

# 次世代シーケンシング受託解析サービス Hi-C シーケンス解析



\* 本サービスは、Phase Genomics社で実施します。本サービスに関する製品情報は、Phase Genomics社web siteより一部引用・改変しています。

## Proximo™ Hi-C Genome scaffolding受託解析サービス

### 特長 インタクトな細胞から、染色体スケールのスケパホルドを構築!!

- ✓ 動植物の新規ゲノムを染色体スケールでアセンブリ:コンティグの95%以上(長さ)を含むスケパホルド
- ✓ 高分子DNAの抽出が不要:ホルムアルデヒド固定した細胞/組織を用いて解析
- ✓ コンタミしたDNAのデータの除去
- ✓ あらゆるシーケンスプラットフォームのアセンブリに対応:illumina, PacBioなど

各種Hi-C Kitもご購入いただけます!

- Human Hi-C Kit
- Plant Hi-C Kit
- Animal Hi-C Kit
- Microbe/Microbiome Hi-C Kit

### 解析例

(例1) ヤギ

Goat	PacBio (PB)	+Proximo
Contigs/Scaffolds	3110	31
Scaffold Length	2.6 Gb	2.7 Gb
Scaffold N50	4.7 Mb	91.7 Mb

(例2) テンサイ

Sugar Beet	PB	PB +Proximo
Contigs/Scaffolds	938	10
Scaffold Length	563 Mb (contigs)	558 Mb
Scaffold N50	1.4 Mb (contig)	64.8 Mb

(例3) 植物サンプル

Contaminated Plant	illumina	+Proximo
Contigs/Scaffolds	12,787	11
Scaffold Length	471 Mb	295 Mb
Scaffold N50	3.8 kb	26.3 Mb
Assembly % Expected Size	158.6%	99.3%
Fungal contigs in assembly	1,471	4
Bacterial contigs in assembly	1,582	0

- 納品物**
- ✓ スケパホルド (FASTA形式)
  - ✓ Raw data : paired Hi-C reads (FASTQ形式)
  - ✓ ヒートマップ
  - ✓ スケパホルド図
  - ✓ アセンブリ結果

### Price

サービス内容	数量	税別価格	カタログ#
Proximo™ Genome scaffoldingサービス	1サンプル	お問い合わせ	お問い合わせ

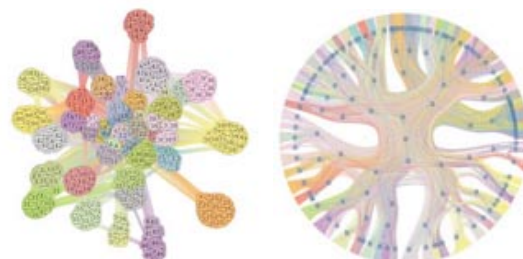
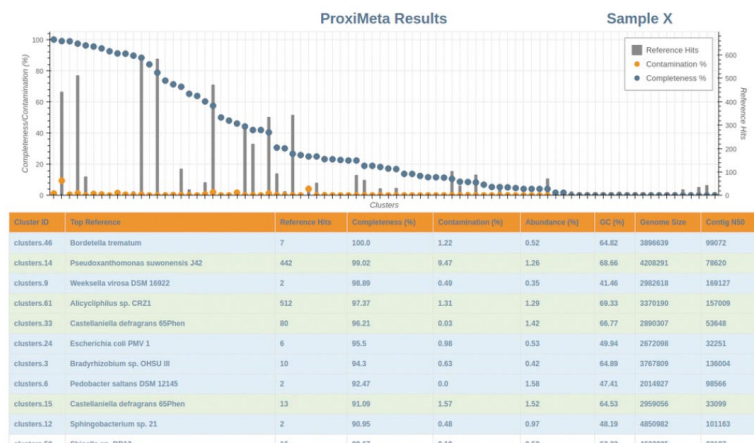
## Proximo™ Hi-C Metagenome Deconvolution受託解析サービス

### 特長 混合サンプルに含まれる多数のゲノムから、同一細胞由来のゲノムを特異的にアセンブルします!!

- ✓ 混合サンプルを培養せずに解析可能
- ✓ 種/株特異的なアセンブリ:プラスミドと宿主生物の関係も同定
- ✓ ショットガンシーケンスにより得られたドラフトアセンブリを、Hi-Cシーケンスによりデコンボリューション
- ✓ 既知および新規生物に対応

### 解析例

デコンボリューション後、各ゲノムアセンブリの完全性、コンタミスクラスタリングのレベルおよびサンプル中の各生物のアバundanceを評価。アセンブルされたゲノムをデータベースに照合し、種の同定を行う。新規ゲノムについては、近縁種で同定する。



- 納品物**
- ✓ Raw data (FASTQ形式)
  - ✓ アセンブリ (FASTA形式)
  - ✓ 解析レポート、BLAST結果
  - ✓ クラスタ図、Circos図など

### Price

サービス内容	数量	税別価格	カタログ#
Proximo™ Hi-C Metagenome Deconvolutionサービス	1サンプル	お問い合わせ	お問い合わせ

\* 掲載されている内容は、予告なく変更される場合がありますこと、予めご了承ください。