



# Whole Genome Assembly

|       |  |   |
|-------|--|---|
| タイトル  | <b>全ゲノム解析</b> [配列分析+情報解析]  |   |
| 提供試料  | <input type="checkbox"/> DNA ( ) <input checked="" type="checkbox"/> 植物サンプル ( 葉 1 検体 )   |   |
| DNA抽出 | <input type="checkbox"/> なし  | <input checked="" type="checkbox"/> あり ( <input type="checkbox"/> 磁気ビーズ法 <input checked="" type="checkbox"/> Genomic-tip法 ) |
| 情報解析  | <input type="checkbox"/> なし ( リード配列のみ納品します )<br><input checked="" type="checkbox"/> あり ( <b>アセンブル、遺伝子予測</b> )  |   |
| 作業内容  | <ol style="list-style-type: none"> <li>DNA抽出<br/>Genomic-tip (QIAGEN)を使用</li> <li>全ゲノム解析用ライブラリ作製 (1ライブラリ)<br/>短断片(20kb以下)のDNA断片を除去し、SMRT bellライブラリを作製する。</li> <li>塩基配列分析<br/>PacBio RevioによりHiFiリードを取得する。<br/>解析セル数：1 SMRT Cell<br/>取得データ量の目安：60~90Gb</li> <li>情報解析 <ul style="list-style-type: none"> <li>• Hifiasmによる<i>de novo</i>アセンブル</li> <li>• RepeatModeler, RepeatMaskerによるリピート解析を行いソフトマスク配列を作成</li> <li>• Augustusによる遺伝子予測 (ソフトマスク配列に対し実施)</li> <li>• 機能アノテーション</li> </ul> </li> </ol> |   |
| 納品物   | <ul style="list-style-type: none"> <li>• 受託業務報告書</li> <li>• HiFiリード</li> <li>• ゲノムアセンブル配列 (Fastaファイル)</li> <li>• ソフトマスク配列 (Fastaファイル)</li> <li>• 遺伝子予測の結果 (cds, pepのFastaファイル、gffファイル)</li> <li>• 機能アノテーションの表</li> </ul>   |   |
| 参考見積  | 1,339,800円 (税込)  | 配列分析_606,100円 (税込)、情報解析_733,700円 (税込)   |
| 標準納期  | 作業開始後110営業日  | 配列分析_65営業日、情報解析_45営業日   |

## Revioに関する補足：

PacBio Revio 1セルあたりのHiFiリード取得の目安量は60~90Gbです。サンプルの状態によっては、60Gbに満たない場合もあります。

## 遺伝子予測に関する補足：

RNA-Seqや既知の遺伝子配列を用いたより高度な遺伝子予測を承ることも可能です。