

RAD-seq解析



御見積いたします

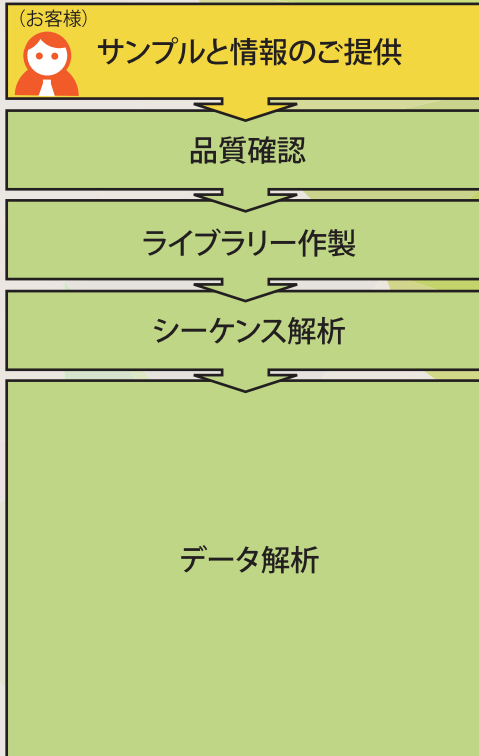
解析内容(目的や対象生物、サンプル数など)をお知らせください。最適なプランをご提案いたします。

納期:
6週間

参考価格) 24サンプルの例 (税別)

ライブラリー調整 (50,000円/8サンプル)	150,000円
シーケンス解析 ※4,000万リード保障	140,000円
データ解析	200,000円～
計 490,000円～	

●RAD-seq解析の流れ



ゲノムDNA (50ng/ul, 20ul 程度)を(株)生物技研へ送付ください。

Fragment analyzerを用いて、DNAの断片化の程度を確認致します。断片化が進んでいるようなDNAは、解析対象から外すことがあります。

ddRAD法を用いてライブラリーを作製致します。使用する制限酵素は、*MspI*と*EcoRI*の組み合わせですが、別の制限酵素からお選び頂くことも可能です。

Illumina NextSeq 500を使用してシーケンシング解析を行います。試薬はNextSeq Reagent Kit V2 (75cycles)を使用して、75bpのシングルリードを取得します。

系統発生解析:

Stacksを用いてRADseq lociをde novoアセンブルを行います。その後、RAxMLを使用してGTR+gammaモデルを用いた最尤法により進化速度を推定します。

連鎖地図作成:

Bowtieを用いてレファレンスにリードをマップした後、samtoolsとbcftoolsを用いて、SNPを検出致します。その後、vcftoolsを用いてSNPのフィルタリングを行います。さらに、欠測した遺伝子型のデータをBeagleにより補完致します。補完された遺伝子型データをもとにJoinmapを使用して、連鎖地図を作成致します。

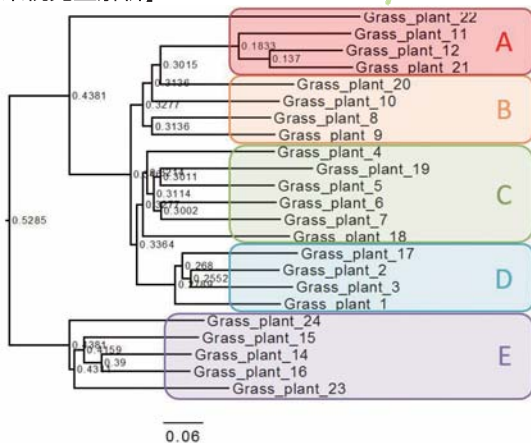
QTLマッピング:

連鎖地図作成と同様の方法で遺伝子型を決定した後、R/qtlを用いてQTL領域を推定致します。

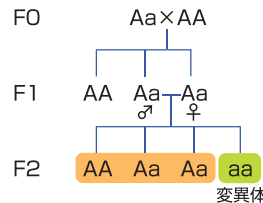
●RAD-seq解析事例

解析事例-1) 植物の地域個体群を解析

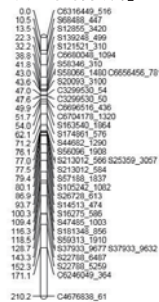
【系統発生解析】



解析事例-2) ある特徴的な性質をもった魚類の解析



【連鎖地図作成】



【QTL マッピング】

