**次世代シーケンサー受託解析開始のお知らせ**

平成24年9月3日

利用者　各位

平成24年9月3日から次世代シーケンサーでの受託解析を開始致します。

中国地区国立大学の教職員は、このサービスを受けることができます。

ヒトゲノムDNAのエクソン領域のシークエンス解析を次世代シーケンサーSOLiD5500で解析します。SOLiDは他の機種に比べSNPなど変異の検出能力に優れています。

反応は、4サンプル単位でバーコードラベルを行い、エクソン領域をTargetSeq™ Exome Enrichment Kit(life technologies)で濃縮した後、フラグメントライブラリーで解析します。

**【受託料金】**

**ヒトエクソン**解析　**1サンプル　30万円　6 Gbp （保証）**

 (ヒトゲノムにマッピングされたDNA塩基数として6 Gbpを保証)

（マッピング解析込み）（4サンプル単位で解析）

納期は2ヶ月です。

データに問題がある場合は無償で再実験致しますが、その場合、納期が遅れることがあります。

安価な金額で次世代シーケンサーを体験していただくことができます。

標準サービスでマッピングのデータ解析を行います。さらにSNP解析やpathway解析など詳細な解析も共同研究としてお受け致します。

お送りいただいたサンプルに問題がある場合、解析せずに返却することもあります。

希望される方には、注意事項を説明しますので、サンプル調製前に必ずお電話かメールでご相談ください。

みなさまのご利用をお待ちしております。

 山口大学　大学研究推進機構

総合学実験センター・遺伝子実験施設　水上　洋一

Tel:0836-22-2184

e-mail: cgryu@yamaguchi-u.ac.jp

注意事項

1. 1サンプルの反応には、ゲノムDNA 3 µgを用います。これ以外に純度検定に約2 µgを使用しますが、測定誤差、輸送途中での分解やチューブでのロスを考慮に入れて10 µgのゲノムDNAをお送りください。
2. ゲノムDNAが細かく断片化している場合は、ライブラリーの収量が減少します。OD測定だけではなく、必ず泳動でサンプル純度を確認してください（解析前にこちらでも再度純度検定をします）。DNA抽出キットは、PureLink Genomic DNA抽出キット(インビトロジェン)を推奨しますが、カラムを用いるキットであれば、どの方法でも問題はありません。ただし、vortexなどはキットが推奨する方法で守ってください。DNAが全く切れていない場合も収量に影響がでます。
3. サンプルは、バーコード配列を付加し4サンプル単位で反応を行いますので、できるだけ4サンプル単位でお申し込みください。4サンプル未満の場合は、4サンプル集まるまでお待ちいただくことになります。
4. 解析は、フラグメント解析を行います。1リード（1回に読む配列の長さ）は75bpに設定されていますが、実際は平均60bp前後のデータが得られると考えてください。
5. エクソン濃縮は、TargetSeq™ Exome Enrichment Kit(life technologies)を用いて行います。エクソン領域は37 Mbpですので、エクソン領域だけが100%回収された場合、計算上のカバレッジは162（エクソン領域を162回読む）になります。ただし、実際には、回収率の低下やバーコードを付加している関係上、半分程度の平均カバレッジ（80前後）になる可能性があります。
6. 得られたデータは、Life Scope (Life techonolgies)でヒトゲノムエクソン領域にマッピングしてお渡しいたします。
7. ファイル形式は、ご要望に合わせてXSQファイル、CSFASTAファイル、BAMファイルなどに変換してお渡し致します。
8. SNP解析やpathway解析などをご希望される場合は、施設教員との共同研究としてお受け致します。ご希望がある方は、お申し出ください。
9. データは、基本的に外付けHDDなどの電子媒体に入れた状態でお渡し致します（その場合、電子媒体を返却する必要はありません）。
10. 2ヶ月以内にデータ解析結果をご報告させていただきます。解析結果が1サンプル6 Gbpに満たない場合は、無償で再解析を行いますが、その場合も2ヶ月以内に読めた時点でのデータをご報告させていただきます。
11. 料金の支払いは、データ解析結果のご報告後となります。科研費など研究機関が定められている予算の場合は、ご注意ください。