SBI System Biosciences

Web ページ番号 46017 検索

エクソソーム RNA の次世代シークエンス解析サービス

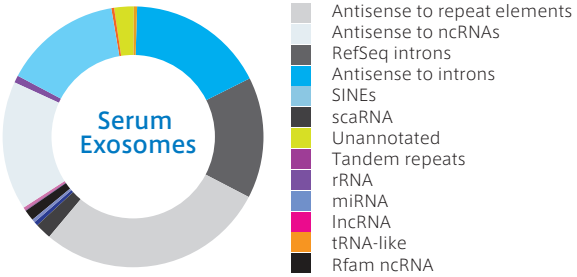
Exo-NGS〈Exosomal RNA Sequencing Service〉

Illumina 社の次世代シークエンサー（MiSeq / HiSeq）を利用し，エクソソーム RNA 関連バイオマーカーの同定を行う受託サービスです。

特　長

- 血清，尿などに含まれる新規エクソソーム RNA の同定，モデル細胞システムや動物体液に含まれるエクソソーム中のバイオマーカー存在分布などの分析を，迅速に行います。
- 本サービスにより得られたデータは，クラウドベースの UCSC Genome Browser でご覧いただけます。
- 試料を送付していただくだけで，解析まで完了したデータを納品いたします。

解析データ例



お客様にご提供いただく試料の目安

試　料	必要量
血清	500 µl～1 ml
血漿	
腹水	

試　料	必要量
尿	5 ml～10 ml
脳脊髄液（CSF）	
細胞培養液（無血清）	

※上記以外の試料については，お問い合わせ下さい。

サービスのワークフロー

1. 解析したい試料を SBI 社へお送り下さい

Send your sample

2. SBI 社が解析を行いデータを納品します

- Isolate exosomes
- Purify small RNAs
- Build and QC the library
- Perform NGS
- QC the reads
- Deliver data

ご注文方法／価格

詳細は当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。
［メーカー：SBI］

株式会社 DNAチップ研究所

Web ページ番号 64721 検索

miRNA-Seq 解析受託サービス（ヒト／マウス）

遺伝子発現に大きく影響を与えることが知られている miRNA，および生殖細胞におけるトランスポゾン抑制に関わる piRNA を，次世代シークエンサーにより網羅的に解析します。エクソソーム分画の解析も可能です。

解析の流れ

1. 試料の品質チェック
2. シークエンス用ライブラリー作製
3. NextSeq によるシークエンス
4. バイオインフォマティクス解析
   - miRNA のリードカウントおよび正規化
   - small RNA の分類
   - 階層的クラスタリング＆主成分分析（PCA）*1
   - Fold Change（および t 検定*2）による発現変動遺伝子抽出
   - 標的遺伝子予測（オプション）
   - 予測された標的遺伝子の GO 解析／Pathway 解析（オプション）

＊1 6 検体以上で実施
＊2 t 検定は n=3 以上の場合に実施

必要試料量について

- total RNA：10 µl 以上

RNA 量	濃　度	$OD_{260/280}$	RIN 値
1 µg 以上	100 ng/µl 以上	1.5 以上	8 以上

- smallRNA：10 µl 以上
- 血清／血漿：2 ml

※試料の QC に使用するため，ライブラリー作製のインプット（1 ng～500 ng）以上の RNA 量が必要です。
※TE バッファーなどの EDTA を含むバッファーに溶解した場合，データが取得できない可能性があります。
※試料は Nuclease Free Water に溶解し，冷凍便でご送付下さい。
※試料量が規定に満たない場合はご相談下さい。

ご注文方法／価格

詳細は当社受託・特注品担当までお問い合わせ下さい。
［メーカー：DNA］

受託　TEL 03-5684-1645　FAX 03-5684-6539　jutaku@funakoshi.co.jp

価格・内容は発刊日現在です
掲載品はすべて研究用です