

次世代シーケンシング受託解析サービス

Proximo™ Hi-C Genome scaffolding



* 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・変更しています。

受託解析サービス

● 次世代シーケンシング受託解析サービス-Proximo™ Hi-C Genome scaffolding

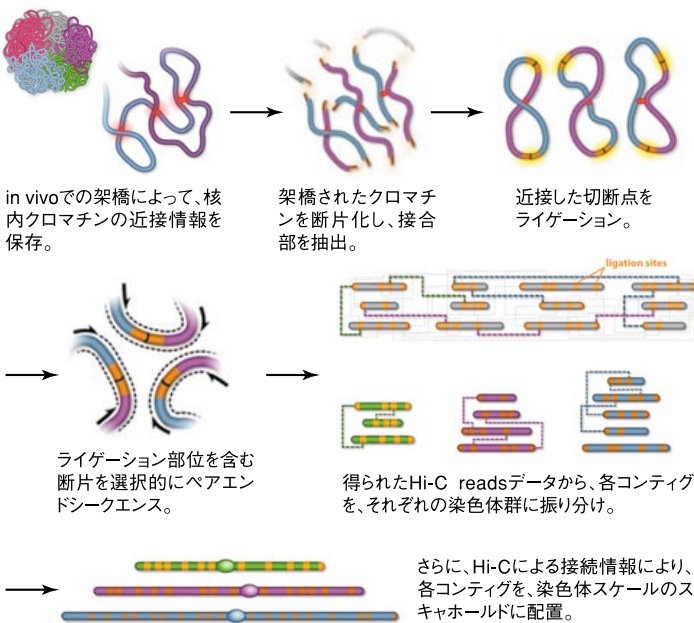
インタクトな細胞から、染色体スケールのスキヤホールドを構築!!

Phase Genomics社独自のProximo™ Genome scaffoldingサービスは、多様な動植物ゲノムにおいて、染色体スケールのアセンブルを行います。Hi-C法の応用により、ホルムアルデヒド固定した細胞・組織を用いて、クロスリンクしたクロマチンから、選択的にDNAライブラリーを製・シーケンスすることで、各染色体の連続性情報を取得し、断片化されていたコンティグから、染色体スケールのスキヤホールドを導きます。

特長

- ✓ 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)を含むスキヤホールド
- ✓ 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:iillumina, PacBioなど

解析の流れ



ご提供いただくサンプルおよび情報

- ✓ Draft assembly (FASTA形式)
- ✓ インタクトな組織サンプル

* 組織サンプルを送付頂く場合、生物種によっては輸出・輸入制限がある場合がありますこと、あらかじめご了承下さい。

納品物

- ✓ スキヤホールド (FASTA形式)
- ✓ Raw data :paired Hi-C reads (FASTQ形式)
- ✓ ヒートマップ
- ✓ スキヤホールド図
- ✓ アセンブリ結果

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

PacBioとの組み合わせにより、染色体スケールのスキヤホールドが得られた。

(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	1471	4
Bacterial contigs in assembly	1582	0

illuminaによるアセンブル結果に含まれるコンタミを軽減した。

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