

	成果占有利用	成果非占有利用
①発現確認（固定条件）（1回あたり：円）	¥73,000	¥27,000
②発現確認（条件探索）（1回あたり：円）	¥136,000	¥45,000
③フォールド判定（1回あたり：円）	¥185,000	¥113,000
④大量調製（1回あたり：円）	¥418,000	¥341,000
⑤精製試験（1回あたり：円）	¥162,000	¥107,000
⑥多種変異体（1回あたり：円）	96種	¥1,106,000
	48種	¥595,000
	24種	¥331,000
⑦Si Code	¥583,000	¥385,000

⑧NMR測定	成果占有利用			成果非占有利用		
Mz	1週あたり	1日あたり	1時間あたり	1週あたり	1日あたり	1時間あたり
400	¥427,000	¥85,400	¥12,200	¥213,500	¥42,700	¥6,100
600	¥640,500	¥128,100	¥18,300	¥322,000	¥64,400	¥9,200
700	¥745,500	¥149,100	¥21,300	¥374,500	¥74,900	¥10,700
800	¥850,500	¥170,100	¥24,300	¥427,000	¥85,400	¥12,200
900	¥959,000	¥191,800	¥27,400	¥479,500	¥95,900	¥13,700
※測定にかかる消耗品は各自でご用意をお願いします（試料管、溶媒等も含まれます。例：700MHz固体1mmNMRプローブ用試料管のキャップ） 詳細についてはご連絡ください。						

	成果占有利用		成果非占有利用	
⑨構造決定	1回あたり	11日目以降の追加料金（1日あたり）	1回あたり	11日目以降の追加料金（1日あたり）
	¥587,700	¥58,800	¥293,900	¥29,400
※1つのサンプルについて、合計2週間(10日間)以内、担当者が対応して構造決定したときの価格 11日間以上、理研のスタッフが対応した際は、追加日数分の料金を加算する ※解析ソフトウェア「CYANA」を利用する場合には、別途ライセンス購入（応相談）が必要です。 価格には別途消費税（10%）が加算されます。				

①発現確認（固定条件）

無細胞タンパク質合成技術により、対象タンパク質の発現量、可溶性の確認を行います。合成条件は一律に標準条件で実施します。対象タンパク質の数にかかわらず、1回の利用で最大8ウェルの合成が可能です。

②発現確認（条件探索）

無細胞タンパク質合成技術により、対象タンパク質の発現量、可溶性の確認を行います。対象タンパク質の個性を考慮した合成条件を探索し、最適なものを選択します。対象タンパク質1種あたり1回の利用となり、最大16ウェル（16種の合成条件）の合成が可能です。

③フォールド判定

（①または②で判定に必要な発現量、可溶性が得られうことが確認されたタンパク質に関して）無細胞タンパク質合成技術により、タンパク質試料を調製し、当該試料が立体構造を形成していることの確認をおこない、立体構造解析適合性を判定します。

④大量調製

（③で立体構造解析適合と判定されたタンパク質に関して）無細胞タンパク質合成技術により、NMR測定に必要な純度・分量の安定同位体標識タンパク質試料の調製を行います。

⑤精製試験

（①または②の発現確認で可溶性に発現が確認されたサンプルに関して）無細胞タンパク質自動調整ロボットによる合成・精製を実施し、精製フラクションを提供します。利用者は当該試料が自身のアッセイ系に適合するかの確認をすることが出来ます。

⑥多種変異体

（⑤の精製確認で精製が可能であると確認されたサンプルに関して）指定された変異をPCRにより導入し、それを発現誘導として無細胞タンパク質自動調製ロボットによる合成・精製を実施し、精製フラクションを提供します。一度に最大で96種の提供が可能です。

⑦Si Code（サイコード）

少ない標識体数でアミノ酸選択標識と同等の情報を得る符号化標識方法（Si cCode, 文献1）に必要な量・純度・本数の安定同位体標識タンパク質試料の調製を行います。これまでは観測が難しかった大きなタンパク質・不安定なタンパク質のNMR解析が期待できます。

⑧NMR測定

NMR装置により、立体構造解析に必要なデータ測定を行います。使用する装置の種類と測定期間に基づき週単位で料金を算定します。測定にかかる消耗品は各自でご用意をお願いします（試料管、溶媒等も含まれます。例：700MHz固体1mmNMRプローブ用試料管のキャップ）。詳細についてはご連絡ください。

⑨構造決定

NMRスペクトルデータの解析、シグナルの帰属、構造情報（特にNOEデータ）の抽出などの作業を、独自の立体構造解析統合環境ソフトウェア（KUIRA）により行います。また、プロトン核間の距離の情報を与えるNOEデータの自動帰属をしながら立体構造計算を行う独自のソフトウェア（CYANA）を用いた立体構造決定を行います。（CYANAのご利用に当たっては、別途CYANAライセンスの購入が必要です。）

文献

- Kasai, T., Koshi ba, S., Yokoyama, J. & Kigawa, T. "Stable isotope labeling strategy based on coding theory" J. Biomol. NMR 63, 213-221 (2015) doi: 10.1007/s10858-015-9978-8