

### - お手元のプラスミドの確認に -

# プラスミド丸読みサービス

ユーロフィンジェノミクス株式会社では、Oxford Nanopore Technologies (ONT) のロングリードシーケンステクノロジーを使用し、2.5 kbp  $\sim$  300 kbp の環状プラスミド DNA の全長配列決定とアノテーションを行っています。これまでサンガーシーケンスでは手間のかかっていたプラスミドの丸読みを、ぜひこの機会にお試しください。

### 特長

- ・PCR による増幅、シーケンスプライマー不要
- ・GC リッチ、およびリピート配列に最適
- ベクター配列を検証できる
- ・プラスミドのカバレッジは平均 100 倍以上
- ※ ただしカバレッジの保証はいたしかねます

### 納品物

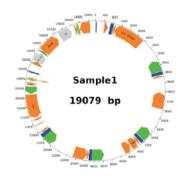
- ・データ分析レポート(HTML形式)
- ・プラスミドアセンブル配列(FASTA形式)
- ・注釈付きプラスミド配列 (GENBANK 形式)
- ・アノテーションテーブル (CSV 形式)

解析終了後に、結果送信先メールアドレス宛に、データを添付 した結果報告メールをお送りいたします。

# サービス・価格

サービス名	サイズ	価格	納期	
Regular	2.5 - 25 kbp	¥9,000	サンプル受領より	
Large	25 - 125 kbp	¥12,000	1-2 週間	
XL	125 - 300 kbp	¥15,000	1-2 旭间	

Genomics



# サンプル調製・送付先

サンプルはヌクレアーゼフリーの水もしくは、10 mM Tris-HCl(pH 8.5) に溶解し、下記の濃度、容量にて 1.5 mL チューブにてお送りください。

サービス名	サイズ	濃度	最低容量
Regular	2.5 - 25 kbp	30 ng/μl	10 µl
Large	25 - 125 kbp	50 ng/μl	20 μl
XL	125 - 300 kbp	50 ng/μl	40 µl

濃度測定の際には分光光度計による測定はせず、蛍光による測定法を用いてください。 分光光度計による方法では濃度が不足し、データが取れない場合がありますのでご了承ください データが取れなかった場合にも費用は発生しますのでご承知おきください。

#### サンプル送付先

〒143-0003 東京都大田区京浜島 3-5-5 日通京浜島センター新棟 2F ユーロフィンジェノミクス株式会社 DNA シーケンス部門 宛 TEL 03-6631-0104

サンプルは1サンプルより着払い(常温便)でお送りいただけます。

## サンガーシーケンス (Value Read)

#### 土曜日解析も実施中!

プラスミド丸読みサービスの他、1,000 bp 以下のシーケンスを解析するためには、サンガー法によるシーエンスサービスも行っています。サービスには、お客様ご自身で DNA サンプルとプライマーを混合していただく「プレミックス」タイプ、プライマーを別チューブか別プレートにご用意または弊社ユニバーサルプライマーを使用する「セパレート」タイプがご選択いただけます。サンプルは申し込みいただくと回収業者が無償で研究室まで回収、および弊社に着払いにて送付いただくことも可能です。(常温便を推奨)

		シングルチューブ	8連チューブ	96 well プレート
プレミックス	(価格/サンプル)	¥800	¥580	¥350
	(結果報告)	サンプル到着当日*	サンプル到着当日*	1営業日~
セパレート	(価格/サンプル)	¥1,500	-	¥550
	(結果報告)	サンプル到着当日*	-	1営業日~

- \*午前10時までにサンプル到着の場合
- \*96 well プレートは 48 サンプル以上でお申込み可
- \*65 サンプル以上の場合には +1 営業日となります

#### プラスミド丸読みサービス FAQ

#### 精度はどのくらいですか?

使用している装置のメーカーによると、精度は 99.3%とされています。 また、研究者の間では 93 ~ 98%の精度とされています。

#### プラスミド丸読みサービスはサンガーシーケンスとの比較

どちらのシーケンス法にも長所と短所があります。一般的に、サンガー法は短いリードのシーケンスでは最も正確な方法であり、NGS法は長いリードのシーケンスに適していると考えられています。

サンガーシーケンス	<ul><li>・広く使用され、確立された方法</li><li>・精度と正確性が高い</li><li>・ハイスループットシーケンスの自動化が可能</li><li>・結果の視覚的解釈が容易</li></ul>
プラスミド丸読みサービス	・長いリード長(最大数十万塩基対) ・低品質や劣化したDNAを含む、幅広いサンプルタイプの配列決定が可能 ・プライマー設計が不要

#### 代理店

