解析の一部です。  
その他の解析についてもお気軽にご相談ください。  
データ解析のみのご依頼も対応しております。

セルイノベーターは、MGI社のDNBSEQによる高品質、低価格のシーケンシングを使用しています。DNA nanoballを利用したDNBSEQ™テクノロジーにより鋳型のPCR増幅時に生じるamplification error, index hopping, 等のトラブルを回避し、高精度のシークエンスを実現しています。