

GRAS-Di[®]解析 新サービス

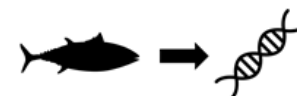
2021年9月よりテストリリース

お客様のジェノタイピング研究をトータルにサポートします！

NEW

ゲノムDNA
抽出

• 検体からのゲノムDNA抽出を行います。組織、エタノール浸漬検体、細胞ペレットなど様々な検体に対応いたします。



既存の
基本サービス

GRAS-Di解析
SNP抽出

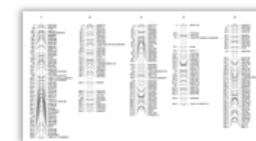
• ゲノムDNAサンプルをお預かりして、GRAS-Di技術によるジェノタイピング解析、SNP抽出解析を行います。



NEW

連鎖地図作成

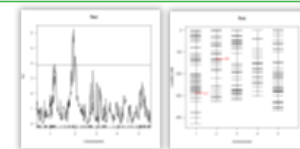
• アンプリコンのジェノタイピング結果（PAVマーカー）とSNP抽出結果（SNPマーカー）を基に、OneMap等を用いて連鎖地図を作成いたします。



NEW

QTL解析

• 連鎖地図とフェノタイプ情報（形質データ）を基に、R/qtlを用いてQTL（Quantitative Trait Loci）解析を行い、QTL近傍のマーカー候補を検出いたします。



NEW

DNAマーカー
作製支援

• ターゲットのSNPやINDELを見分けるDNAマーカー用のプライマーを設計、合成して、検証済のプライマーを納品いたします。

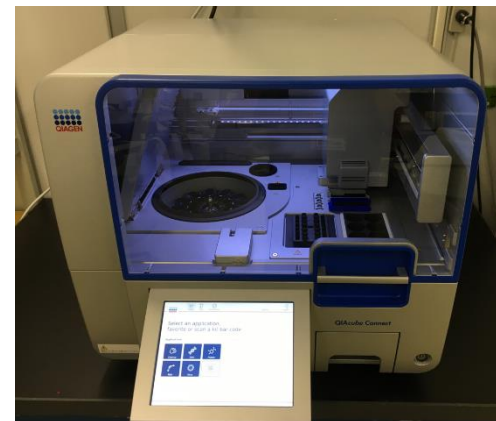


<サービス仕様>

- 抽出方法：QIAGEN DNeasy Blood & Tissue Kitを使用
- 溶出液：AE buffer（DNeasyキット付属バッファー）
- 品質確認：UV測定、アガロースゲル電気泳動
Agilent TapeStationによる測定（オプション）
- 標準納期：2-4週間
- 価格：お問合せください [お問合せフォーム](#)

※抽出結果のDNAの品質（収量、分解度など）は、お預かりした検体の性状に依存しますので、品質保証はできませんことを予めご了承ください。

※検体数が多い場合や、検体が集中する繁忙期には、納期を追加させて頂く場合がございます。



<検体のご提出方法>

- 以下の検体を入れた1.5mlチューブを2本以上（抽出2回分以上）ご提出ください。

| 検体の例 | 形状、保存状態 | 必要量 | 送付方法 |
|-----------|---------------|------------------------|---------|
| 組織 | 3~5mm角、-80℃保存 | 25mg 以上（脾臓は10mg 以上） | ドライアイス便 |
| エタノール浸漬組織 | 3~5mm角、冷蔵保存 | 25mg 以上 | 冷蔵便 |
| 細胞 | ペレット、-80℃凍結状態 | 5×10 ⁶ 個 以上 | ドライアイス便 |

※上記以外の組織、保存状態、必要量に満たない場合はご相談ください。

<サービス仕様>

- ・ 使用ソフト：OneMap
- ・ 入力データ：

【リファレンス無しの場合】

ジェノタイプデータ (GRAS-Diソフト結果)

【リファレンス有りの場合】

ジェノタイプデータ (GRAS-Diソフト結果)

マッピングデータ (GRAS-Diソフト結果)

SNP抽出結果 (vcf形式)

- ・ 納品物：解析報告書(pdf)
連鎖地図(png形式)
マップデータ(csv形式)
OneMap形式データ

・ 標準納期：3-6週間

・ 価格：お問合せください

お問合せフォーム

解析手順

1. 【リファレンス無しの場合】

マーカーを連鎖群に分離 (group関数)

【リファレンス有りの場合】

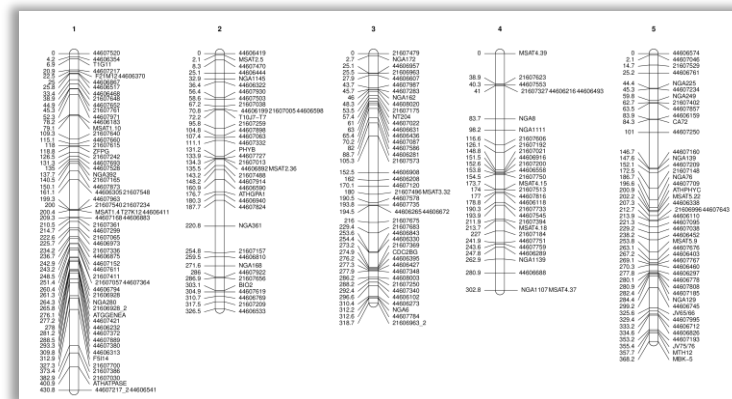
マーカーを各染色体に割当 (group_seq関数)

2. 各染色体の中でマーカーを並び替え

(order_seq関数, window size = 4, 5, 6, algorithm="Rapid Chain Delineation")

3. マーカーをマッピング (map関数、type="kosambi")

4. 連鎖地図を描画 (drawmap2関数、LinkageMapView)



A. thaliana (n=5) の解析例

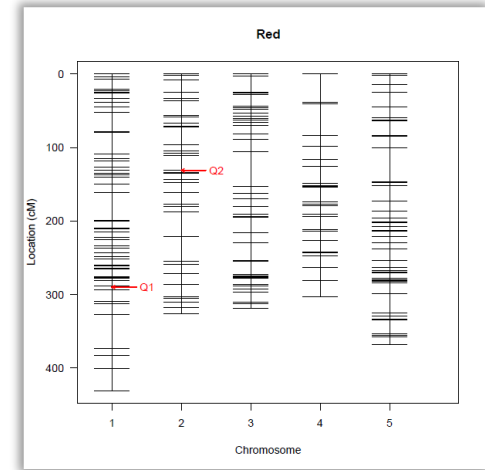
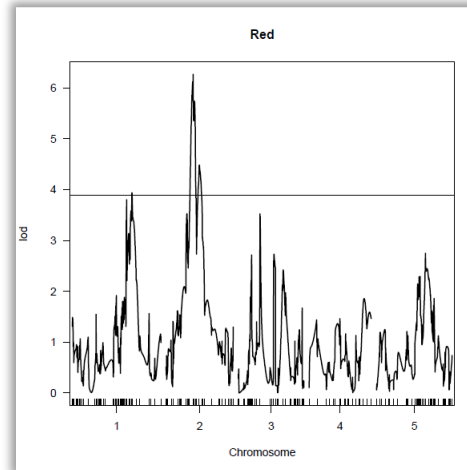
<サービス仕様>

- ・ 使用ソフト：R/qtl
- ・ 入力データ：
ジェノタイプデータ (GRAS-Diソフト結果を利用)
マップデータ (連鎖地図作成等の結果を利用)
フェノタイプデータ (お客様よりご提供)
- ・ 解析手順

1. Composite Interval Mappingを行う
(cim関数, method="Haley-Knott")
2. 並べ替え検定により有意水準を推定
(permutation=1000)
3. 2で計算したLOD閾値を超える
マーカーをQTLとして検出

- ・ 納品物：解析報告書(pdf)
LODチャート(png形式)
数値データ(csv形式)
- ・ 標準納期：3-6週間
- ・ 価格：お問合せください

お問合せフォーム



A. thaliana (n=5) の解析例

QTL: Quantitative Trait Locus
LOD: Logarithm of Odds score

<サービス仕様>

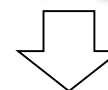
- ・ ご注文単位：候補変異1つ毎
- ・ プライマー仕様：
20-25mer程度、OPC精製、1 O.D.以上
- ・ 検証作業：
ジェノタイプの異なるホモ型、
ヘテロ型のサンプルを使用して、
PCR/Sangerシーケンス/HRM解析
- ・ 納品物：
プライマー配列 (2セット / 候補変異)
Sangerシーケンス結果
HRM解析結果(オプション)
- ・ 標準納期：マーカー選定後2~3週
- ・ 価格：お問合せください

お問合せフォーム

OPC: Oligonucleotide Purification Cartridge
HRM : High Resolution Melting

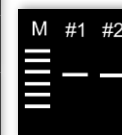
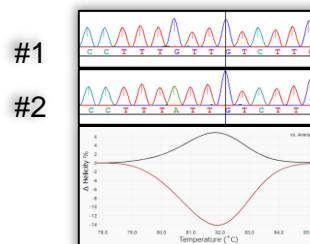
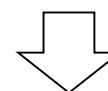
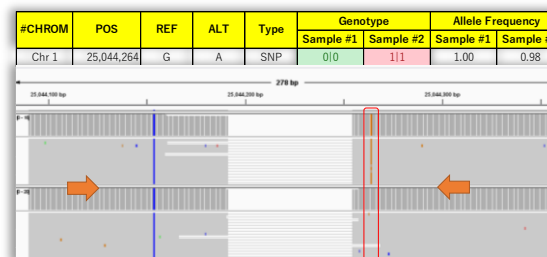
マーカー変異候補リスト

| #CHROM | POS | REF | ALT | Type | Genotype | | Allele Frequency | |
|--------|------------|--------|-----|-------|-----------|-----------|------------------|-----------|
| | | | | | Sample #1 | Sample #2 | Sample #1 | Sample #2 |
| Chr1 | 13,316,415 | C | T | SNP | 0/0 | 1/1 | 1.00 | 1.00 |
| Chr1 | 25,044,264 | G | A | SNP | 0/0 | 1/1 | 1.00 | 0.98 |
| Chr2 | 26,699,402 | ATATAT | AT | SSR | 0/0 | 1/1 | 0.95 | 1.00 |
| Chr3 | 29,328,373 | AATGA | AA | INDEL | 0/0 | 1/1 | 1.00 | 0.88 |
| Chr4 | 5,973,911 | T | C | SNP | 0/0 | 1/1 | 1.00 | 1.00 |
| Chr4 | 5,973,804 | C | G | SNP | 0/0 | 1/1 | 1.00 | 1.00 |
| Chr5 | 18,589,235 | A | G | SNP | 1/1 | 0/0 | 0.91 | 1.00 |



変異を選定

候補変異を増やすプライマーを設計

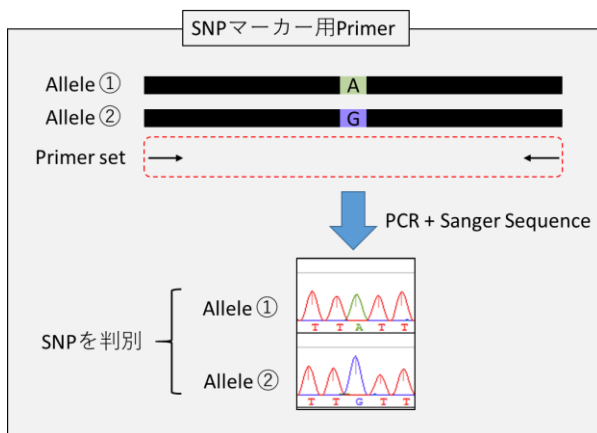


電気泳動や
Sangerシーケンス
HRM解析を
利用した検証

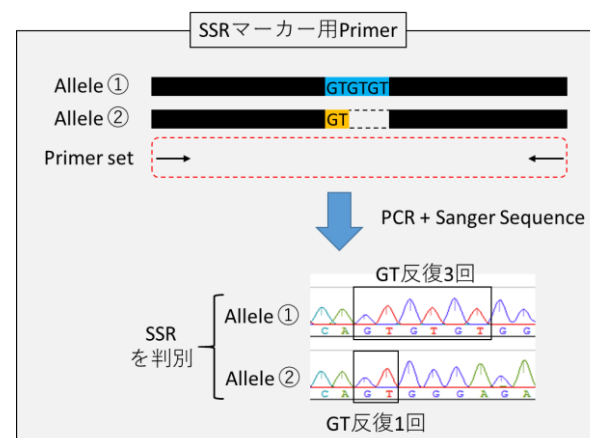
<作製可能なマーカータイプ>

SNP: Single Nucleotide Polymorphism
 SSR: Simple Sequence Repeat
 SSLP: Simple Sequence Length Polymorphism
 HRM: High Resolution Melting

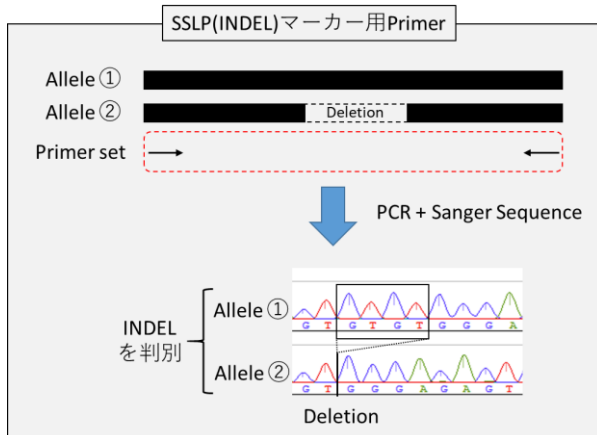
① SNPマーカー



② SSRマーカー



③ SSLP(INDEL)マーカー



④ HRMマーカー

