

年度未限定!  
受託で  
研究サポート  
1サンプル36,800円

# RNA-Seq データパッケージ キャンペーン

キャンペーン期間 2024年10月1日～2025年3月31日受注分まで適用

サンプル  
QC

ライブラリー  
調製

RNA  
シーケンス

データ  
解析

データ納品  
(ダウンロード)

サンプルQC～データ納品まで全部まとめて

**¥36,800 / サンプル**

#### サービス内容

- ライブラリー調製: illumina TruSeq Stranded mRNA Library Prep Kit
- シーケンシング: illumina NovaSeq X
- リード形式: 150 PE
- データ量: 6 Gb (4000 万リード) / サンプル
- データ納品: データダウンロード方式

#### データ解析メニュー

Mapping + Expression profile + DEG (比較 10 パターンまで)

\*生物種の指定はありません

ヒトリファレンス / GRCh38 (NCBI\_109.20200522)

マウスリファレンス / mm10 (NCBI\_108)

ラットリファレンス / RN6

\*ヒト、マウス、ラット以外の生物種の場合、NCBI 登録情報などリファレンス情報をご提示ください。



キャンペーン専用型番

キャンペーン価格 (税抜)

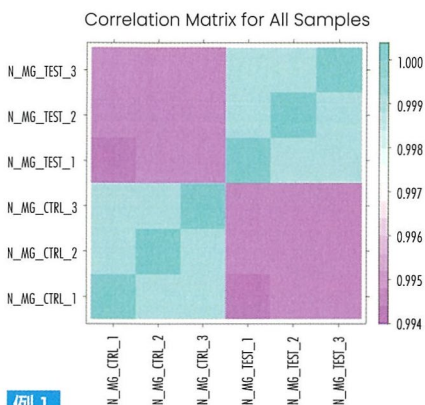
RNA-Seq+データ解析 お任せパッケージ

MG-PROM1

**¥36,800 / サンプル**

## 各サンプルの相関関係の把握

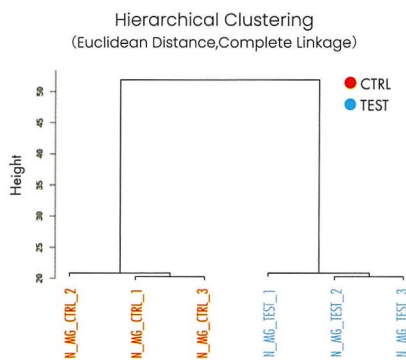
各サンプルの相関関係を複数の図表で表しています。



例 1

### Correlation Matrix for All Samples

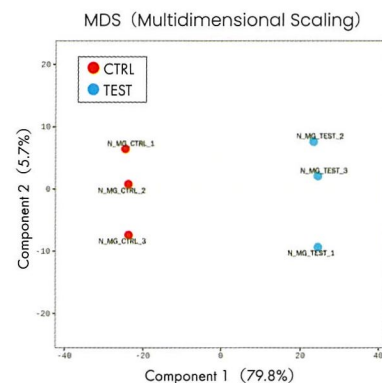
サンプルデータごとにピアソンの積率相関係数をとり、ヒートマップ化しています。



例 2

### Hierarchical Clustering Analysis

サンプルデータごとのノーマライズ値を元に、発現の類似性を階層的に表しています。



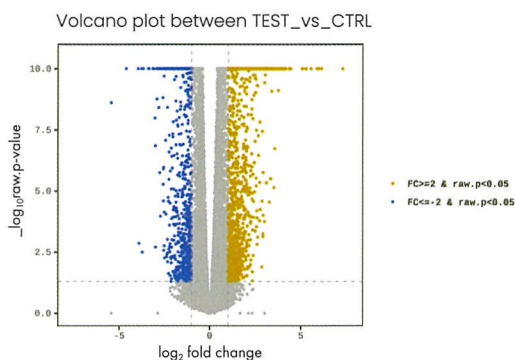
例 3

### Multidimensional Scaling Analysis

二次元プロットにより、発現量のばらつきとサンプルとの相関を表しています。

## 発現変動遺伝子の分布状況の確認

$|FC| \geq 2$ かつ $p$ 値 $< 0.05$ の遺伝子に対して各種Plotを作成しています。

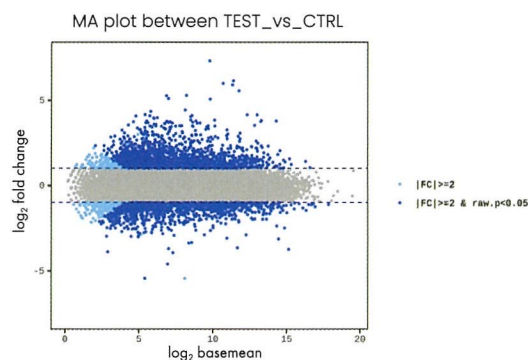


例 4

### Volcano Plot between TEST vs CTRL

縦軸を $p$ 値の対数、横軸をFC値の対数として分布図化することで、 $|FC| \geq 2$ かつ $p$ 値 $< 0.05$ の遺伝子の(青色(-),黄色(+))の分布を表しています。

※ $n \geq 2$ の際に作成されます。



例 5

### MA Plot between TEST vs CTRL

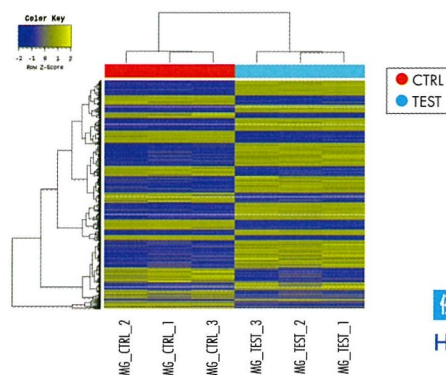
縦軸をFC値の対数、横軸を発現量の相乗平均として分布図化することで、 $|FC| \geq 2$ かつ $p$ 値 $< 0.05$ の遺伝子の(水色、青色)の分布を表しています。

※解析結果によっては $|FC| \geq 2$ が条件でない場合もございます。

## Heatmap Analysis

$|FC| \geq 2$ かつ $p$ 値 $< 0.05$ の遺伝子に対してあわせてノーマライズしたすべてのサンプル及び各比較パターンごとにHeatmapを作成しています。

Heat map of the one-way Hierarchical Clustering using Z-score for normalized value (log2 based) (2,743 genes satisfying with fc2 & raw.p)



例 6

### Heatmap



日本ジェネティクス株式会社

〒112-0004 東京都文京区後楽1-4-14 後楽森ビル18階

TEL 03 (3813) 0961 <https://n-genetics.com>

FAX 03 (3813) 0962 [info@genetics-n.co.jp](mailto:info@genetics-n.co.jp)