平成27年7月10日

**次世代シーケンサー新規受託解析開始のお知らせ**

利　用　者　　各位

平成27年7月からこれまでの受託解析に加えて、Ion PGMでのロングリード解析(リード長400bp; データ量1-2GB(ギガベース))の受託解析を開始致します。中国地区国立大学の教職員がサービスを受けることができます。

Whole Genome解析は、これまでIon PGM (リード長200bp、0.5-1GB解析)とSOLiD5500（リード長75bp、4GB解析）を行ってきました。

微生物などの未知遺伝子配列では、これまでの解析では染色体の配列を完全に決めることが出来ませんでした。ロングリードを用いると埋められない領域が大幅に減少します。また、前処理を自動化するため、これまでよりデータ量が20％程度増加し2GB以上のデータが取れることもあります。

ペアエンド解析よりデータの精度が向上している印象があります。

GCリッチな配列の解析もかなり向上しています。

変異解析においても欠失変異の解析にかなり有効です。

データ量がかなり増えますので、1ランに入れるサンプル数を増やすこともでき、割安になります。

ぜひロングリード解析をお試しください。

解析を2ラン単位で行うため、2ランセットでの受託がお得になります。他の研究室の方と一緒に出しても結構です。

解析データは、無償でトリミングおよびマッピングし、検出された変異の一覧を添付してお返しします。さらに詳細な解析が必要な場合は、共同研究としてお受け致しますのでご連絡ください。

**【受託料金】**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 業務名称 | 区分 | 課金単位 | 受託料（円） | 備考 |
|  | 次世代シーケンサー受託解析（Whole Genome解析（微生物ゲノム）） | 200bp解析  １ラン | １ラン | 28万円 | 追加1サンプル毎（8サンプルまで）に30,000円を加算 |
|  | 200bp解析  ２ラン | １ラン | 23万円 |
|  | 400bp解析  １ラン | １ラン | 30万円 |
|  | 400bp解析  ２ラン | １ラン | 25万円 |

* **Whole Genome解析** **1サンプル(リード長200bp or 400bp)**
* **(200bp解析0.5GB保証/400bp解析1GB保証)　：　23-30万円**(1ラン単位) (マッピング解析込み)

※1解析で複数のサンプルを測定する場合、追加1サンプル毎にライブラリー　作製費3万円が必要となります。

　※納期は2ヶ月程度です。ただし、解析データに問題がある場合は無償で再

解析しますので納期が遅れることがあります。

※お送りいただいたサンプルに問題がある場合は解析せずに返却することがあります。

※解析を依頼される方には、注意事項を説明しますので、サンプル調製前に必ず電話又はメールでご相談ください。

みなさまのご利用をお待ちしております。

〔問い合わせ先〕

山口大学　大学研究推進機構

総合学実験センター　遺伝子実験施設　水上　渡邊

TEL：0836-22-2184

E-Mail：cgryu@yamaguchi-u.ac.jp

**【参考】**

**次世代シーケンサー受託解析一覧表**

（平成27年7月10日現在）

|  |  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| № | 受託解析 | 対応生物種 | 使用機器名 | 受託料金 | 追加1サンプルの解析費用 | リード長 | 1解析 |
| 1 | Exon | ヒト | SOLiD5500 | 30万円 | 2.5万円  2サンプルまで | 75bp | 4GB |
| 2 | Whole Genome | ゲノムサイズの小さい生物 | Ion Torrent PGM | 23-30万円 | 3万円  8サンプルまで | 200bp or 400bp | 0.5-2GB |
| 3 | Whole Genome | すべての生物 | SOLiD5500 | 20万円 | 2.5万円  8サンプルまで | 75bp | 4GB |
| 4 | RNA-seq | すべての生物 | SOLiD5500 | 30万円 | 4万円  4サンプルまで | 75bp | 4GB |
| 5 | SAGE | polyAを有する生物 | SOLiD5500 | 12万円 | 2.5万円  8サンプルまで | 27p | 4GB |

※受託料金は1サンプルあたりの税込価格となります。

※受託解析において1解析で複数のサンプルを測定する場合は、追加1サンプル毎にライブラリー作製費が必要となります。

※納期は目安であり、サンプルの内容や数量等により変動します。

※1解析のデータ量は、トリミングしてマッピングされた遺伝子量を示しています。実際には約2倍程度の解析を行います。