

臨床検体・特殊なサンプルも柔軟に対応！

Rhelixa

Decoding Life, Creating Future

RH-AUCP-2609

RNA-seq オール★スター 特別キャンペーン！！

★2026年11月末ご発注分迄★

メニュー	受入サンプル	標準 データ量	検体到着から 参考納期	キャンペーン価格 fastq 納品 税抜/1検体	サンプル推奨要件
真核生物 RNA-seq polyA 選択法, Strand-specific	total RNA	6Gb (150PE) 40.0M reads	4~6 週	23,000	総量 1 μ g 以上, 濃度 50ng/ μ L 以上, 液量 20 μ L 以上
真核生物 微量 RNA-seq polyA 選択法, non-stranded	total RNA	6Gb (150PE) 40.0M reads	5~7 週	40,000	総量 10ng 以上, 濃度 1ng/ μ L 以上, 液量 10 μ L 以上
真核生物 RNA-seq rRNA 除去法, Strand-specific	total RNA	6Gb (150PE) 40.0M reads	5~7 週	40,000	総量 1 μ g 以上, 濃度 50ng/ μ L 以上, 液量 20 μ L 以上
真核生物 微量 RNA-seq rRNA 除去法, Strand-specific	total RNA	6Gb (150PE) 40.0M reads	5~7 週	55,000	総量 10ng 以上, 濃度 1ng/ μ L 以上, 液量 10 μ L 以上
真核生物 RNA-seq 分解・FFPE RNA プラン	total RNA	9Gb (150PE) 60.0M reads	5~7 週	60,000	総量 300ng 以上, 濃度 10ng/ μ L 以上, 液量 20 μ L 以上
真核生物 RNA-seq グロビン除去 + rRNA 除去法	total RNA (全血由来)	6Gb (150PE) 40.0M reads	5~7 週	50,000	総量 1 μ g 以上, 濃度 50ng/ μ L 以上, 液量 20 μ L 以上
原核生物 RNA-seq rRNA 除去法, Strand-specific	total RNA	1Gb (150PE) 6.7M reads	5~7 週	30,000	総量 1 μ g 以上, 濃度 50ng/ μ L 以上, 液量 20 μ L 以上
真核生物 微量 RNA-seq polyA 選択法, non-stranded 細胞受入プラン	細胞	6Gb (150PE) 40.0M reads	5~7 週	45,000	細胞数:1 サンプル (チューブ 1 本) あたり 400 細胞, 最大 1000 細胞
真核生物 微量 RNA-seq rRNA 除去法, Strand-specific 細胞受入プラン	細胞	6Gb (150PE) 40.0M reads	5~7 週	60,000	細胞数:1 サンプル (チューブ 1 本) あたり 400 細胞, 最大 1000 細胞
Small RNA-seq ※NEB 試薬を使用	total RNA or エクソソーム RNA	10.0M reads	5~7 週	50,000	total RNA : 総量 1 μ g 以上, 濃度 50ng/ μ L 以上, 液量 20 μ L 以上 exosomal RNA : 総量 20ng 以上, 液量 20 μ L 以上

バイオインフォマティクスも柔軟に対応
裏面 をご確認ください。

裏面に詳細

バイオインフォマティクス解析もお任せください！！



技術カウンセリング



図版付き基本解析



カスタム高次解析

**Ph.D. 15 名在籍。基本解析からオーダーメイドの高次解析 / 統合解析まで
Wet と Dry 双方に精通した研究チームが柔軟にサポートいたします。**

基本解析仕様

ベーシック解析

1. データ QC
2. リードクリーニング
3. マッピング
4. リードカウント
5. TPM 値の算出
6. サンプル間の相関分析
7. 主成分分析 (PCA)
8. 階層的クラスタリング
9. ヒートマップ描画

DEG 解析

スタンダード解析

弊社の Differentially Expressed Gene 解析 (=DEG 解析, 発現変動遺伝子解析) では、2 群間において有意に発現変動している遺伝子を抽出し、変動値とその p 値、q 値を算出します。また、得られた結果を用いてヒートマップ、動的な MA plot, Volcano plot を描画し、遺伝子発現変動の全体像やその統計的な優位性を様々な角度から俯瞰的に掴むことができます。

GO 解析

スタンダード解析

Gene Ontology エンリッチメント解析では、2 群間において有意に発現変動している遺伝子において特定の機能が濃縮(enrich)されているかを統計的に評価します。解析結果は棒グラフや GO term、階層図だけでなく、発現上昇 / 発現減少遺伝子群両方で検出された GO term について、上昇と減少のどちらに偏りがあるかを確認できる Bubble Plot も納品します。

KEGG パスウェイ解析

スタンダード解析

KEGG パスウェイ解析では、2 群間で有意に発現変動している遺伝子群において、濃縮されている KEGG パスウェイを統計的に評価します。統計解析結果を示すテーブルデータ・グラフに加え、発現変動遺伝子を色付けしたパスウェイマップのリストを納品します。

GSEA 解析

スタンダード解析

GSEA 解析では、全遺伝子を群間の発現変動順に並び替え、どのような機能をもつ遺伝子がランキングの上位・下位に偏っているのかを評価します。個々の遺伝子の有意差に頼らないため、緩やかな変動傾向も捉えることができます。解析結果を示すテーブルデータに加え、ランキング内での偏りを直感的に把握できる、エンリッチメントスコアの図を作成します。

融合遺伝子解析

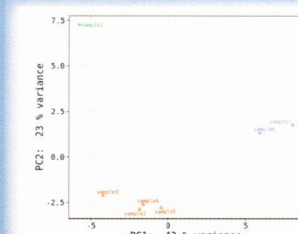
スタンダード解析

取得したペアエンドのシーケンスリードのマッピング位置の情報に基づき、染色体の挿入・逆位・転座などの組換えにより生じる融合遺伝子を網羅的に検出します。検出した融合遺伝子をリストアップしたテーブルデータと、位置情報とドメインを視覚的に確認することができる図版を納品します。

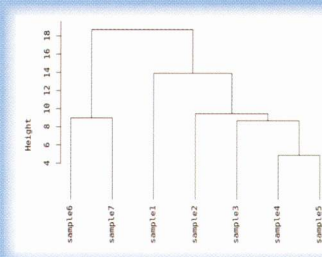
データ解析例



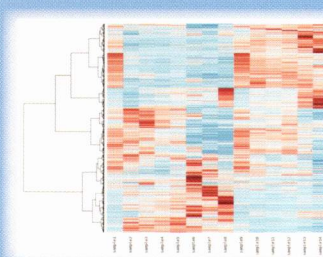
6. 相関分析



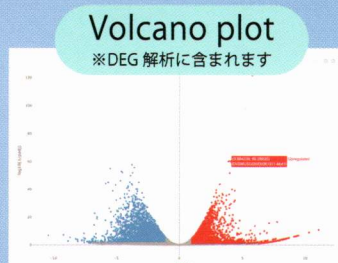
7. 主成分分析



8. 階層的クラスタリング

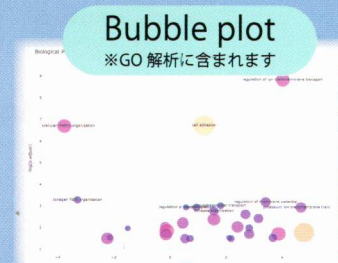


9. ヒートマップ描画



Volcano plot

※DEG 解析に含まれます



Bubble plot

※GO 解析に含まれます

サンプル推奨要件

サンプル要件は右記 QR コードからご確認ください。



サンプルの発送先

〒104-0042 東京都中央区入船 3-7-2 KDX 銀座イーストビル 5F
TEL : 03-6272-3115 株式会社 Rhelixa 研究支援事業本部宛て

販売店

株式会社 Rhelixa (レリクサ)

〒104-0042 東京都中央区入船 3-7-2
KDX 銀座イーストビル 5F
TEL : 03-6272-3115
Email : sales-support@rhelixa.com
Web : <https://rhelixa.com/>