

遺伝子発現を極める

生物技研では、4つの遺伝子発現解析サービスをご用意しています。目的に合わせてご利用ください。

構造

アイソセック Iso-seq 解析



サービスページ

転写産物全長を解析できるので、
アイソフォームを網羅的に探索できる。

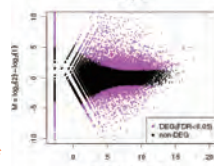
何が分かる？	転写産物の完全長構造 (アイソフォーム)
強み	エクソン構造・UTR・スプライシングを1本のリードで解読 新規アイソフォームの発見ができる可能性が高い
弱み	発現量の定量性はショートリードより低い コストが高いため、サンプル数を増やしにくい
向いている研究	非モデル生物の遺伝子モデル構築 アイソフォームの網羅的探索 新規スプライシングイベントの発見
価格(税別)	50,000円/サンプル ※10万リード取得(キャンペーン中)
シーケンシング条件	PacBio Revioを用いたロングリード解析

何が分かる？	遺伝子レベルの発現量 (DEG解析)
強み	発現量の定量精度が最も高い 安価でサンプル数を増やせる 低発現の遺伝子を検出できる可能性がある
弱み	アイソフォーム構造は不完全
向いている研究	機能解析 (GO, KEGG) 多数サンプルの統計的解析
価格(税別)	40,000円/サンプル ※4,000万リード取得
シーケンシング条件	MGI DNBSEQ 150 bpペアエンド解析

発現量 RNA-seq 解析



サービスページ



発現変動遺伝子 (DEG) を同定し、
発現量の比較ができる。

細胞ごと

シングルセル scRNA-seq 解析



サービスページ

組織内の細胞の多様性やそれぞれの細胞集団の遺伝子発現の類似性がわかる。

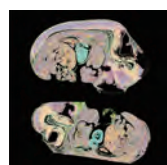
何が分かる？	細胞ごとの遺伝子発現と細胞タイプ
強み	細胞集団の異質性を解析 発生・再生の細胞ダイナミクスが分かる
弱み	転写産物は断片化されるため、 アイソフォームはほぼ分からない
向いている研究	細胞間の遺伝子発現の違いを理解 組織の中の隠れた細胞集団が見える 特定細胞群のマーカー探索
価格(税別)	160,000円/サンプル ※T2Kit使用プラン
シーケンシング条件	MGI DNBSEQ 150 bpペアエンド解析

何が分かる？	組織内の位置情報つき遺伝子発現
強み	サブセラー級の高解像度 (500 nm) 全トランスクリプトームに近い解析が可能 FFPEサンプルが利用できる
弱み	コスト高 データ解析に時間がかかる
向いている研究	組織全体の発現地図 発生や再生過程の空間的遺伝子発現
価格(税別)	1,980,000円/チップ ※30億リード取得
シーケンシング条件	MGI DNBSEQ read1, 50 bp read2, 100 bp

位置情報 Stereo-seq 解析 (空間トランスクリプトーム解析)



サービスページ



組織のどこで
どんな遺伝子が
発現しているかが
わかる。



対象期間
(サンプル到着日)

2026年
8月17日～10月30日

全長 mRNA シーケンス解析
アイソセック
Iso-seq 解析で
遺伝子発現を構造的に
解明しよう

平均2 kb のリードを取得する
Iso-seq 解析だからできること

- ・非モデル生物の遺伝子モデル構築
- ・アイソフォームの網羅的探索
- ・新規スプライシングイベントの発見

Iso-seq 解析
62%以上
OFF!

例: 150,000円 → 50,000円 (税別)

さらに!
同時依頼で

RNA-seq 解析も
最大15%
OFF!

この先の10年も
よろしくお願いいたします。



62%以上 OFF! 全長 mRNA シーケンス解析 (平均2 kb) Iso-seq 解析 キャンペーン

取得データ量	価格 (税別)	納期
10 万リード	150,000 円 → 50,000 円 / 万円	
100 万リード	420,000 円 → 140,000 円 / 万円	
200 万リード	525,000 円 → 175,000 円 / 万円	
500 万リード程度※1 (1 セル占有)	800,000 円 → 300,000 円 / セル	

真核生物のみ解析可能です。

cDNA 合成にオリゴ dT を用いるので、polyA を持たない生物は解析できません。

取得データ量は全遺伝子数の 20-50 倍が目安です。



作業内容	・送付サンプル(トータルRNA)の品質確認 ・オリゴdTプライマーでcDNA合成 ・シーケンスライブラリー作製 ・シーケンシング解析 (PacBio Revio) ・データ解析 リードの振り分けおよびIndex配列の除去を行った後、ノイズを除去します。Iso-Seqソフトウェアを用いて、フィルタリングした完全長リードをクラスタリングします。その後、参照配列がある場合は、クラスタリングした配列をpbmm2を用いて参照配列にマッピングを行います。Iso-Seqソフトウェアを用いて、固有のアイソフォームに分類します。参照gtfもある場合は、SQANTI3を用いて、統合したアイソフォームをアノテーションします。											
ご提供サンプル※2	トータル RNA 1 ug 以上 (>50 ng/ul, >20 ul) ※RNase-free water に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。 ※複数セルをご依頼の場合は、1 セルごとに前述の RNA 量が必要です。											
納品物	以下のデータをDVDやUSB等の記録媒体に保存して納品します。 <table><tr><td>①シーケンス生データ (fastq & bam形式)</td><td rowspan="3">➡ 参照配列がなければ納品物は①～③のみです</td></tr><tr><td>②クラスタリングの結果 (エクセルファイルとfasta形式)</td></tr><tr><td>③DDBJのデータベース登録に必要なデータ</td></tr><tr><td>④固有のアイソフォームの分類データ (gff形式など)</td><td rowspan="3">➡ 参照配列があるが、参照gtfがなければ、①～⑥を納品します</td></tr><tr><td>⑤Mappingの結果 (bam形式)</td></tr><tr><td>⑥参照配列 (fasta&fasta.fai形式)</td></tr><tr><td>⑦Annotation結果 (エクセルファイル)</td><td rowspan="2">➡ 参照配列とgtfともがあれば、①～⑧を納品します</td></tr><tr><td>⑧参照遺伝子アノテーション (gtf形式)</td></tr></table>	①シーケンス生データ (fastq & bam形式)	➡ 参照配列がなければ納品物は①～③のみです	②クラスタリングの結果 (エクセルファイルとfasta形式)	③DDBJのデータベース登録に必要なデータ	④固有のアイソフォームの分類データ (gff形式など)	➡ 参照配列があるが、参照gtfがなければ、①～⑥を納品します	⑤Mappingの結果 (bam形式)	⑥参照配列 (fasta&fasta.fai形式)	⑦Annotation結果 (エクセルファイル)	➡ 参照配列とgtfともがあれば、①～⑧を納品します	⑧参照遺伝子アノテーション (gtf形式)
①シーケンス生データ (fastq & bam形式)	➡ 参照配列がなければ納品物は①～③のみです											
②クラスタリングの結果 (エクセルファイルとfasta形式)												
③DDBJのデータベース登録に必要なデータ												
④固有のアイソフォームの分類データ (gff形式など)	➡ 参照配列があるが、参照gtfがなければ、①～⑥を納品します											
⑤Mappingの結果 (bam形式)												
⑥参照配列 (fasta&fasta.fai形式)												
⑦Annotation結果 (エクセルファイル)	➡ 参照配列とgtfともがあれば、①～⑧を納品します											
⑧参照遺伝子アノテーション (gtf形式)												
ご依頼の流れ	まずは弊社HPのお問合せフォームからお見積りをご依頼ください。											

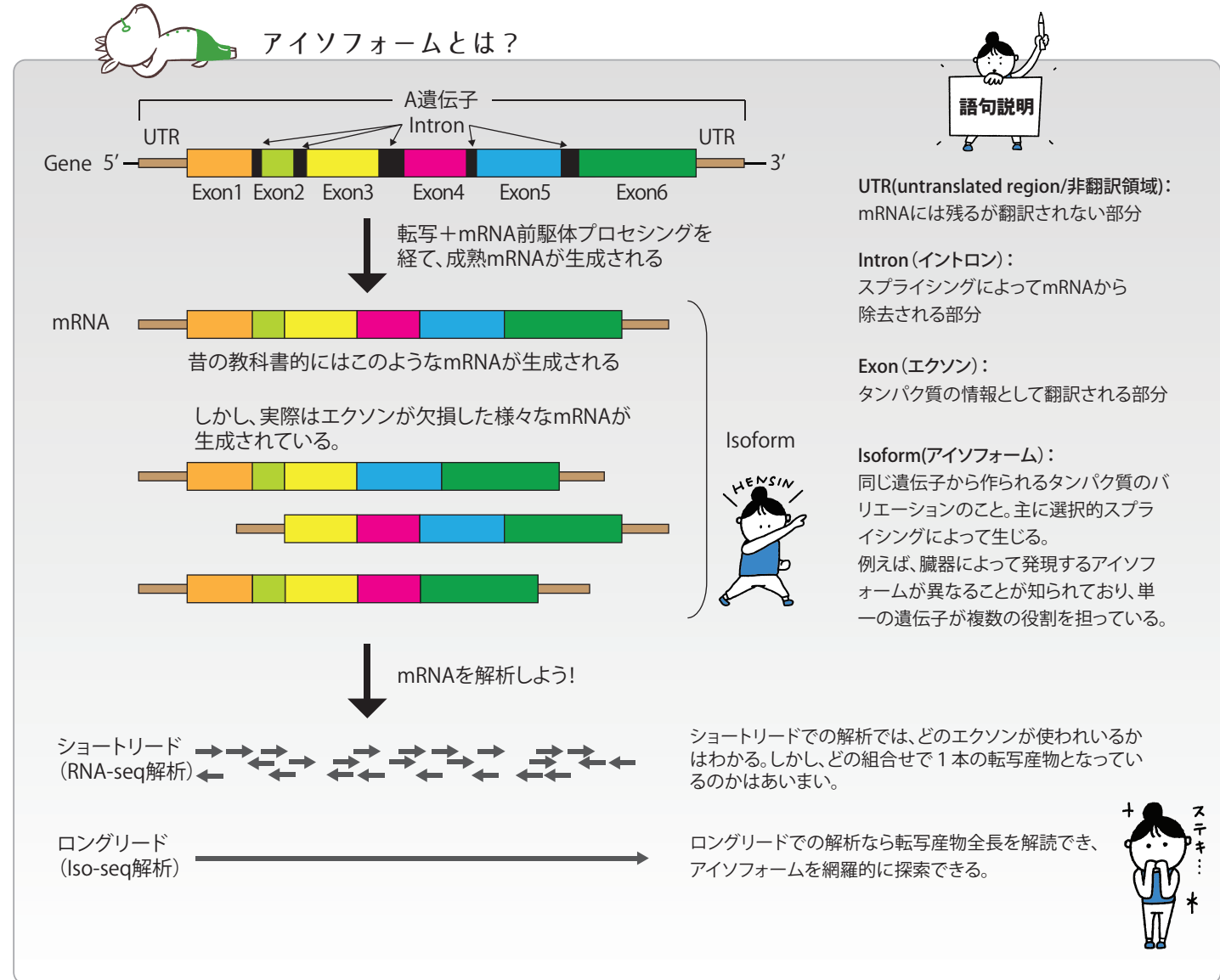
※1 サンプルに依存するため、データ量の保証はできません。また、1 サンプル分のライブラリー調製費用は上記に含まれています。複数サンプルご依頼の場合は、2 サンプル目以降からライブラリー調製費用 100,000 円 / サンプルが別途必要です。

※2 試料を送付いただき、弊社で RNA 抽出を実施することも可能です (RNA 抽出費用 20,000 円 / サンプル、納期 5 営業日追加)。

さらに! Iso-seq 解析と同時のご依頼ならこちらも割引 最大 15% OFF! ショートリード (150 bp×2) で発現量を解析 RNA-seq 解析 MGI DNBSEQ

取得データ量	価格 (税別)	納期
4,000 万リード (6 Gb)	40,000 円 → 38,000 円 / 万円 1~7サンプルご依頼の場合 5% OFF! 8~23サンプルご依頼の場合 10% OFF! 24サンプル以上ご依頼の場合 15% OFF!	30 営業日

Saccharomyces cerevisiae は、オリゴ dT で mRNA を精製ができないため、リボソーム除去 (定価 20,000 円 / サンプル) が別途必要です。リボソーム除去にも数量割引が適用されます。



? Iso-seq解析についてのギモン・シツモン

Q1. 遺伝子数はどうやって調べたらよいですか?

A1. NCBIのGenomeデータベースなどで、遺伝子のアノテーションデータを調べます (近縁なモデル生物の遺伝子数も参考にできます)。

生物種の学名をお知らせいただければ、弊社でお調べすることも可能です。

▼ 遺伝子数とIso-seq解析推奨プランの例

生物種	遺伝子数	Iso-seq解析推奨プラン
出芽酵母(<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)	6,021	100万リード
キイロショウジョウバエ(<i>Drosophila melanogaster</i>)	13,962	100万リード
線虫(<i>Caenorhabditis elegans</i>)	19,983	100万リード
ヤギ(<i>Capra hircus</i>)	20,572	100万 or 200万リード
マウス(<i>Mus musculus</i>)	22,198	100万 or 200万リード
モモ(<i>Prunus persica</i>)	23,135	100万 or 200万リード
イネ(<i>Oryza sativa Japonica</i>)	29,427	100万 or 200万リード
ニジマス(<i>Oncorhynchus mykiss</i>)	41,896	100万, 200万リード or 占有

Q2. ショートリードのRNA-seq解析を実施する必要がなくなりますか?

A2. いいえ、ロングリードのIso-seq解析だけでは発現量の精密な定量が難しいため、両者は補完関係です。

ショートリードのRNA-seq解析は、1遺伝子あたり数百〜数千リードが得られます。また、解析費用が安価なため、サンプル数を増やすことができ、統計的に信頼性の高い定量が可能です。



Q3. アイソフォーム情報があると、ショートリードの解析結果の考察が変わりますか?

A3. はい、考察が深まります。

以下の例は、マウスの脳と肺における2つの遺伝子の発現比較結果です。

ショートリードの解析では、2遺伝子ともリード数に大きな差はありませんでした。しかし、Iso-seq解析を実施すると、発現されるアイソフォームに違いがあることが示唆されました。

▼アイソフォーム情報がないとき

遺伝子	Brain	Lung
Slc40a1	1.70	2.04
Mars2	1.06	0.98

▼アイソフォーム情報があるとき

遺伝子	Brain	Lung
Slc40a1-Isoform-1	0.66	2.76
Slc40a1-Isoform-2	4.54	1.51
Slc40a1-Isoform-3	0	0
Slc40a1-Isoform-4	0	0.37
Mars2-Isoform-1	3.09	1.72
Mars2-Isoform-2	0	0.74
Mars2-Isoform-3	1.94	0.81
Mars2-Isoform-4	0.83	1.28

優占するアイソフォームが異なる

Lung特異的

表に示す数値はTPM正規化後のリード数