

# ゲノム配列解析サービス



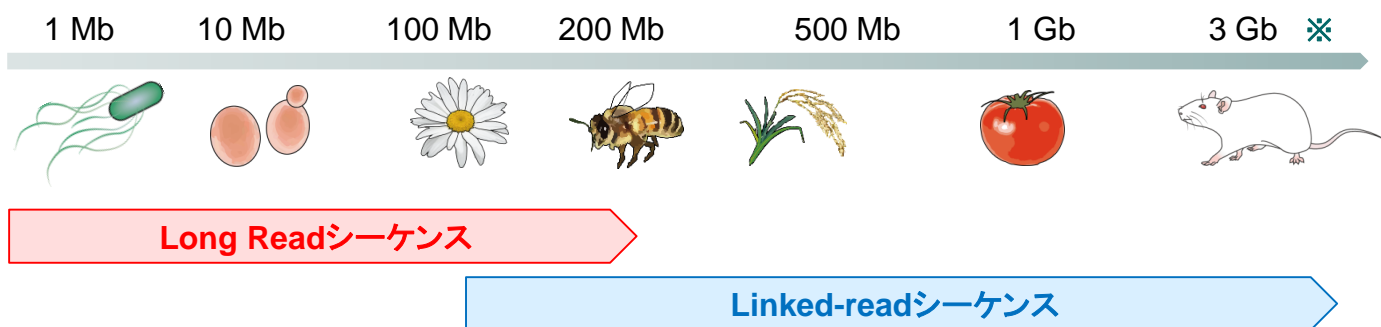
タカラバイオ(株)では、細菌、植物、哺乳類動物など広範囲なゲノムサイズを持つ生物種に対して、最適な手法を用いたゲノム配列解析をご提供しています。

サンプルのゲノムサイズが200 Mb未満の場合はLong Readシーケンスで、200 Mb以上の場合はLinked-readライブラリーのシーケンスを用いてゲノム配列を構築いたします。

複数の手法を組み合わせた高精度解析も可能です。

## ◆ ゲノムサイズによる解析手法

※ゲノムサイズが3.2 Gbを超える生物種については、別途ご相談ください。



★ 2種類のシーケンスで得られたリードでギャップクローズもしくはフィニッシングを行うことにより、さらに高精度な配列を構築することも可能です。

Long Read + Short Readシーケンス

Long Read + Linked-readシーケンス

## ◆ 各種サンプルの解析例

\*公共データを使用した評価結果です。

	好熱菌	出芽酵母	CHO細胞株	ヒト細胞株	ヒト細胞株 *
Genome Size	2 Mb	12 Mb	2.5 Gb	3 Gb	3 Gb
Method	Long Read	Long Read	Linked-read	Linked-read	Long Read + Linked-read
Total Length and Depth	2.1 Mb 379x	12.5 Mb 80x	2,238 Mb 42x	2,608 Mb 30x	2,869 Mb Linked 56x Long 10x
Number Contig Scaffold	3	24	36,921	54,292	18,289
N50 Contig Scaffold	1,850 kb	931 kb	3,309 Kb	728 kb	17,759 kb
Max Length Contig Scaffold	1,850 kb	1,535 kb	21,158 kb	5,063 kb	97,397 kb
参考価格(税別)	¥500,000	¥720,000	¥1,850,000	¥1,850,000	お問い合わせください

# ゲノム配列解析サービス

## ◆ 解析内容

### Long Readシーケンス (PacBioシーケンサー等)

ご提供いただいたゲノムDNAを鋳型にLong Readシーケンスを実施します。

Reads

Assembly・Polishing

#### 【納品物】

- ・作業報告書
- ・シーケンスデータ一式
- ・アセンブル配列 (contig配列) データ一式

### Linked-readシーケンス (Chromiumシステム + Illuminaシーケンサー)

Chromiumシステム(10x Genomics社)を用いて、長鎖ゲノムDNA1分子をエマルジョンに閉じ込めて、ユニークなバーコードをもったプライマーによりDNAをコピーし、ライブラリーを作製します。イルミナ社シーケンスデータをアセンブルして、同じバーコードを持つContig配列をLinkすることで、Scaffold配列を構築します。

Reads

Assembly・Scaffolding・Phasing

#### 【納品物】

- ・作業報告書
- ・シーケンスデータ一式
- ・アセンブル配列 (Scaffold 配列、Pseudohap 配列) データ一式

### <その他のオプション解析>

- 微生物ゲノム配列フィニッシング解析
- 遺伝子予測解析
- ゲノム比較解析

## ◆ 受入サンプル

	ゲノムDNA量	濃度	OD260/OD280、OD260/OD230
Long Readシーケンス	20 µg 以上	70 ng/µl 以上	1.6 以上
Linked-readシーケンス	500 ng 以上	10 ng/µl 以上	1.6 以上

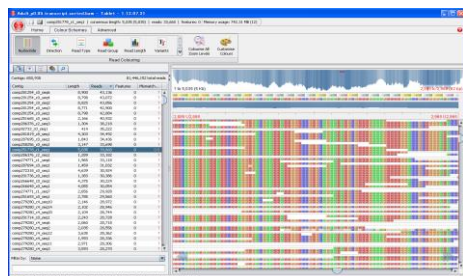
- ・ゲノムDNAの抽出には、フェノールクロロフォルムを用いた抽出または長鎖DNA抽出用キットを使用してください。
- ・抽出後は凍結せず、できるだけ早くサンプルを送付してください。
- ・組織サンプルをご提供いただき、DNA抽出作業から承ることも可能です。お問い合わせください。

## 遺伝子配列 (cDNA配列) 解析サービス

### <非モデル生物種の網羅的遺伝子発現解析に>

Short Readシーケンスにより得られたmRNA由来配列をアセンブルすることにより、網羅的なcDNA配列を取得します。アノテーションの付与を行い、遺伝子発現解析を実施することも可能です。

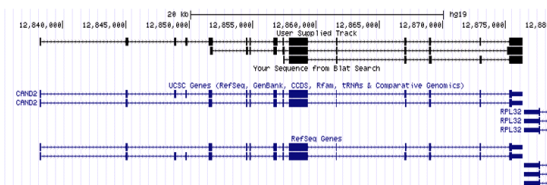
#### 遺伝子配列 (コンティグ配列) とアライメント結果



### <“未知転写産物”の探索に>

Long Readシーケンスによって得られたcDNAシーケンスデータをゲノム配列にマッピングし、遺伝子バリエーション配列を取得します。また、特定遺伝子領域のRT-PCR産物をLong Readシーケンスすることにより、その遺伝子だけの配列バリエーションを同定することも可能です。

#### マッピング結果



取得遺伝子バリエーション配列

既存遺伝子バリエーション配列

※本チラシに記載された社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。

※表示価格はすべて税別です。

2017年9月作成G

## タカラバイオ株式会社

■ 受託サービスに関するお問い合わせ  
滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058  
TEL 077-565-6999

Website <http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>

取扱店