

Arraystar次世代シーケンシング受託解析サービス

tRNA-Seq / tRF&tiRNA Seq / MeDIP-Seq

Arraystar社の提供する、non-coding RNA (ncRNA)に焦点を当てた次世代シーケンス受託解析サービスです。Arraystar社は、次世代シーケンステクノロジーにより、tRNA、tRF・tiRNAの解析やLncRNAのプロモーター解析を行います。本サービスには、サンプルの品質管理(Quality control)からデータ解析までの作業が含まれています。

tRNA-Seq受託解析サービス

tRNAは、多様な翻訳後修飾を受けますが、そのアミノアシル化末端及び内部修飾は、tRNA-Seqライブラリー調整時のアダプターライゲーション及び逆転写を阻害します。Arraystar社は、tRNA用に最適化した修飾除去及びsmall RNAシーケンシングを統合させることで、最先端のtRNA-Seq法を開発し、tRNA研究を支援します。

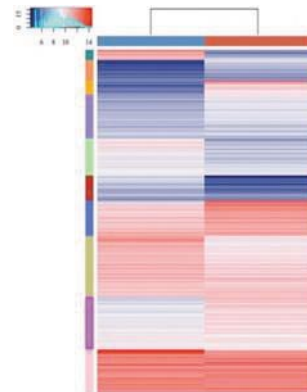
特長

- tRNAの末端及び内部修飾の効率的な除去によるtRNA-Seq精度の向上
- 最適化されたtRNAシーケンス法
- 信頼性の高いデータベースを基とした包括的なtRNAトランスクリプトームリファレンス
- tRNAアノテーション及びバイオフィンフォマティクス解析

サービス内容

[ワークフロー]

1. RNAのQCチェック
2. tRNAの前処理
3. ライブラリー作製及びQCチェック
4. illuminaプラットフォームによるシーケンス
5. データ出力及びバイオフィンフォマティクス解析
6. プロジェクトレポートの作成



tRF&tiRNA-Seq受託解析サービス

tRF及びtiRNAは、tRNAから産生され、small non-coding RNAとして様々な機能を有することから、多くの疾患と関連しています。また、tRFとtiRNAは、RNA干渉において、microRNAとして機能することが知られています。Arraystar社のtRF&tiRNAの次世代シーケンシングサービスは、この新しい分野の研究を支援します。

特長

- 最適化されたtRF&tiRNAシーケンス法
- 正確なアノテーション及び分類システム
- 様々なデータベースから収集したtRF&tiRNA情報
- tRF&tiRNAにフォーカスしたバイオフィンフォマティクス及び統計解析

サービス内容

[ワークフロー]

1. RNAのQCチェック
2. ライブラリー作製及びQCチェック
3. illuminaプラットフォームによるシーケンス
4. データ出力及びバイオフィンフォマティクス解析
5. プロジェクトレポートの作成

SampleA vs SampleB 2 fold change UP-regulated tRNAs						
tRF/tiRNA_Sequence	tRF/tiRNA_Type	Source_tR	tRF/tiRNA_Region	tRF/tiRNA_Length	tRFdb_ID	Counts(TPM)
GGGGGUGUAGUCUAGUGG	RF-5	Aib-AGC-2-1	1-19	19	NA	926,492 425,832 0.46
GGGUUCAUCCCGGACUCCCA	RF-3	Aib-AGC-2-1	50-73	23	3001c	126,492 526,492 4.16

SampleA vs SampleB 2 fold change DOWN-regulated tRNAs						
tRF/tiRNA_Sequence	tRF/tiRNA_Type	Source_tR	tRF/tiRNA_Region	tRF/tiRNA_Length	tRFdb_ID	Counts(TPM)
AGAGCGGUGUCUAGCAUCGACGAGGGGGG	tRF	Aib-AGC-2-1	21-51	30	NA	926,492 425,832 0.46
GGGGGUGUAGUCUAGUGUAGGGGGGUGC	5-Haies	Aib-AGC-2-1	1-31	31	5002c	126,492 526,492 4.16

(h)MeDIP-Seq with LncRNA Promoter受託解析サービス

LncRNAの転写は、タンパク質コード遺伝子の転写よりも、高度に細胞、組織又は疾患特異的な様式で、厳密に制御されています。LncRNA発現の崩壊及び上流の調節メカニズムの背景を理解することは、LncRNA研究の鍵となります。Arraystar社は、mRNA及びLncRNAのプロモーターにおける5mC又は5hmC修飾の解析を行います。

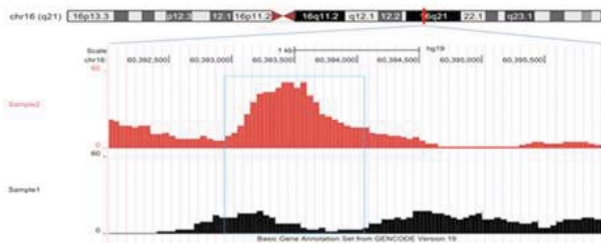
特長

- MeDIP-seq及びLncRNAプロモーターの解析
- タンパク質コードmRNA遺伝子プロモーター解析
- 最適化された(h)MeDIP法

サービス内容

[ワークフロー]

1. ゲノムDNAのQCチェック
2. DNAの断片化
3. (h)MeDIPによる(ヒドロキシ)メチル化DNAの濃縮
4. ライブラリー作製及びQCチェック
5. illuminaプラットフォームによるシーケンス
6. データ出力及びバイオフィンフォマティクス解析
7. プロジェクトレポートの作成



* 本サービスは、Arraystar社で実施します。本サービスに関する製品情報は、Arraystar社web siteより一部引用・改変しています。

納品物 (各サービス共通)

- サンプルQCレポート
- シークエンスデータ
- バイオインフォマティクス解析データ
- プロジェクトレポート
- CLC Genomics Workbench試用ライセンス

* 納品物はプロジェクトに依存して変更される場合があります。予めご了承ください。

サンプル条件

【tRNA-Seq・tRF&tiRNA-Seq】

サンプルタイプ	量		濃度	RIN値	28S:18S rRNA ピークスコア	OD _{260/280}	OD _{260/230}	ゲルイメージ
	推奨量	最小量						
Total RNA	≥5 μg	≥2 μg	≥20 ng/μL	≥7	2:1	>1.8	>1.8	視認可能な28Sおよび18S rRNAバンド; 28S:18S濃度比が~2

1. 電気泳動写真を添付してください。
2. DNase, RNaseフリーの1.5 ml又は2 mlエッペンチューブを使用してください(スクリューキャップ式を推奨いたします)。
3. Total RNAは、RNase-free H₂Oに溶解し、-80°Cで保存してください。
4. DNase処理を行うことを強く推奨いたします。
5. UVスペクトルベースの濃度測定法では、RNA濃度が不正確になる場合がありますので、蛍光ベースの定量法でも確認することを強く推奨いたします (UVスペクトルベースで測定した場合、上記よりも多くのRNAを準備してください)。

【(h)MeDIP-Seq with LncRNA Promoter】

サンプルタイプ	量		濃度	OD _{260/280}	OD _{260/230}	ゲルイメージ
	推奨量	最小量				
ゲノムDNA	≥5 μg	≥2 μg	≥100 ng/μL	>1.8	>1.8	分解のないこと (スミアが認められないこと)

1. 電気泳動写真を添付してください。
2. DNase, RNaseフリーの1.5 ml又は2 mlエッペンチューブを使用してください(スクリューキャップ式を推奨いたします)。
3. ゲノムDNAは、凍結融解を出来る限り避け、4°CでTE buffer又はddH₂Oにて保存してください(長期保存の場合、-20°C又は-80°Cで保存してください)。
4. RNase処理を行い、DNAが分解されていないことを確認してください。
5. UVスペクトルベースの濃度測定法では、ゲノムDNA濃度が不正確になる場合がありますので、蛍光ベースの定量法でも確認することを強く推奨いたします。

* 最終的なサンプルの品質は、弊社提携先でのQCチェックの結果に従います。
* QCチェックにてサンプルの品質が基準に満たなかった場合、今後の対応についてご連絡いたします。

Price

サービス名	対応生物種	サンプル数	税別価格	カタログ#
tRNA-Seq受託解析サービス	Human/ Mouse/ Rat	2サンプル以上	お問い合わせ	F-AS-tRNAseq- (サンプル数)
tRF&tiRNA-Seq受託解析サービス	Human/ Mouse/ Rat	2サンプル以上	お問い合わせ	F-AS-tRF_tiRNAseq- (サンプル数)
MeDIP-Seq with LncRNA Promoter受託解析サービス	Human/ Mouse/ Rat	2サンプル以上	お問い合わせ	F-AS-MeDIP- (サンプル数)
hMeDIP-Seq with LncRNA Promoter受託解析サービス	Human/ Mouse/ Rat	2サンプル以上	お問い合わせ	F-AS-hMeDIP- (サンプル数)

* 掲載されている内容は、予告なく変更される場合がありますこと、予めご了承ください。