

支援内容

基礎生物学研究所（基生研）では次世代 DNA シーケンサー（Illumina HiSeq2000, AB SOLiD5500x1）を用いた、ゲノム解析、トランスクリプトーム解析等を支援します。

- A) **モデル植物のゲノムリシーケンス**: リファレンスゲノムが明らかになっているモデル植物のゲノムリシーケンス。申請者はゲノム DNA を準備し基生研に郵送する。基生研はライブラリ作製から基本データ解析までを担当する。基本データ解析には、リファレンスゲノムへのマッピングと SNP 候補リスト作成が含まれる。
- B) **モデル植物の mRNA-seq 解析**: リファレンスゲノムと遺伝子モデル情報が整備されているモデル植物の mRNA-seq 解析（トランスクリプトーム解析）。ライブラリは申請者が作製する。基生研に来所してライブラリ作製に必要な機器を利用することも可能である。基生研は、エマルジョン PCR/クラスター形成とシーケンスラン、基本データ解析を担当する。基本データ解析には、リファレンスゲノムへのマッピングと遺伝子ごとのタグカウントテーブル作製が含まれる。
- C) **シーケンスランのみの支援**: シーケンスランのみを支援する。ライブラリ作製とデータ解析を自身で実施できる研究者向け。利用者は、希望するプラットフォームに適したライブラリを作製する。基生研はエマルジョン PCR/クラスター形成とシーケンスランを実施し、配列データを利用者に提供する。植物研究を推進する研究内容であれば、生物種・アプリケーションは問わない。
- D) **より高度な支援**: 非モデル生物研究ほか上記 A-C に該当しない高度な支援を必要とする研究課題は、基礎生物学研究所・共同利用研究への申請を検討していただきたい。

(<http://www.nibb.ac.jp/collabo/invite/invite.html>)

利用する上での注意点

*必要な DNA、RNA の量、用意すべきライブラリなどの技術情報を収めた利用ガイド（注：現在準備中。機器のアップグレードもしくは納品の最中なので現在情報収集中。）を熟読の上、サンプルを調製すること。

利用の流れ

- ① 事前打ち合わせ: 申請書提出前に重信秀治 (shige@nibb.ac.jp) までご連絡ください。
- ② 申請書の提出、審査

- ③ 打合せ（メール、Skype もしくは来所）
以降の流れは個々に異なる

参考論文

*基生研次世代シーケンサー利用ガイド（準備中）

費用負担

- 基本利用情報に同じ。
- 基生研に来所し宿泊が必要な場合は共同研究者用ロッジを利用することが可能である（費用は利用者負担）。

Authorship

- * 支援内容 A, B, D は共著。
- * 支援内容 C は共著である必要はないが、Acknowledgements に Japan Advanced Plant Science Network と基生研（National Institute for Basic Biology）をクレジットすること。