

タイトル	GRAS-Di [®] 解析 [配列分析+情報解析]	
提供試料	□ DNA () ● 植物サンプル (葉 192 検体)	
DNA抽出	□ なし	● あり (● 磁気ビーズ法 □ スピンカラム法)
情報解析	□ なし ()	● あり (SNPs検出、汎用的な解析法を利用)
作業内容	<p>1. DNA抽出 DNA自動抽出装置oKtopure (LGC Biosearch Technologies) を使用</p> <p>2. GRAS-Di[®]ライブラリ作製 63プライマーセットによる1st PCR、各サンプル2種類のインデックスを付与</p> <p>3. 塩基配列分析 DNBSEQ-G400RSによる100bpのペアエンド分析×1レーン 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</p> <p>4. 情報解析</p> <ul style="list-style-type: none"> ・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 <p><解析方法について> トヨタ社で開発したプログラム (GRAS-Di[®]) を用いた解析も選択可能です。</p>	
納品物	<ul style="list-style-type: none"> ・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) 	
参考見積	1,068,100円 (税込)	配列分析_663,300円 (税込)、情報解析_404,800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

情報解析に関する補足：

指定の参照ゲノム配列にマッピングして、汎用的な方法 (GRAS-Di[®]以外にも使われている方法) で変異 (SNPs) を検出する解析では、共優性マーカーとしてGenotypeデータが算出されます (両側ホモ、ヘテロ)。一方、トヨタ社で開発したプログラム (GRAS-Di[®]) を用いた解析は、配列をクラスタリングすることにより変異を検出する方法です。また、共優性マーカー候補を任意の設定値で出力でき、異質倍数体についても対応可能です。費用は、汎用的な方法で解析を進める場合よりも若干リーズナブルです。