

# RAD-seq解析

Restriction Site Associated DNA Sequence

# MIG-seq解析

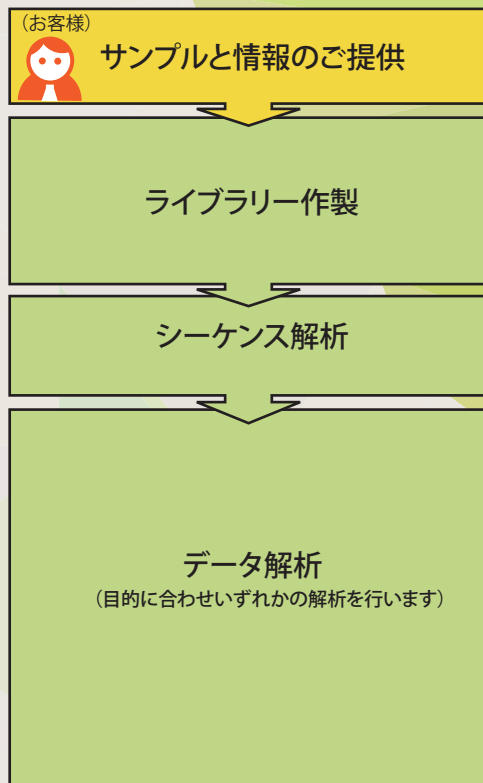
Multiplexed ISSR by sequencing

¥ 価格例は裏面に

納期:  
1~2ヶ月

塩基多型を検出し、得られたSNPマーカーを用いて、系統発解析や連鎖地図作成、QTLマッピングを行います。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。

## ●解析の流れ



ゲノムDNAを(株)生物技研へ送付ください。必要DNA量は裏面をご覧ください。

<RAD-seq解析>  
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。

<MIG-seq解析>  
Suyama and Matsuki, 2015.と同様の方法を用いて、ライブラリーを作製します。東北大学・陶山佳久先生のご指導のもと、方法を一部改変しております。

Illumina NextSeq 500を使用してシーケンシング解析を行います。RAD-seq解析は75bpのシングルリード、MIG-seq解析は150bpペアエンドリードを取得します(シーケンサーの稼働状況により変更になる場合もあります)。

**系統発解析(10万円):**  
Stacksを用いて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。

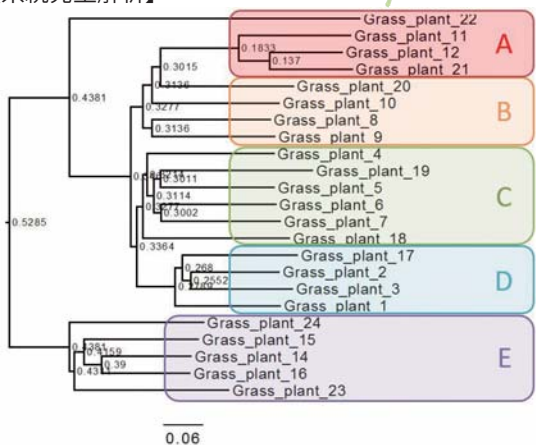
**連鎖地図作成(20万円):**  
Bowtieを用いてレファレンスにリードをマップした後、samtoolsとbcftoolsを用いて、SNPを検出致します。その後、vcftoolsを用いてSNPのフィルタリングを行います。さらに、欠測した遺伝子型のデータをBeagleにより補完致します。補完された遺伝子型データをもとにJoinmapを使用して、連鎖地図を作成致します。

**QTLマッピング(20万円):**  
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。

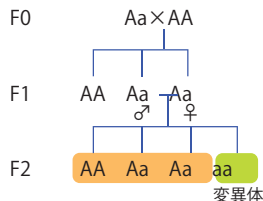
## ●解析事例

### 解析事例-1) 植物の地域個体群を解析

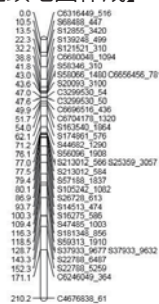
【系統発解析】



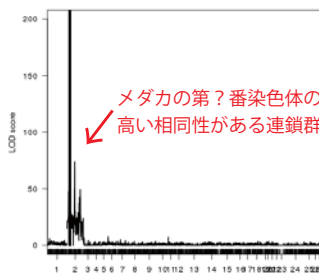
### 解析事例-2) ある特徴的な性質をもった魚類の解析



【連鎖地図作成】



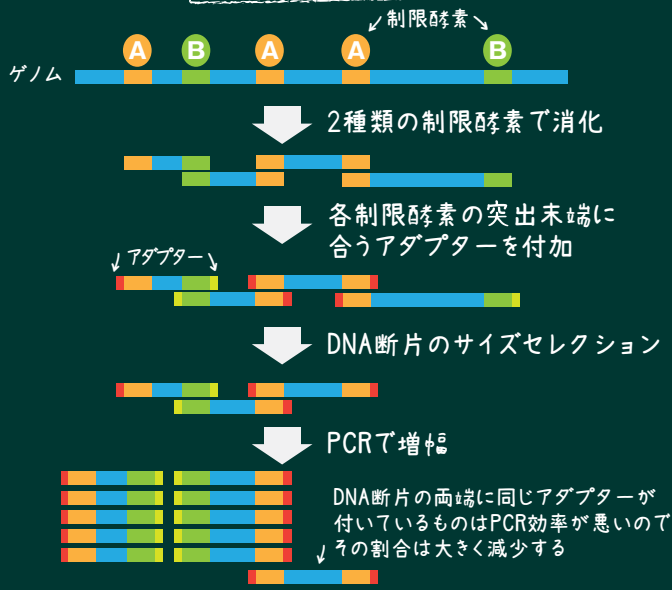
【QTL マッピング】



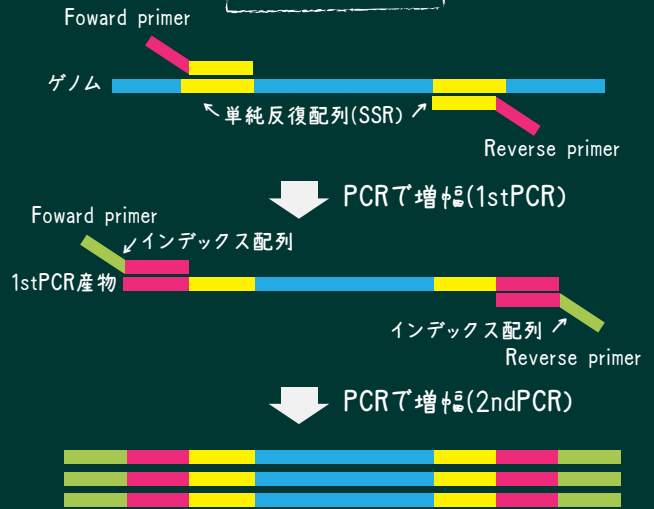
メダカの第7番染色体の一部と高い相関性がある連鎖群

RAD-seq と MIG-seqは、ライブラリー作製の方法が異なります。

### RAD-seq



### MIG-seq



## RAD-seq解析とMIG-seq解析の比較

		RAD-seq解析	MIG-seq解析
ライブラリー作製様式		制限酵素	PCR
塩基解読する領域		制限酵素部位の間	単純反復配列 (SSR) の間
得られる多型の数		多い (-100,000 SNPs)	少ない (-1,000 SNPs)
適した解析名		遺伝子地図作製やqtl解析、集団解析	集団解析
必要DNA量		多い (100ng以上)	少ない (2-100ng)
DNAの品質		高品質のDNAが必要	低品質のDNAでも可
費用		高い	安い
価格例 (税別)	48サンプル	ライブラリー調製 300,000円 (50,000円/8サンプル) シーケンス解析 180,000円 ※1サンプルあたり100万リード程度 システム発生解析 100,000円 計 580,000円 (1サンプルあたり 12,083円)	ライブラリー調製 150,000円 (25,000円/8サンプル) シーケンス解析 150,000円 ※1サンプルあたり50万リード程度 システム発生解析 100,000円 計 400,000円 (1サンプルあたり 8,333円)
	96サンプル	ライブラリー調製 600,000円 (50,000円/8サンプル) シーケンス解析 360,000円 ※1サンプルあたり100万リード程度 システム発生解析 100,000円 計 1,060,000円 (1サンプルあたり 11,042円)	ライブラリー調製 300,000円 (25,000円/8サンプル) シーケンス解析 300,000円 ※1サンプルあたり50万リード程度 システム発生解析 100,000円 計 700,000円 (1サンプルあたり 7,292円)