

DNBSEQ™ による 長鎖ノンコーディングRNAシーケンス解析

BGI

サービス概要

長鎖ノンコーディングRNA (lncRNA) は、長さが200塩基以上を持ち、かつタンパク質をコードしないRNAを指します。ヒトの場合、lncRNAは約3万種類の転写産物を含むと考えられ、ノンコーディング転写産物の主要部分を占めています。lncRNAの発見はまだ新規領域であり、これまで、lncRNAのごく一部しか研究されていません。lncRNAを機能によって分類することは可能ですが、新しいlncRNAの機能を予測することはまだ困難です。

サービス内容

BGIでは、lncRNAの機能を研究する方法の一つとして、発現プロファイリング解析を提供しています。発達または特定の生体プロセスにおいて、差次的に発現するlncRNAを同定することで、その潜在的な機能を明らかにすることができます。また、発現が相関しているlncRNAとタンパク質コード遺伝子を探索することで、共調節や関連機能を示すことができます。

サービス仕様

BGIの長鎖ノンコーディングRNAシーケンス解析サービスは、DNBSEQ™プラットフォームで実行され、優れたデータ品質を低コストかつ短納期で実現します。



- PE100
- rRNAを除去したストランド特異的ライブラリー
- シーケンシングデータとバイオインフォマティクス解析は標準ファイル形式 (FastQ) でご提供
- Dr.Tom システムによる高度なRNA データ可視化とデータマイニング



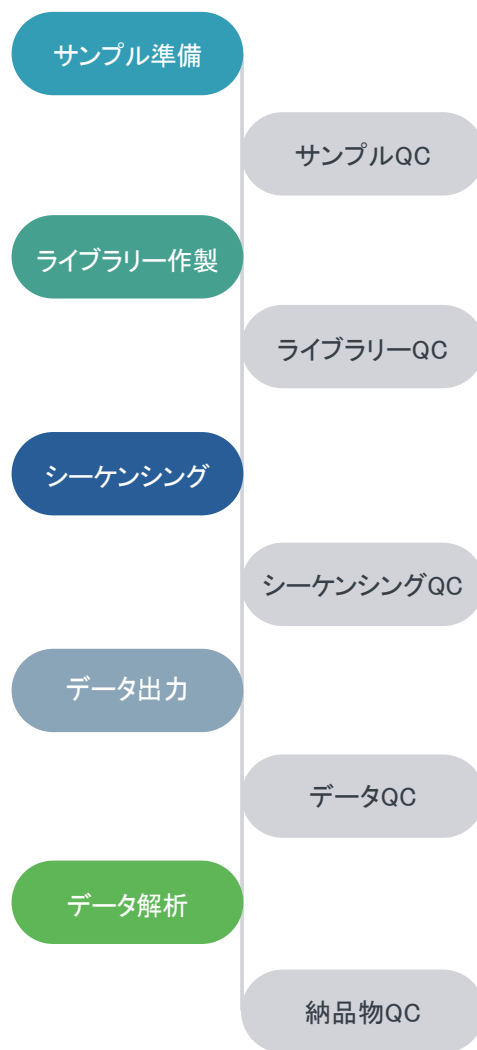
- クオリティスコア Q30 ≥ 80%



- QC合格から約5~6週間納品
- ラポートサービスが提供可能

ワークフロー

検体のQCからデータ解析・納品まで、BGIは責任を持って行います。今まで蓄積した様々な技術やノウハウを生かし、高いクオリティのデータをお客様にお届けします。



高品質 短納期 低コスト



データ解析

お客様のプロジェクトに合わせたバイオインフォマティクス解析をカスタマイズすることができます。お気軽にお問い合わせください。
標準ファイル形式で納品: FASTQ、BAM、Excel

標準データ解析

- mRNAおよびLncRNAの同定
- 定量化および差次的発現遺伝子(DEGs)の解析
- GO解析およびパスウェイエンリッチメント(pathway enrichment)解析

DR.TOMシステム分析

- 転写因子予測(AnimalTFDB/PlantTFDB)
- GSEA解析
- Rfam、Pfam、Reactome、COG、EggNOGおよびInterProのアノテーション
- miRNAとmRNAの相互作用、lncRNAとmRNAの相互作用の解析
- タンパク質間相互作用(PPI)解析
- 共発現相互作用ネットワーク解析
- カスタムデータセットテーブルのアップロード

サンプル要件

様々な生物種のトータルRNA、血液、細胞株、FFPE、新鮮凍結組織のサンプルを以下の条件で処理することができます。
一般的な要件:

純度: OD260/280 \geq 2.0、OD260/230 \geq 2.0、分解およびDNAの混入がないこと。

生物種	RNAの量と濃度	定量的結果
ヒト、マウス、ラット	Total RNA \geq 200ng	RIN \geq 7.0
	濃度 \geq 20ng/ μ L	28S/18S \geq 1.0

詳細については下記までお問い合わせください！

BGI JAPAN 株式会社 〒650-0047 兵庫県神戸市中央区港島南町1- 5-2 神戸キメックセンタービル8F

Tel: 078-599-6108 Fax: 078-599-6109 E-mail: bjgijapan@genomics.cn Web: <https://www.bgi.com/jp/>

本サービスは診療・診断など、研究目的以外に利用できません。(特に明記されない限り)。

Copyright©BGI2022.この資料で使用されているすべて商標の権利は、BGIまたはそれぞれの権利の所有者に帰属します。掲載されている内容には、幅広い対象者を対象としたサービスまたは製品に関する情報が含まれております。製品の詳細や、他の方法ではアクセスできない、またはお住まいの国では有効でない情報が含まれている可能性があります。お客様の出身国の法的手続き、規制、登録、使用方法に準拠していない可能性のある情報にアクセスする場合、当社一切の責任を負わないものとします。DNBSEQ™プラットフォームに基づく受託サービスは米国および英国以外のBGIラボで実行されます。BGIは最終的な解釈の権利を留保します。



BGI Genomics



BGI Genomics



We Sequence, You Discover