

10万リードペア / 検体
MiSeq あいのり解析

10万リードペア / 検体 MiSeq あいのり解析

10万リードペア / 検体
MiSeq あいのり解析

1 検体あたり
10万クローン相当の
配列データ取得

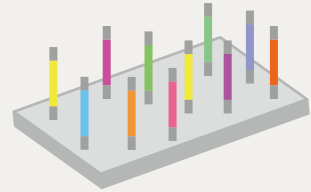
多型のある PCR 産物



クローニング不要!



次世代シーケンス



リードカウント

Sequence	Count
ATGGTGAGCAAGGGCGAGGAG	33256
ATGGTCAGCAAGGGCGAGGAG	22305
ATGGTGAGCAAGGGAGGAG	5243
ATGGTGCGCAAGGGCGAGGAG	2702



スクリーニングで得られた配列の確認

例 アプタマー探索のスクリーニング

—GTGTTTGT—
—GTGTTTGT—
—GTGTTAGT—
—GTCTTTGT—
—GTGTT—GT—
GTTTTGT

ランダム配列の核酸ライブラリから、標的分子に特異的に結合する配列を濃縮してシーケンス。

例 ファージディスプレイの配列確認

—LVSKGEE—
—LVSKEED—
—LVSKGEE—
—LLSRGEE—
—LVSKGEE—
LVSKGEE

ファージディスプレイ法で、標的分子への選択親和性により濃縮されたライブラリの配列を確認。

例 ノックアウトスクリーニング

geneA : 10 count
geneB : 5 count
geneC : 3203 count
geneD : 14 count
geneE : 421 count

CRISPR gRNA 発現ベクターを導入したランダム変異導入株において、スクリーニング後のライブラリ配列を確認。

ターゲット領域の多型の頻度を確認

例 網羅解析で検出された変異の確認

—A—
—A—
—A—
—A—
—A—
—C—
—A—

網羅的なゲノム解析で検出された変異候補箇所について、ディープシーケンスで変異の頻度を確認。

例 メチル化シトシンの頻度検出

—T-T-T—
—T—
—T-T-T—
—T—
—T-T—
—T—

バイサルファイト処理を行った後、ゲノムの特定領域におけるメチル化シトシンの頻度を算出。

例 ゲノム編集領域の配列確認

—AATAG— | WT
—A-TAG— | Δ1
—A-TAG— | Δ1
—A-TAG— | Δ1
—A---G— | Δ3
—A--AG— | Δ2

ゲノム編集処理を行った細胞集団を対象として、ターゲット領域に導入された変異の多型と頻度を確認。

▶ アンプリコンシーケンス解析の詳細については、裏面をご覧ください。

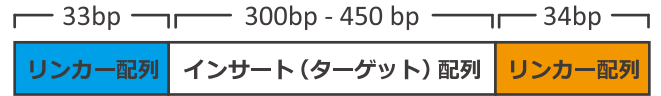


サンプル : ターゲット領域の 1st PCR 産物

以下の条件をご確認の上、サンプルをご用意ください。

- ✓ 精製済み PCR 産物の必要量 : 5ng (0.2ng/μl) 以上
- ✓ ターゲット領域のサイズ : 300bp - 450bp 程度
- ✓ 指定リンカー配列 (右図参照) が付加されていること
- ✓ プライマーや非特異的産物の除去が行われていること

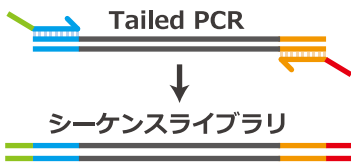
ご提供いただくアンプリコンの配列構造



※ リンカー配列・プロトコル詳細はお問い合わせください。

解析プラン内容

シーケンスアダプターの付加 >>> 次世代シーケンスデータ取得 >>> リードカウント解析



【Illumina MiSeq】
ペアエンドシーケンス
リード長 : 300bp
10万リードペア/検体

同一配列の集計

Sequence	Count
AGCTTTTCATTCTGACTGCAACGG...	26552
AGCTTTTCATTCTGACTCCAACGG...	21408
AGCTTTTCATTCTGACTGCCGGT...	6585
AGCTTTTCATTCTGACTGCACCGG...	5033

データ解析

リードカウント解析

¥0

※上記解析費用に含まれます。

サンプルごとに同一配列を集計し、塩基長とカウント数をまとめたテーブルを作成します。

Sequence	Length	Count
AGCTTTTCATTCTGACTGCAACGG...	456	26552
AGCTTTTCATTCTGACTCCAACGG...	456	21408
AGCTTTTCATTCTGACTGCCGG...	454	6585
AGCTTTTCATTCTGACTGCACCGG...	456	5033

検体間比較テーブル作成

1テーブル・20検体まで
¥50,000 (税別)

複数サンプルのリードカウント結果を統合し、各配列の存在頻度を検体間で比較できるテーブルを作成します。

Sequence	SampleA		SampleB		SampleC	
	Count	%	Count	%	Count	%
AGCTTTTCATTCTGACTGCAACGG...	26552	27%	18742	19%	32088	32%
AGCTTTTCATTCTGACTCCAACGG...	21408	21%	37819	38%	534	1%
AGCTTTTCATTCTGACTGCCGG...	6585	7%	43	0%	25643	26%
AGCTTTTCATTCTGACTGCACCGG...	5033	5%	12013	12%	7431	7%

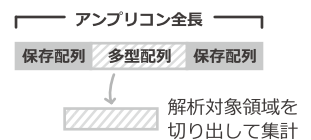
アドバンス解析

基本料金 ¥40,000

+ 解析料金 ¥10,000 / 検体 (税別)

● 解析対象領域の切り出し

アンプリコン全長の中で、解析対象領域の塩基配列を切り出し、配列集計を行います。



● アミノ酸配列への翻訳

対象領域の塩基配列をアミノ酸に翻訳し、リードカウント情報と併せてテーブルを作成します。

Sequence	Count
ATGGTGAGCAAGGGCGAGGAG	33256
ATGGTGAGCAAGGGCGAGGAG	22305
ATGGTGAGCAAGGGCGAGGAG	5049
MVSKGEELFTGVVPIILVELDG	55687
MVSKELFTGVVPIILVELDG	5267
MVSKELFTGVVPIILVELDG	2715
MVRKGEELFTGVVPIILELDG	972

● アライメント

リードカウント後の塩基配列・アミノ酸配列について、アライメントを行います。

ATGGTGAGCAAGGGCGAGGAG	MVSKGEELFTGVVPIILVELDG
ATGGTCAGCAA	MVSKGEELFTGVVPIILVELDG
ATGGTGAGCAA	MVSKGEELFTGVVPIILVELDG
ATGGTGCGCAA	MVSKGEELFTGVVPIILVELDG
ATGGTGCGCAA	MVSKGEELFTGVVPIILVELDG
*****	MVRKGEELFTGVVPIILELDG
*****	*****

※ 上記以外のカスタム解析は、別途ご相談ください。

代理店

北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 札幌市北区新川西2条1丁目2-1

☎ 0120-613-190

TEL: 011-768-5903 FAX: 011-768-5951

E-mail: hss-ngs@hssnet.co.jp

URL: http://www.hssnet.co.jp