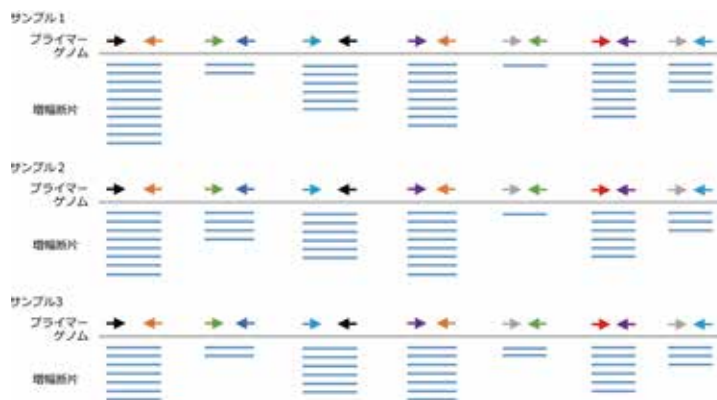


ランダムPCRを用いた 新規ジェノタイピング技術GRAS-Di[®]受託解析

次世代シーケンサーを利用した新規マーカー技術GRAS-Di[®] (Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct) は、ランダムプライマーを用いたPCR増幅により、ゲノムの複数箇所を配列決定し、ジェノタイピングを行う新規手法です。マーカー探索、マーカー選抜、QTL解析、連鎖地図等に利用できます。

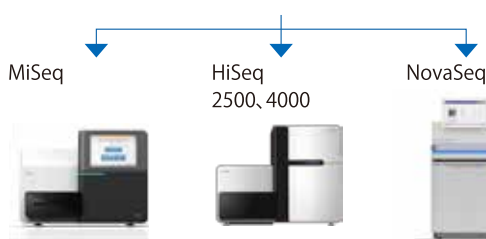
GRAS-Di[®]によるジェノタイピング解析の流れ

1.ランダムPCRによるライブラリ調整



2.シーケンス

サンプル数、ゲノムサイズ、希望データ量に合わせてシーケンサーを選択可能



3.データ解析

GRAS-Di[®]ソフトウェアによる解析

・アンプリコンごとにタグ化することで遺伝子型を判別

マッピング解析<オプション>

・参照ゲノム配列ヘリードをマッピングすることでSNP/Indelを検出

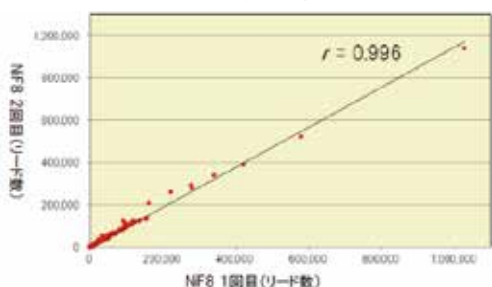
▽ 解析結果ファイルの内容



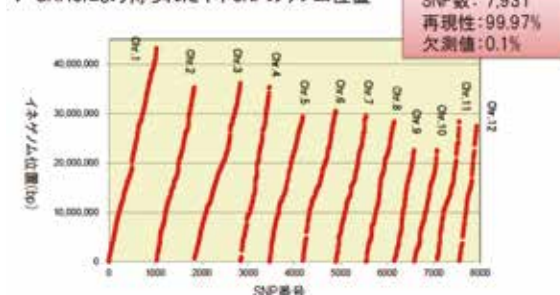
GRAS-Di[®]の特徴

・アンプリコンの増幅効率の再現性が良いため欠損値を軽減 ・ランダムPCRによるゲノムワイドな断片増幅を実現

▽シーケンスライブラリーの再現性確認



▽ GRASにより得られたイネSNPのゲノム位置



※GRAS-Di[®]はトヨタ自動車株式会社の登録商標です。



GRAS-Di[®]解析データの利用

- ・連鎖地図
- ・マーカー探索
- ・QTL解析
- ・GWAS解析
- など



連鎖地図

サービス内容

DNAサンプルをお送り頂くことでGRAS-Di[®]用ライブラリ調整、シーケンス、データ解析を行います。

サンプル送付(お客様)	gDNA > 100ngをご送付頂きます
クオリティーチェック	ご送付頂いたDNAサンプルのクオリティーを確認します。
ライブラリ調整	ランダムプライマーによるPCR増幅、2nd PCRによるライブラリ調整を実施いたします。
シーケンス	対応
	MiSeq : PE75、データ量期待値 3~4Gb
	HiSeq 2500 : PE100、データ量期待値 30~45Gb
	HiSeq 4000 : PE150、データ量期待値 90~110Gb
データ解析	・GRAS-Di[®]解析ソフトウェアによる解析<標準> GRAS-Di [®] 解析ソフトウェアでの解析結果(アンプリコンごとのリード数、配列、増幅断片のサイズ、遺伝子型等)をExcelファイルとして納品します。
	・マッピング解析<オプション> リファレンス配列が有る場合にはオプションでマッピング解析を承ります。 リファレンス配列へシーケンスデータをマッピングすることによりバリエーションを検出いたします。
	TGACTGACTGAC TGACTGAC TGACTGACTGAC TGAC TGACTGA TGACTGACT TGACTGACTG

豊富な解析プランを提供

相乗りプラン(お試しに最適)	8サンプル 8万円(税別)から提供
貸切プラン	サンプル数とシーケンサーをフレキシブルに設定
短納期プラン	DNA抽出からデータ解析まで短納期で対応