

夏期 限定

今年のアプロは
夏も安い!

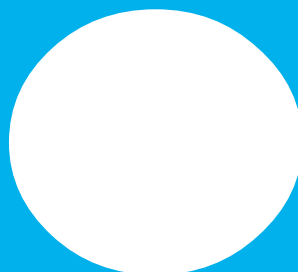
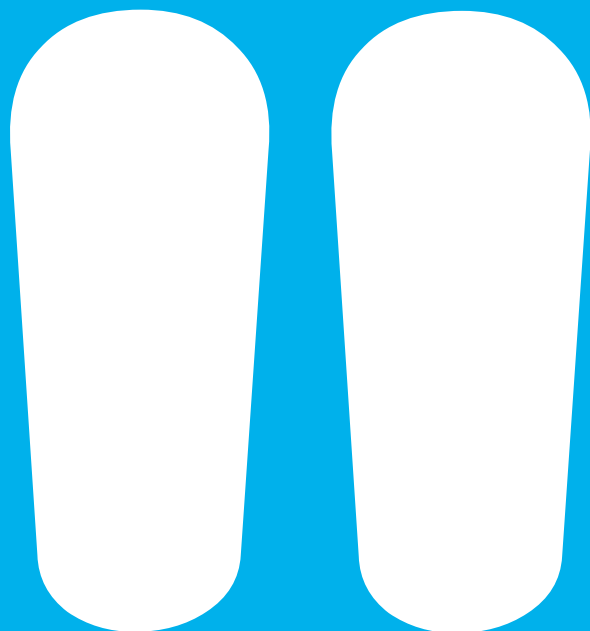
次世代シーケンス
キャンペーン

期間:2017年9月末まで



この夏、次世代シーケンスしませんか?

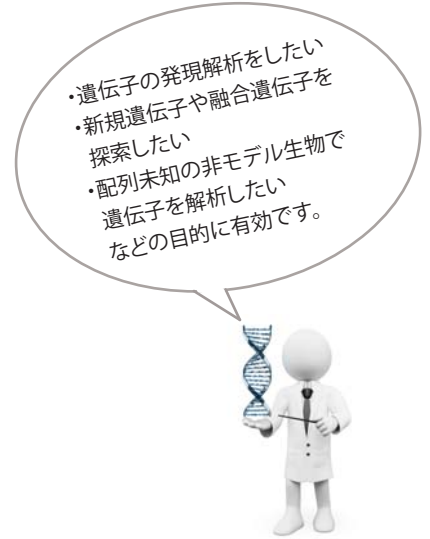
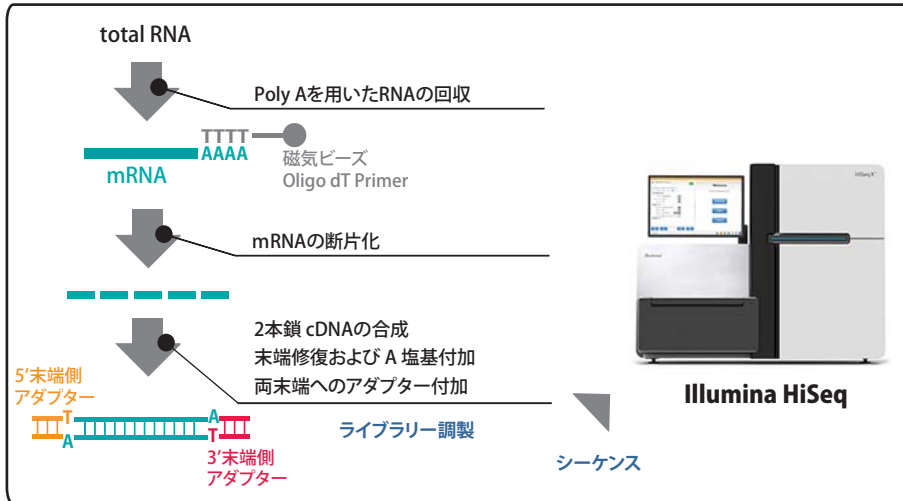
- ◆ mRNAシーケンス (RNA-Seq)
- ◆ ヒト/マウス エクソーム解析
- ◆ PacBio シーケンス
- ◆ メタゲノム解析



詳しくは
中をご覧ください

mRNAシーケンス (RNA-Seq)

mRNAシーケンス (RNA-Seq) は、転写産物をゲノムワイドに読み取ることが可能なサービスです。取得したデータはリファレンスにマッピングすることで、mRNAの探索と定量的なプロファイリングが可能となります。さらに、新規遺伝子や融合遺伝子の探索や疾患特異的な遺伝子配列の変異解析も可能です。また、非モデル生物などリファレンスの無い生物種においても、データの取得や解析が可能です。



パッケージ内容

- total RNA の品質チェック
- ライブラリー調製
- シーケンス
- データ解析 (別途オプション)

シーケンス条件

- 使用キット : Illumina TruSeq RNA Sample Prep Kit v2
 - 使用装置 : Illumina HiSeq 2500 or 4000
 - データ量 : 4Gb/サンプル, 100bp, paired end
- ※データ量・シーケンス条件の変更は、ご相談ください。

サンプル条件

- 形態 : total RNA
- 必要量 : 1 μ g以上
- 濃度 : 20 ng / μ l 以上

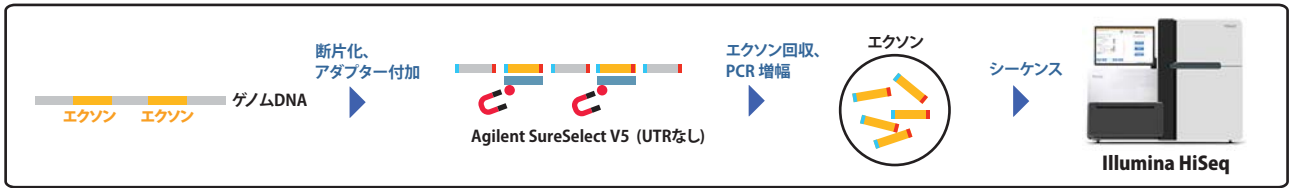
その他、様々なご要望にカスタムメイドで対応します!!

- ★ データ量・シーケンス条件の変更
- ★ Strand Specific の対応
- ★ polyA の無い原核生物の対応
- ★ リファレンスの無い生物種から *de novo* アセンブル、BLAST 検索 の解析
- ★ small-RNA のシーケンス
- ★ ノンコーディング RNA を含む Total RNA の解析
- ★ 数十検体～の多検体の対応

項目名	内容	キャンペーン価格(税別)
mRNAシーケンス (シーケンスまで、1 サンプルあたり)	4Gb/サンプル (100bp, paired end)	¥ 85,000
データ解析 (1 サンプルあたり)	マッピング 発現値算出 発現変動比較解析	¥ 40,000

ヒト/マウスエクソーム解析

ゲノムのエクソン領域に対するプローブを設計してエクソン特異的な解析を行います。SNPs や in/del など、エクソンに内包された各種多型の探索から、インフォマティクス解析を用いた統計解析まで、ご希望に合わせた解析をご提供します。



パッケージ内容

- ゲノムDNA の品質チェック
- エクソーム解析用ライブラリー調製
Agilent Sure Select V5 (UTRなし)
- シーケンス
- データ解析 (別途オプション)

シーケンス条件

- 使用装置 : Illumina HiSeq2500 or 4000
- データ量 : 5Gb/サンプル, 100bp, paired end
- ※V6, UTRあり等のキットの変更や取得データ量の変更も可能です。ご相談ください。

サンプル条件

- 形態 : ゲノムDNA (精製済み)
- 必要量 : 1 μg以上
- 濃度 : 50 ng / μl 以上
- 電気泳動で Smear なし

項目名	内容	キャンペーン価格(税別)
ヒト/マウス エクソーム解析 (シーケンスまで、1 サンプルあたり)	5Gb/サンプル (100bp, paired end)	¥ 85,000
データ解析 (1 サンプルあたり)	マッピング SNP解析 small in/del 検出	¥ 15,000

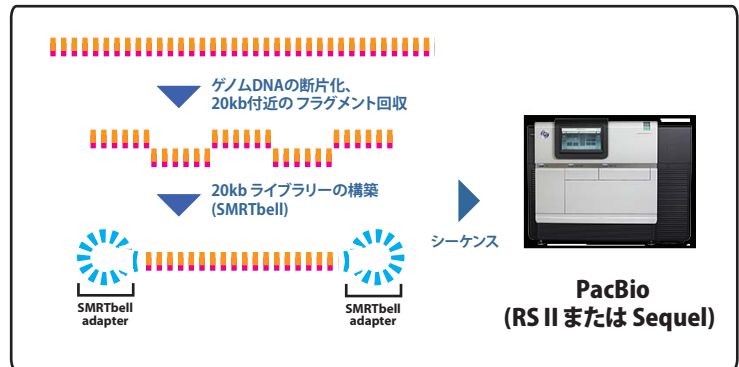
微生物ゲノムの解析にピッタリ。平均リード長 10kb 以上の超ロングリードのシーケンス。

PacBio シーケンス

PacBio は、従来のシーケンサーに比べて圧倒的に長いリードの取得が可能です。本分析は、ゲノムサイズが数Mb 程度の細菌のゲノム解析、リピート配列の解析、ドラフト配列のギャップクロージング等に有効です。

サンプル条件

- 形態 : ゲノムDNA (精製済み)
- 必要量 : 16 μg以上
- 濃度 : 50 ng / μl 以上
- 電気泳動で Smear なし



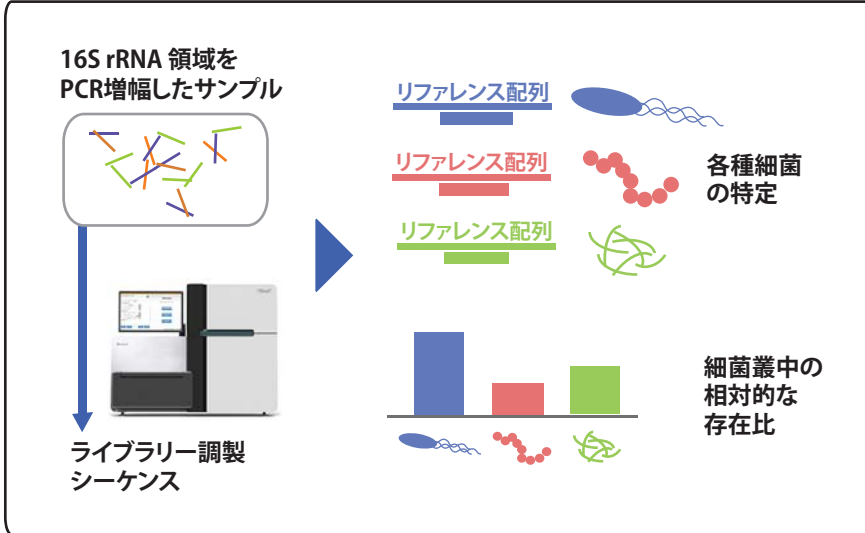
装置	項目名	内容	キャンペーン価格(税別)
RS II	ライブラリー調製	1 ライブラリー (8cell分)	¥ 82,000
	シーケンス	0.5-1Gb/1cell	¥ 98,000
Sequel	ライブラリー調製	1 ライブラリー (2cell分)	¥ 82,000
	シーケンス	4Gb/1cell	¥ 358,000

上記には、データ解析の費用は含まれません。データ解析(アセンブル)には、別途費用が必要です。

メタゲノム解析 (16S rRNA 領域の細菌叢解析)

多様な微生物が含まれている微生物集団サンプルについて、16S rRNAをコードしているゲノムDNA領域を増幅したPCR産物 (アンプリコン) のシーケンスを行います。

得られた膨大なリードデータから、16S rRNAデータベースに対して検索および系統解析を行い、菌叢解析を実施します。



パッケージ内容

- ゲノムDNAの品質チェック
- 16S rRNA 領域を増幅・ライブラリ調製
- シーケンス
- データ解析 (別途オプション)

シーケンス条件

- 使用装置 : Illumina MiSeq
 - データ量 : 約10万リード/サンプル, 300bp, paired end
- ※データ量・シーケンス条件の変更は、ご相談ください。

サンプル条件

- 形態 : ゲノムDNA (精製済み)
- 必要量 : 60 ng 以上
- 濃度 : 2 ng/μl 以上

項目名	内容	キャンペーン価格(税別)
メタゲノム解析 (シーケンスまで、1 サンプルあたり)	MiSeq, 300bp, paired end, 約10万リード	¥ 15,000
データ解析 (1 解析あたり)	OTU解析	¥ 75,000



アプロサイエンスでは、次世代シーケンスの様々なアプリケーションをご用意しています。

- ★ホールゲノム解析 ★ChIPシーケンス ★バイサルファイトシーケンス (メチル化解析) など

詳細についてはホームページをご覧ください ⇒ <http://aproscience.com/>



株式会社 **アプロサイエンス**

☎ 088-683-7211 ☒ info@aprosci.com

<http://aproscience.com/>

【本社】
〒771-0360 徳島県鳴門市瀬戸町明神字板屋島124-4 TEL:088-683-7211 FAX:088-683-7212

販売店