

ビッツ株式会社

次世代シーケンシング関連情報処理技術 見積依頼書

御見積の際は下記に必要な事項をご記入の上、和光純薬工業(株)の代理店または和光純薬工業(株)の担当者までお渡し下さい。

ご依頼日	平成 年 月 日
ご依頼者	氏名
	施設名
	部署名
	TEL FAX
E-mail	
取扱い業者名	

《基本情報》

配列概要 1	リード種別: <input type="checkbox"/> Illumina Genome Analyzer <input type="checkbox"/> Applied Biosystems SOLiD <input type="checkbox"/> Roche Genome Sequencer <input type="checkbox"/> キャピラリーシーケンサー(機種: _____) <input type="checkbox"/> その他(機種: _____) リード本数: リード平均長: <input type="checkbox"/> Single リード <input type="checkbox"/> Mate Pair リード
配列概要 2	リード種別: <input type="checkbox"/> Illumina Genome Analyzer <input type="checkbox"/> Applied Biosystems SOLiD <input type="checkbox"/> Roche Genome Sequencer <input type="checkbox"/> キャピラリーシーケンサー(機種: _____) <input type="checkbox"/> その他(機種: _____) リード本数: リード平均長: <input type="checkbox"/> Single リード <input type="checkbox"/> Mate Pair リード
解析対象	生物種: ゲノムサイズ: 解析ターゲット: <input type="checkbox"/> ゲノム <input type="checkbox"/> トランスクリプト(既知配列総延長: _____) <input type="checkbox"/> その他(_____ 総延長: _____)

《備考欄》

《ご希望の解析内容》

ご希望される解析内容にチェックを入れて下さい

Re-Sequencing Gap filling	未完成のコンティグ配列に大量リードを追加して、拡張・精度向上を行います。
	<input type="checkbox"/> 大量リードのアセンブルによる新規コンティグ構築
	<input type="checkbox"/> 大量リードと既存配列との混合アセンブル 既存配列: <input type="checkbox"/> 配列 2 <input type="checkbox"/> その他 (種類: _____、本数: _____、平均長: _____ bp)
	<input type="checkbox"/> 既存のドラフトゲノムと新規コンティグとの相対位置探索 ドラフトゲノム(コンティグ数: _____、平均長: _____ bp、リードカバレッジ: × _____)
	<input type="checkbox"/> Scaffold 構築 (Mate Pair 情報が必要)
	<input type="checkbox"/> コンティグの手動編集 <input type="checkbox"/> ギャップフィリング用プライマー設計
Re-Sequencing SNP	リードを参照配列にマップし、変異位置、頻度情報の算出を行います。
	<input type="checkbox"/> リードのゲノム(参照)配列へのマッピング、アライメント構築、変異位置・頻度情報の算出 参照配列 (総延長: _____ bp、リードカバレッジ: × _____)
	<input type="checkbox"/> マルチマップ / 非マップリードの解析
	<input type="checkbox"/> SNP アノテーション (<input type="checkbox"/> 遺伝子情報 <input type="checkbox"/> その他: _____)
<input type="checkbox"/> 統計解析 (<input type="checkbox"/> ハプロタイプ解析 <input type="checkbox"/> ケースコントロールスタディ) <input type="checkbox"/> その他: _____	
Digital Expression 発現頻度解析	転写物リード配列の集計、遺伝子配列へのマップを行い発現頻度情報に変換します。
	<input type="checkbox"/> リードの参照配列へのマッピング、集計 参照配列種別 (<input type="checkbox"/> ゲノム <input type="checkbox"/> 遺伝子 <input type="checkbox"/> small RNA <input type="checkbox"/> その他: _____) 参照配列完成度 (網羅度): _____ %、対象生物 DB: <input type="checkbox"/> 有 (名称 / URL: _____) <input type="checkbox"/> 無
	<input type="checkbox"/> マルチマップ / 非マップリードの解析
	<input type="checkbox"/> ゲノムブラウザ用ファイル作成 (<input type="checkbox"/> UCSC: 希望フォーマット _____ <input type="checkbox"/> その他: _____)
	<input type="checkbox"/> 遺伝子アノテーション <input type="checkbox"/> 基本情報 <input type="checkbox"/> モチーフ <input type="checkbox"/> GO <input type="checkbox"/> オルソログ <input type="checkbox"/> モデル生物利用 <input type="checkbox"/> その他(_____)
Transcriptome 転写物解析	転写物リード配列から転写物構造の解析を行います。
	<input type="checkbox"/> リードをゲノム + CDS 配列にマッピング、エクソン単位頻度の算出 参照配列完成度 (網羅度): _____ %、対象生物 DB: <input type="checkbox"/> 有 (名称 / URL: _____) <input type="checkbox"/> 無
	<input type="checkbox"/> マルチマップ / 非マップリードの解析
	<input type="checkbox"/> ゲノムブラウザ用ファイル作成 (<input type="checkbox"/> UCSC: 希望フォーマット _____ <input type="checkbox"/> その他: _____)
	<input type="checkbox"/> 遺伝子アノテーション <input type="checkbox"/> 基本情報 <input type="checkbox"/> モチーフ <input type="checkbox"/> GO <input type="checkbox"/> オルソログ <input type="checkbox"/> モデル生物利用 <input type="checkbox"/> その他(_____)
	<input type="checkbox"/> 転写物構造情報の生成 <input type="checkbox"/> スプライシングバリエーション解析
de novo Sequencing 新規コンティグ構築	大量配列を利用して新規にコンティグを構築します。
	<input type="checkbox"/> 大量リードのアセンブルによる新規コンティグ構築
	<input type="checkbox"/> 大量リードと既存配列との混合アセンブル 既存配列: <input type="checkbox"/> 配列 2 <input type="checkbox"/> その他 (種類: _____、本数: _____、平均長: _____ bp)
	<input type="checkbox"/> Scaffold 構築 (Mate Pair 情報が必要)
	<input type="checkbox"/> コンティグの手動編集
	<input type="checkbox"/> コンティグアノテーション (<input type="checkbox"/> オルソログ・ホモログ探索 <input type="checkbox"/> モチーフ検索 <input type="checkbox"/> CDS 探索 <input type="checkbox"/> その他(_____))
<input type="checkbox"/> ギャップフィリング用プライマー設計	
Gene Regulation ChIP-Seq	ChIP-Seq リード配列のマッピング、集計を行います。
	<input type="checkbox"/> 転写因子結合部位リード配列のゲノムへのマッピング、集計
	<input type="checkbox"/> マルチマップ / 非マップリードの解析
	<input type="checkbox"/> ゲノムブラウザ用ファイル作成 (<input type="checkbox"/> UCSC: 希望フォーマット _____ <input type="checkbox"/> その他: _____)
<input type="checkbox"/> 近傍アノテーション (<input type="checkbox"/> 遺伝子情報 <input type="checkbox"/> その他: _____)	
Gene Regulation Non Coding RNA 解析	Non Coding RNA リード配列のマッピング、集計を行います。
	<input type="checkbox"/> Non Coding RNA リード配列のゲノムへのマッピング、集計
	<input type="checkbox"/> マルチマップ / 非マップリードの解析
	<input type="checkbox"/> ゲノムブラウザ用ファイル作成 (<input type="checkbox"/> UCSC: 希望フォーマット _____ <input type="checkbox"/> その他: _____)
<input type="checkbox"/> 近傍アノテーション (<input type="checkbox"/> 遺伝子情報 <input type="checkbox"/> その他: _____)	
Methylation 解析	Methylation サンプルリード配列のマッピング、頻度計算を行います。
	<input type="checkbox"/> メチレーションリード配列のゲノムへのマッピング、集計
	<input type="checkbox"/> マルチマップ / 非マップリードの解析
	<input type="checkbox"/> ゲノムブラウザ用ファイル作成 (<input type="checkbox"/> UCSC: 希望フォーマット _____ <input type="checkbox"/> その他: _____)
<input type="checkbox"/> 近傍アノテーション (<input type="checkbox"/> 遺伝子情報 <input type="checkbox"/> その他: _____)	