

Human Whole Genome Sequencing 149万円(税別) / サンプル

※別途サンプル輸送費用とHDD費用が必要です。
 ※解析内容は裏面をご覧ください。

高速シーケンス受託解析

10年の歳月と膨大な費用をかけて、ヒトゲノムのドラフト配列が発表されてから10年以上の月日が経過しました[1]。その後の高速シーケンサーの登場により、ヒト全ゲノムシーケンシングにかかる時間と価格は劇的に下がり、いまや誰もが簡単に手に入れることのできる情報となりつつあります[2]。しかし30億塩基対もの膨大な情報を高い精度でまとめあげるには、豊富なゲノム研究の知識と経験、更に高度なバイオインフォマティクスの技術が必要です。今後、ヒト全ゲノムシーケンシングのデータは、ヒトに関する様々な研究において欠くことのできない重要な基盤となることは間違いありません。

1. Nature. 2001 Feb 15;409(6822):745-964. 2. Nature. 2011 Feb 10;470(7333):198-203.

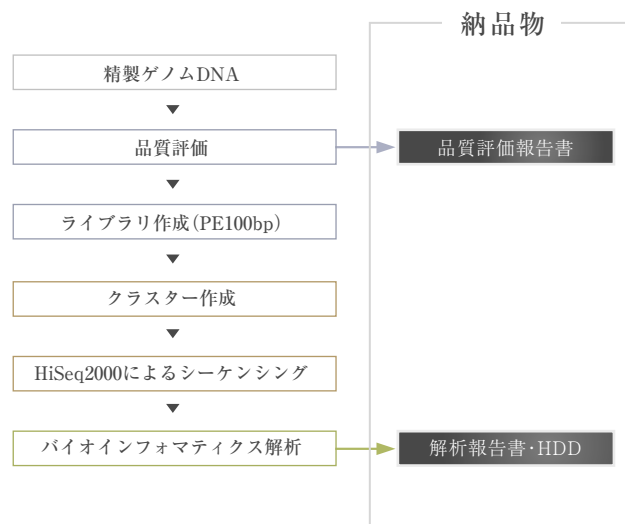
解析概要

高速シーケンサーによりヒトゲノムの塩基配列を決定します。
 得られたリード配列を参照配列にマッピングし、変異箇所 (SNV: Single Nucleotide Variation) を検出します。
 その後、検出されたSNVに対してアノテーションを付与し、複数サンプルの場合にはサンプル間比較を実施します。
 また、一部のShort Indel (10bp未満)や、構造変異も検出可能です。

研究対象分野

- Mendelian異常の原因遺伝子の探索研究
- がん研究における原因遺伝子の網羅的な研究
- 多因子疾患の候補遺伝子の網羅的な研究

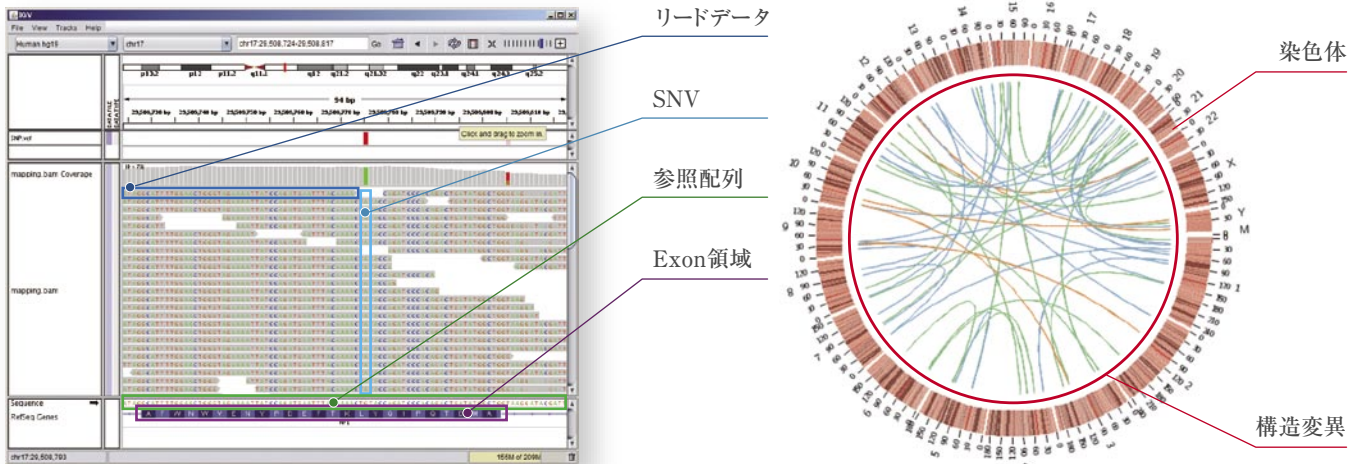
解析の流れ



Human Whole Genome Sequencing

解析結果

リードを参照配列に対してマッピングし、変異箇所(SNV)及び一部の構造変異を検出します。
検出されたSNV及び一部の構造変異は、各種アノテーションを付けてタブ区切りのファイルでご提出します。



染色体番号、位置、塩基、新規/既知、遺伝子名、dbSNP、ID、RefSeq ID、CCDS ID、Depth、クオリティ値など様々なアノテーションが付きます。
マッピング結果、SNV、一部の構造変異、DepthはIntegrative Genomics Viewer (IGV)*で閲覧することが可能です。

※ <http://www.broadinstitute.org/igv/>

サンプル条件

サンプル	精製ゲノムDNA
DNA量	>5 μ g
濃度	>50ng/ μ l
品質	OD260/280=1.8-2.0
溶出バッファー	1 \times TE

- サンプルの定量方法はQubit、またはPicoGreenを推奨しております。
- サンプルをお預かりする際には、電気泳動写真のご提出をお願いしております。
- 詳細は弊社までお問合わせください。

解析例

機種	HiSeq 2000
データ量 / サンプル	約90Gb
リード長	100bp
シーケンス方法	Paired End
バイオインフォマティクス解析	SNV同定・一部の構造変異同定・ゲノム配列の統計情報・各種アノテーション・Depth、クオリティ値など絞り込みに必要な各種情報
納期	サンプル受領後、約3.5ヶ月 ※同時に解析を行うサンプルの数が多い場合には、別途お打合せの上決定致します。

お問い合わせ先

株式会社 理研ジェネシス 営業・企画部

〒230-0045 神奈川県横浜市鶴見区末広町1-7-22
理化学研究所 横浜研究所 東研究棟3F
TEL: 045-521-8781 E-mail: info2@rikengenesi.jp
URL: <http://www.rikengenesi.jp/>



販売代理店