

HSS の mRNA 発現解析



次世代・アレイ

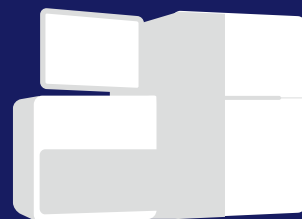
マイクロアレイと次世代シーケンスで迷ったら…



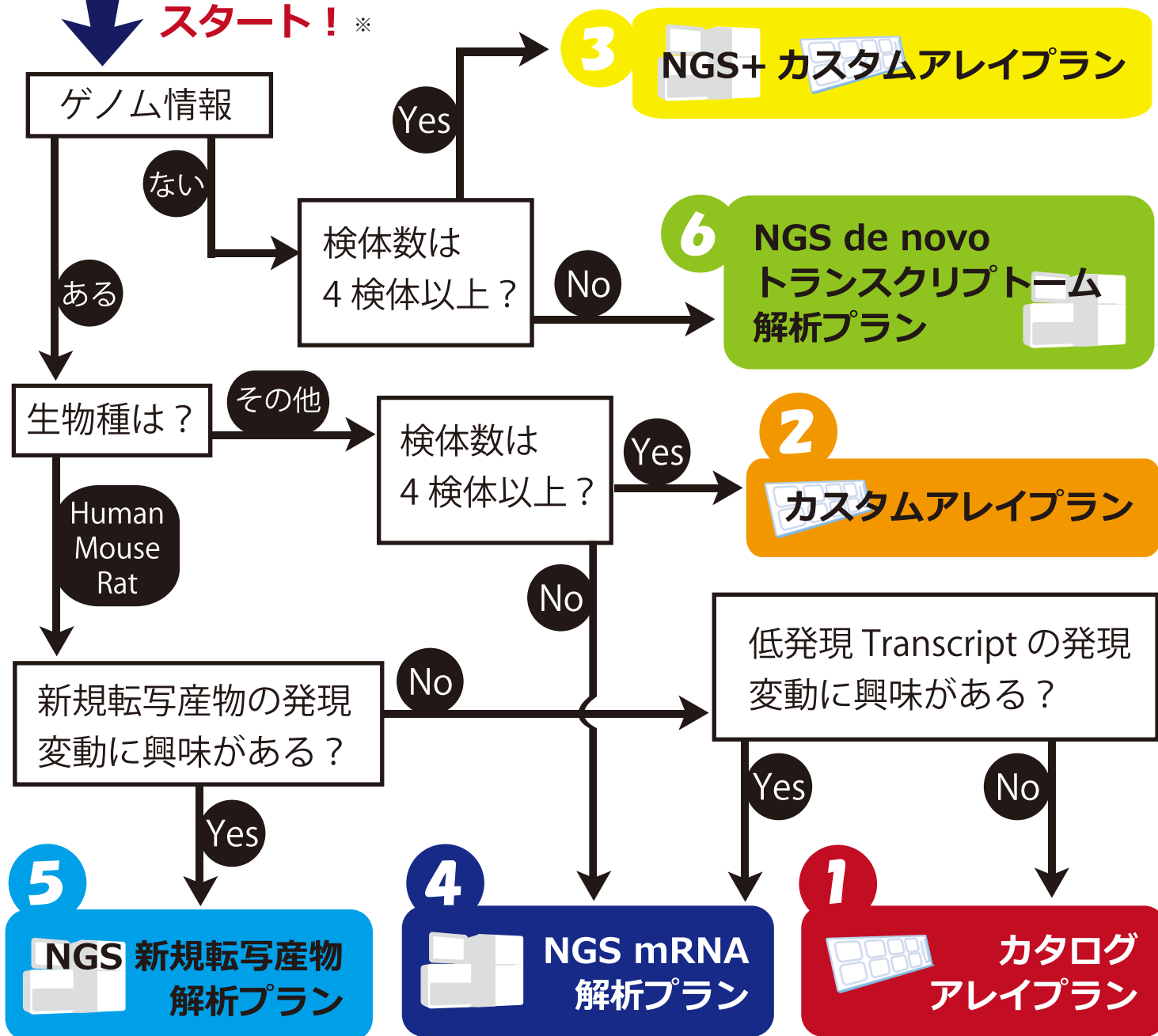
Microarray ?



次世代シーケンス (NGS) ?



スタート! ※



※ 上記各プランは真核生物を対象として設定しております。原核生物については別途裏面のお問い合わせ先までご相談ください。

プラン詳細は裏面へ →→

→ **Next STEP !**

発現解析の後は、メタボローム解析!! 1 検体あたり ¥200,000 ~ (税別)

※ 詳細はお問い合わせください。



北海道システム・サイエンス株式会社

→→ 表面の Yes/No チャートで適切なプランを診断致します ※1

1 カタログアレイプラン

Agilent 社のマイクロアレイを使用し既知遺伝子の網羅的な発現比較解析を実施します。低コストかつ納期が早い
ため、お急ぎの場合にお勧めです。

費用概算（1検体あたり）※2： ¥100,000（税別）

納期：4週間～

Human・Mouse ならあいのり解析も可！

* あいのり解析の場合、納期は弊社スケジュールとなります。
お急ぎの場合は別途お問い合わせください。

その他生物種のカタログアレイもございます。

→ 弊社HPをご確認ください！

* スライドが受注製造となるため、納期は
3ヶ月～（スライド作成 6~8週間+解析 4週間）となります。

ラベル・ハイブリダイゼーション・スキャン

既存遺伝子発現量数値化、検体間比較

2 カスタムアレイプラン

公共データベース若しくはお手持ちの Transcript 情報から
カスタムアレイを作成し発現比較解析を行います。

アレイ解析なら NGS よりも低コストで比較解析を実施する
ことが可能！多検体の場合にお勧めです。

費用概算（1検体あたり）※2： ¥137,500（税別）

納期：3ヶ月～（スライド作成 6~8週間+解析 4週間）

カスタムアレイ プロローブデザイン

ラベル・ハイブリダイゼーション・スキャン

既存遺伝子発現量数値化、検体間比較

3 NGS+ カスタムアレイプラン

NGS 解析にて構築した推定 Transcript 配列からカスタム
アレイをデザインし、発現解析を行います。アレイ解析
なら NGS よりも低コストで比較解析を実施することが
可能！多検体（レプリケート）の場合にお勧めです。

費用概算（1検体あたり）※2： ¥204,400（税別）

納期：5ヶ月～（NGS RNA-Seq 2.5ヶ月

+スライド作成 6~8週間+アレイ解析 3週間）

NGS RNA-Seq（ライブラリ調製、シーケンス取得）※1 サンプル分のみ

1 サンプル分の取得リードを使用しアセンブル

→ 推定 Transcript 配列の取得

→ カスタムアレイ プロローブデザイン

ラベル・ハイブリダイゼーション・スキャン

発現量数値化、検体間比較

※1 各プランは真核生物を対象として設定しております。原核生物の場合はお問い合わせください。

※2 各プランの費用概算は4検体解析時の1検体あたりの価格となります。（10円単位は切り上げにて算出しております。）

価格は解析実施時期により変更する場合がございます。詳細情報をご希望の場合はお問い合わせください。

4 NGS mRNA 解析プラン

NGS RNA-Seq で読まれたリードを参照ゲノム配列にマッピングし、各遺伝子領域にマッピングされたリードの本数に基づき
発現プロファイルを決定します。取得リード数を増やすことで
アレイでは検出できない低発現 Transcript の解析が可能です。

費用概算（1検体あたり）※2： ¥267,500（税別）

納期：3ヶ月～

NGS RNA-Seq（ライブラリ調製、シーケンス取得）

参照ゲノム配列へのマッピング

既存遺伝子発現量数値化・検体間比較

5 NGS 新規転写産物解析プラン

NGS RNA-Seq にてシーケンスデータを取得し、マッピング
結果からゲノム上の転写領域を推定することで、データベー
スに登録されていない新規転写物領域候補を探索します。
アレイではできない新規転写産物の発現変動解析が可能です。

費用概算（1検体あたり）※2： ¥317,500（税別）

納期：3ヶ月～

NGS RNA-Seq（ライブラリ調製、シーケンス取得）

参照ゲノム配列へのマッピング

→ 新規転写産物領域の推定

既存+新規遺伝子発現量数値化、検体間比較

6 NGS de novo トランスクリプトーム 解析プラン

非モデル生物等ゲノム情報がない場合には、NGS RNA-Seq にて
取得したリードをアセンブルしてゲノムの代わりとなる推定
Transcript 配列を取得します。各検体の取得リードを推定
Transcript 配列に対しマッピングすることで発現比較解析が可
能です。

費用概算（1検体あたり）※2： ¥330,000（税別）

納期：3ヶ月～

NGS RNA-Seq（ライブラリ調製、シーケンス取得）

全サンプルの取得リード使用しアセンブル

→ 推定 Transcript 配列の取得

各検体のリードを推定 Transcript 配列へマッピング

発現量数値化、検体間比較

お問い合わせ先



北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 札幌市北区新川西2条1丁目2-1

※ 本サービスの仕様は、予告なく変更する場合がございます。

☎ 0120-613-190

TEL:011-768-5903 FAX:011-768-5951

Email: hss-ngs@hssnet.co.jp array@hssnet.co.jp

URL: http://www.hssnet.co.jp