

Whole Genome Assembly

タイトル	全ゲノム解析 [配列分析+情報解析]
提供試料	□ DNA() ● 植物サンプル (葉 1 検体)
DNA抽出	□ なし ●あり (□ 磁気ビーズ法 ● Genomic-tip法)
情報解析	□ なし(● あり (アセンブル、遺伝子予測)
作業内容	 DNA抽出 Genomic-tip (QIAGEN)を使用 全ゲノム解析用ライブラリ作製(1ライブラリ) 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。 塩基配列分析 PacBio RevioによりHiFiリードを取得する。 解析セル数: 1 SMRT Cell 取得データ量の目安: 60~90Gb 情報解析 Hifiasmによるde novoアセンブル 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 Augustusによる遺伝子予測(ソフトマスク配列に対し実施) 機能アノテーション *情報解析は、当センターと連携する(株)セルイノベーターに再委託する場合があります *情報解析は、当せンターと連携する(株)セルイノベーターに再奏託する場合があります *情報解析は、当せンターと連携する(株)セルイノベーターに再奏託する場合があります *情報解析は、当せンターと連携する(株)セルイノベーターに再奏託する場合があります *情報を見替し、対域に対します *情報解析は、当せいのは、対域に対します *情報を見替し、対域に対します *情報を見替し、対域に対します *情報を見替し、対域に対します *情報を見替し、対域に対します *情報を見替し、対域に対します *情報を見替し、 *情報を見替し、 *情報を見替し、 *情報を見替し、 *情報を見替し、 *情報を見替し、 *情報を見替し、 *情報を見替し、<!--</th-->
納品物	・受託業務報告書 ・HiFiリード ・ゲノムアセンブル配列 (Fastaファイル) ・ソフトマスク配列 (Fastaファイル) ・遺伝子予測の結果 (cds, pepのFastaファイル、gffファイル) ・機能アノテーションの表
参考見積	1,056,000円 (税込) 配列分析_606,100円(税込)、情報解析_449,900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 $60\sim90$ Gb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。