

小スケール解析サービス (NGS Petit)

ウイルスゲノム、プラスミド、Long-PCR 産物等の全長解析に最適

ウイルスゲノム、プラスミド、Long-PCR 産物等、数 kb~200kb 程度の範囲の DNA 分子を対象に Illumina MiSeq による DNA-Seq 解析を行います。

約 60Mb~ の MiSeq 乗り合い解析で、短期間で最小限のデータ取得が可能です！

活用事例

- ウイルスゲノム DNA の全長配列の決定
- プラスミド DNA の全長配列の決定
- Long-PCR 産物の全長配列の決定

こんな解析にもご活用いただいています！

- 高等生物のゲノム DNA を対象にしたマイクロサテライト領域探索 (低カバレッジ解析)
- リンカー配列が付いていない PCR 産物 (200~450bp) の Amplicon-Seq 解析 (断片化をスキップ)

解析仕様

使用機器	: Illumina MiSeq
ライブラリ	: PCR-Plus / PCR-Free 選択可能
読み取り方法	: Paired-End 法 (300bp x 2)
データ取得量	: 60Mb (10 万リードペア) ^{※1}
データ解析	: お問い合わせください。 ^{※2}
サンプル必要量	: 2ug 以上 (50ng/ul 以上) ^{※3}

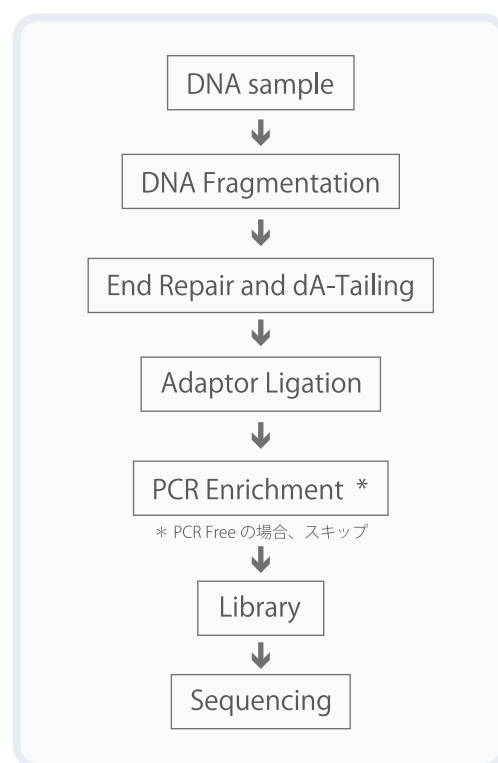
※1 データ取得量は、60Mb 単位を 1 口として変更可能です。ご希望がございましたら事前にお問い合わせください。

※2 データ解析は、アセンブル / マッピング / その他、ご研究の内容・ご要望に応じて適宜対応いたします。

※3 サンプル必要量は推奨量です。条件に満たない場合は、お気軽にご相談ください。

納 期：約 1 ヶ月~[※]

※ 弊社スケジュールにより。データ解析に掛かる期間は含まれておりません。



ご提供いただいた DNA をランダム断片化した後、ライゲーションによりシーケンス用アダプターの付加を行い、ペアエンドシーケンスにより DNA 断片の両端の塩基配列を決定します。

1 リード当たり 300bp の読み取り長で、一度に 60Mb 程度の塩基配列を網羅的に取得し、~200kb 程度のサイズ範囲の DNA を効率的に解析できます。