

次世代シーケンス解析

Amplicon Deep Sequence

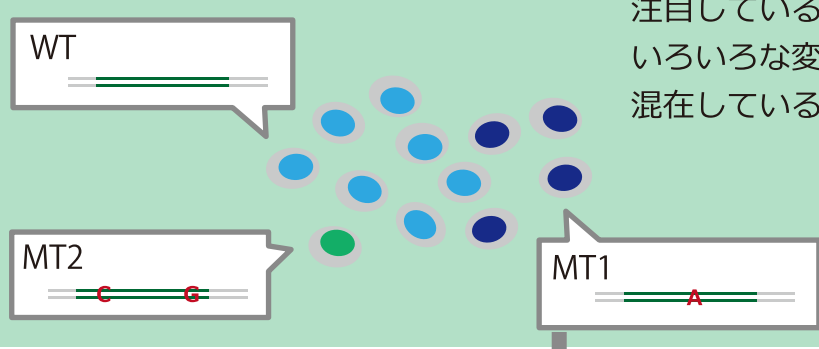
ターゲット領域に
合わせて様々な
解析が可能！

- ・ ウィルスターゲット遺伝子における変異頻度解析
- ・ CRISPR/Cas9 ゲノム編集箇所の配列確認
- ・ T細胞受容体の多型頻度解析
- ・ 特定領域におけるメチル化頻度の検出
- ・ **16S 微生物群集解析**

**ゲノム編集
必見!!**

面倒なクローニング作業が不要！多型の種類と頻度を1回の解析で算出することが可能です。

★ こんなときにお勧め！ ★



注目している遺伝子について、
いろいろな変異を持った細胞がサンプル中に
混在している…

どんな変異が多いか調べたい！
変異の種類を確認したい！

seq_ID	length	sequence	SampleA		SampleB		Total	
			count	count (%)	count	count (%)	count	count (%)
seq000001	146	... TGTGCCAGCAGCTTAGGGG...	3651	17.0%	4185	12.7%	11763	13.1%
seq000002	146	... TGTGCCAGCAGCCTTAGGGG...	1206	6.7%	1657	5.0%	4635	5.2%
seq000003	145	... TGTGCCAGCCCTTAGGGG...	1524	6.5%	1359	4.8%	4470	5.0%
seq000004	146	... TGTGCCAGCAGCTTAGGGG...	333	3.4%	865	2.5%	2333	2.6%
⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮	⋮
seq000999	144	... TGTGCCAGCAGCTTAGG...	1	0	0	0	1	0.00%



配列と出現率をまとめた表形式データ
を作成いたします。

ライブラリ調製 PCRによるシーケンス用アダプター付加 (Tailed-PCR)

+

シーケンスデータ取得 MiSeq 300bp ペアエンド 10万リードペア

+

データ解析 リードカウント (多型頻度解析)
●納品データ
リード配列および各塩基のクオリティデータ (FASTQ 形式)
シーケンス結果のサマリーレポート (PDF 形式)
配列集計結果 (Excel 形式)

ライブラリ調製 ~ データ解析 (リードカウント)

¥ 60,000 / 解析 (税別)

※ あいのり解析のため納期は弊社スケジュールとなります。
お急ぎの場合は別途お問い合わせください。

**ご用意
いただく
サンプル**

受入サンプル：ターゲット領域の PCR 産物
Target 領域長：約 550bp
サンプル必要量：20ng 以上
(濃度：0.2ng/μl 以上)

オプション 可視化データの作成 **¥ 30,000 ~** / 解析 (税別) ※ その他解析内容についてはご相談ください。

サービスの詳細は 0120-613-190 or 011-768-5903 または hss-ngs@hssnet.co.jp までお問い合わせください！