

タイトル	ddRAD-Seq解析 [配列分析 + 情報解析]	
提供試料	● DNA (192 検体)                      □ 植物サンプル (                      )	
DNA抽出	● なし	□ あり ( □ 磁気ビーズ法      □ スピнкаラム法 )
情報解析	□ なし (                      ) ● あり ( <b>SNPs検出</b> )	
作業内容	1. DNAの品質確認 2. ddRAD-Seq用ライブラリ作製 (制限酵素 : PstI - MspI) 3. 塩基配列分析 DNBSEQ-G400RSによる <b>100bpのペアエンド分析×1レーン</b> 5.6億リード、サンプルあたり平均約292万リード ※リード数はあくまで目安です 4. 情報解析 ・リードの精査 (QC、トリミング) ・参照ゲノム配列へのマッピング (参照配列の指定あり) ・SNPsの検出  <オプション解析> GWAS解析、系統解析、PCRマーカー設計など	
納品物	・受託業務報告書 ・塩基配列データ (Fastqファイル) ・マッピング結果 (bamファイル) ・SNPs検出の結果 (VCFファイル) ・分析に供試したDNAの残り	
参考見積	851,400円 (税込)	配列分析_466,400円 (税込)、情報解析_385,000円 (税込)
標準納期	作業開始後70営業日	配列分析_40営業日、情報解析_30営業日

**DNAサンプルの提供条件 :**

濃度20ng/μL以上、A260/A280の値が1.8以上で、アガロースゲル電気泳動で断片化していないことを確認したゲノムDNAを各200ng以上ご提供ください。

**取得データ量に関する補足 :**

ddRAD-Seqで取得すべきデータ量については、対象とする種のゲノムサイズや解析集団の多様性によって異なるため、一概に正解値を出すことはできません。一方弊所では、一応の目安として、500Mb~1Gb程度の種においては1系統あたり200万程度の配列リード数を取得することを目標にして、NGS解析に用いるプラットフォームを提案しています。