**Arraystar**社受託解析サービス　**QC**シート

受託解析サービスをご利用の方は、本QCシートへご記入の上、サンプルと同梱し、ご送付ください。

記入漏れがある場合、解析サービスを行うことができない場合がありますので、あらかじめご注意ください。

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| ご送付日 |  | 年 |  | 月 |  | 日 |

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| ご所属 |  | 代理店名 |  |
| お名前 |  | ご担当者名 |  |
| ご住所 | (〒　　　- 　　　　) | ご住所 | (〒　　　- 　　　　) |
| TEL |  | TEL |  |
| FAX |  | FAX |  |
| e-mail |  | e-mail |  |

【サービスタイプ】　ご希望のサービス内容をチェックしてください。

|  |  |
| --- | --- |
| マイクロアレイ： | lncRNA array　  small RNA array　　 circular RNA array  T-UCR array  piRNA array  Super-enhancer lncRNA array　　 LncPath™ Pathway LncRNA array  m6A Single Nucleotide Array  Epitranscriptomic array（m6Aのみ濃縮法をご選択いただけます:  IP /  GST-YTH ）  （いずれか一つご選択ください:  ｍ6A /  m5C /  m1A /  ac4C /  m7G /  Ψ）  small RNA modification array  （いずれか一つご選択ください:  ｍ6A /  m7G /  o8G /  Ψ /  m5C） |
| 質量分析： | LC-MS tRNA modification analysis　  LC-MS mRNA modification analysis  LC-MS Selected/Isolated RNA Modification Analysis Service |
| シークエンス | tRNA-seq　　 tRF & tiRNA-seq　　 eccDNA-seq  (h)MeDIP-Seq with LncRNA promoter Analysis　　 MeRIP-seq　　 DRIPc-seq |

本シートは2パート（パート1:サンプル情報、パート2:データ解析情報）で構成されており、いずれも解析に必要な情報となりますので必ずご記入ください。本サービスをご依頼いただくにあたり、以下の点についてご注意ください。

1. 過誤や遅延を防ぐ為に、正しい情報をご記入ください。誤情報の記入により生じた問題に対して一切の責任を負うことが出来ません。
2. Arraystar社および弊社は、数回実験を実施できるよう、各サンプルについて十分量ご用意いただく事を強く推奨しています:

1) ご提供いただいたサンプルはご返却していません。将来のバリデーションや他の実験用に、サンプルの一部を保持することを推奨します。

2) ご提供いただいたサンプルの量及び品質は、Arraystar社で実施される品質確認によって決定されます。サンプル品質が合格しなかった場合、追加でサンプルをご提供いただくことをお願いすることがあります。

1. サンプルを入れた容器は、しっかりかつ明瞭にラベリングし、本シートとそのラベルの情報が一致するようにしてください。

なお、ご提供いただくサンプルが複数のArraystar社サービスのプロジェクトで使用される場合、プロジェクト毎に「パート2:データ解析情報」のシートをご用意ください。本シートにご記入いただいたサンプルは1プロジェクトで使用されるとみなされ、データ解析が実施されます。

**パート1：サンプル情報**

【サンプル状態】

|  |  |
| --- | --- |
| 生物種： | Human　　 Mouse　　 Rat　　 その他（学名をご入力ください） |
| サンプルタイプ： | total RNA　　 生物流体/エクソソーム由来RNA　　 RIP-RNA　　 ゲノムDNA  MeDIP/hMeDIP　　 細胞　　 組織　　 FFPE  エクソソーム　　 全血/血清/血漿　　 その他（ご入力ください） |
| サンプル/単離方法 | ・Raw sample Source（例: cultured liver cells, muscle tissue, serum）  ・抽出/単離方法（例: TRIzol, kit name ） |
| サンプル形状： | 乾燥状態　　 溶液内:（組成をご入力ください）  細胞ペレット　　 RNAlater内　　 TRIzol内　　 その他の状態（ご入力ください） |
| 輸送温度： | 常温　　 冷蔵（4℃）　　 冷凍（-20℃/-80℃） |
| 感染性について： | 提供するサンプルに感染性はありません   * お預かりできるサンプルは、BSL2（バイオセーフティーレベル2）までのものに限られます。感染性が著しく高いサンプル（HIVやHCV、HBV等のウイルスに感染していることが確認されている患者由来の検体など）は、お預かりできませんので予めご了承ください。 |
| サンプルについて | 提供するサンプルは軍用目的で生産された生物試料または原料ではありません   * 輸出に関する法令のため、ご提供いただくサンプルが軍用目的でないことを確認する必要がございます。 |

※サンプルに関しては、品質チェック後に品質が基準に満たなかった場合にご連絡させていただきます。お客様の事前の同意があれば、品質の満たないサンプルで解析を実施することは可能ですが、その場合のデータ解析の結果や品質につきましては保証できませんのであらかじめご注意ください。特にtotal RNAのほか、FFPEサンプルなど一般的にRNAの分解がよく生じることが知られているサンプルの場合はご注意ください。

【サンプル情報】　サンプル数が多い場合は別途リストを添付していただいても問題ありません。

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| No. | サンプル名※ | ご提供DNAまたはRNA情報 | | | その他 |
| 濃度（ng/uL） | 液量（uL） | 重量（ng） |
| 1 |  |  |  |  |  |
| 2 |  |  |  |  |  |
| 3 |  |  |  |  |  |
| 4 |  |  |  |  |  |
| 5 |  |  |  |  |  |
| 6 |  |  |  |  |  |
| 7 |  |  |  |  |  |
| 8 |  |  |  |  |  |
| 9 |  |  |  |  |  |
| 10 |  |  |  |  |  |

※サンプル名はチューブラベルと一致するようにご記載ください。また、英数字と記号でご記入ください。

このほか、サンプル処理に役立つと思われる関連情報がございましたらご記載ください。

|  |
| --- |
| ここをクリックしてご入力ください。 |

**パート2：データ解析情報**

表中に記載いただく内容はすべて英数字と記号でご記入ください。本解析は弊社海外業務提携先であるArraystar社で解析を実施いたします。

日本語入力は取得データに反映できません。これにより生じた問題につきましては弊社では一切責任を負うことはできません。

【表A. サンプルグループの構成】

ご提供いただく解析サンプルが生物学的レプリケート等によってグループ化されている場合は、以下の表に構成をご記入ください。

以下の表はレプリケートがn=3で構成されている場合です。コホートの規模が大きな場合はご相談ください。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **グループNo.** | **グループ名** | **サンプル名** |
| 記入例 | Group X | Sample.X1 |
| Sample.X2 |
| Sample.X3 |
| Group Y | Sample.Y1 |
| Sample.Y2 |
| Sample.Y3 |
| 1 | ここをクリックしてご入力ください。 |  |
|  |
|  |
| 2 | ここをクリックしてご入力ください。 |  |
|  |
|  |
| 3 | ここをクリックしてご入力ください。 |  |
|  |
|  |
| 4 | ここをクリックしてご入力ください。 |  |
|  |
|  |
| 5 | ここをクリックしてご入力ください。 |  |
|  |
|  |
| 6 | ここをクリックしてご入力ください。 |  |
|  |
|  |

【表B. 差分分析の際の比較内容】

* (h)MeDIP-seq、tRNA seq、tRF&tiRNA seq、MeRIP-seqサービスについては、t検定の種類（pairedまたはunpaired）を考慮せずに表Bに記入してください。
* その他すべてのサービスについて
* グループ間の比較解析を実施する場合は、各グループの生物学的レプリケートを3以上で構成していただく必要があります。
* グループ間の比較では特に明記されていない限り「unpaired t-test」がデフォルトで使用されます（比較例1参照）。この場合、2つのグループは独立しています。前述の表Aに記載されたグループ名をご使用ください。
* 「paired t-test」は、2つのグループが互いにペアとなっている場合、例えば、個体Aの腫瘍組織が同一個体の正常組織とペアになっている場合や、別個体と比較する場合など、統計的な検出力を高める場合に使用することが可能です。比較例2に示すように、リスト内の比較をペアとして、ペアサンプルを2グループ内にセミコロンで区切って同じ順番でご記入ください。
* レプリケートなしで2サンプルを比較する場合（比較例3参照）は、比較の統計的優位性（p-value）は、算出することができません。変動差のみを算出します。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| **比較リスト** | **テストグループ**  **またはサンプル名** | **コントロールグループ**  **またはサンプル名** |
| **比較例1**  unpaired t-testによる  2グループ間の比較 | Group Y | Group X |
| **比較例2**  paired t-testによる  2グループ間の比較 | Sample.Y1;Sample.Y2;Sample.Y3 | Sample.X1;Sample.X2;Sample.X3 |
| **比較例3**  2サンプル間の比較 | Sample.Y1 | Sample.X1 |
| テストおよびコントロールのグループ/サンプル名は正しい列に正確にご記入ください（日本語入力禁止） | | |
| 比較内容1 |  |  |
| 比較内容2 |  |  |
| 比較内容3 |  |  |
| 比較内容4 |  |  |
| 比較内容5 |  |  |
| 比較内容6 |  |  |
| 比較内容7 |  |  |
| 比較内容8 |  |  |

このほか、プロジェクトの処理に役立つ関連情報がございましたらご記載ください。

|  |
| --- |
| ここをクリックしてご入力ください。 |