

### 3. 反応+精製+泳動+解析の場合 (1500円/1 サンプル)

- ・カスタムシーケンスプライマーを使用する場合は、濃度を 5 $\mu$ M に調整したものを DNA サンプルと同時にご持参もしくは送付下さい。
- ・DNA サンプルは、必ず PEG 沈澱、カラム精製、超遠心分離などによって精製し、アガロース電気泳動または OD<sub>260</sub> 値を測定するなどして濃度と純度をご確認ください。
- ・DNA サンプルおよびプライマーは、TE ではなく H<sub>2</sub>O に溶かし、濃度と量はなるべく以下のように調製して下さい。
- ・二次構造が予想される場合には専用キットを使用しますのであらかじめお知らせください。

	濃度	1 サンプルあたりの必要量	精製方法
プラスミド DNA	200ng/ $\mu$ l	5~10 $\mu$ l	PEG 沈澱、簡易カラム精製もしくは塩化セシウム-臭化エチジウム超遠心分離によって精製したもの。
PCR 産物	50ng/ $\mu$ l	5~10 $\mu$ l	PCR プライマーおよび遊離ヌクレオチド除去のため、簡易カラム精製かアガロースゲル抽出を行ったもの。
プライマー	5 $\mu$ M (5pmol/ $\mu$ l)	5~10 $\mu$ l	—

以下のプライマーは当方で準備しています。配列をご確認の上ご指定ください。これら以外の個別カスタムプライマーによる配列決定を希望される場合には、サンプルとともにプライマーをこちらにお送り下さい。

プライマー	配列	ベクター
M13 Forward	5'-GTTGTAACGACGGCCAGT-3'	・pUC、pBlue、pGEM 系などのプラスミドベクターに共通
M13 Reverse	5'-GGAAACAGCTATGACCATGA-3'	・pGEM 系などのプラスミドベクターに共通
SP6	5'-CATACGATTTAGGTGACACTATAG-3'	・pBlue、pGEM 系などのプラスミドベクターに共通
T3	5'-AATTAACCCTCACTAAAGGG-3'	
T7	5'-TAATACGACTCACTATAGGG-3'	

- ・依頼サンプルは受付メールをご確認の上、遺伝子実験施設 3 階、研究室 3 までお持ちください。

#### ◎お願い

・DNA サンプルやカスタムプライマーの純度、配列の特殊性によってはシーケンスが決定できない場合があります。この場合、当方では責任を負いかねますのでご了承下さい。通常は必ず DNA シーケンススタンダードを作成し、同時に解析することで一連のシーケンス作業に問題がないかを確認めます。また、通常の解析においても配列中に不確定塩基(N)が生じる場合がありますが、それ以上の解析は致しかねます。

・DNA サンプルやプライマーの良否に関わらず、停電や機器異常等によるトラブルについては無料で再度シーケンス作業を行います。

・データの納期は、サンプル DNA 受け入れから 1 週間以内としますが、場合によっては多少の遅延がでることがありますので、ご容赦下さい。

◎その他

センター登録、サービス内容等に関するご質問は以下にお問い合わせ下さい。

E-mail:cgswwww@hiroshima-u.ac.jp

内線：4630（彦坂）または 6273（北村・田中）