

SNPジェノタイピングアレイ受託解析サービス

Affymetrix® Genome-Wide Human SNP Array 6.0

2018オースタムキャンペーン

※詳細は弊社web siteをご覧ください。

*本サービスは、海外受託業務提携先にて実施します。

Affymetrix® Genome-Wide Human SNP Arrayを用いた受託解析サービスを提供しています。

特長

Affymetrix® Genome-Wide Human SNP Array 6.0は、一塩基多型 (SNP) 906,600以上とコピー数多型を検出するためのプローブ946,000以上を含む、180万以上の遺伝子マーカーを調べることができます。SNP Array 6.0は、コピー数解析と関連解析を結びつけることができる唯一のプラットフォームで、高解像度のリファレンスマップや、Broad Instituteで開発されたCopy number polymorphism (CNP) コールアルゴリズムとともに提供されます。中央値696 bpマーカー距離により、非常に小さな過剰や欠失でも、数多くのデータポイントによって予測することができます。これはつまり、コピー数変化の存在とそのブレークポイントの微細なマッピングがより確実にわかるということを意味します。業界最先端の性能を備え、1枚のアレイで解析できる遺伝的変異が他製品よりも多いことにより、最高レベルのパネル解析能力を実現しており、ゲノムの物理的カバー率も最大です。

【906,600以上のSNP】

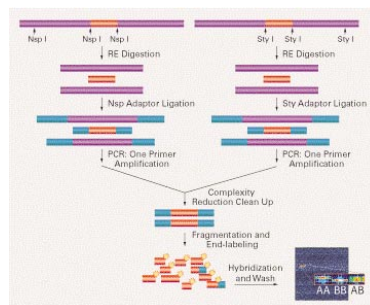
- 482,000のSNPを偏りなく選択、SNP Array 5.0から受け継がれたSNP
- 424,000追加SNPの選択
 - タグSNP
 - X, Y染色体からのSNP
 - ミトコンドリアSNP
 - dbSNPデータベースに追加された新しいSNP
 - 組み替え多発部位のSNP

【946,000以上のコピー数プローブ】

- Tronto Database of Genomic VariantsからのCNV領域5,677ヶ所をターゲットとする202,000プローブ
- ゲノム全体に均等に配置された744,000のプローブ
- 一般的なSNP/コピー数解析プラットフォームに比べ、約10倍のコピー数変化を検出可能
- Non-polymorphicプローブを搭載した唯一のプラットフォーム
 - CNPのカバーは約3倍
- GTC3.0では、新たに、高解像度のリファレンスマップや、Broad Instituteで開発されたCopy number polymorphism (CNP) コールアルゴリズムを提供

原理

ゲノムDNAをNspIおよびStyIを用いてそれぞれ制限酵素処理します。全てのgDNA断片の3', 5'末端にアダプターライゲーションします。アダプターを認識するジェネリックプライマーを加え、DNA断片を増幅させます。PCR増幅させた各産物を合わせ、ポリスチレンビーズを用いて精製します。増幅産物は、ハイブリダイズのため、さらに断片化され、標識化およびハイブリダイズされます。



サービス内容

Affymetrix社の推奨する以下の手順で、ターゲットサンプルの調製および全自動化装置によるハイブリダイゼーション、スキャンニング等の作業を行います。解析には、Affymetrix社が推奨する試薬・ソフトウェアを使用します。

- DNA増幅
- 断片化処理
- ポリメラーゼによる伸張反応
- 蛍光標識
- SNP Array 6.0とのハイブリダイゼーション
- スキャンニング

納品物

- Raw data (.cel format)

Price

サービス内容	税別価格	カタログ#
Genome-Wide Human SNP Array 6.0 受託解析サービス	お問い合わせ	お問い合わせ