ゲノム解析
ショットガンメタゲノム解析

価格（税別）とデータ量	0.3 Gb　30,000円/サンプル 1 Gb　35,000円/サンプル 5 Gb　40,000円/サンプル 10 Gb　70,000円/サンプル 20 Gb　100,000円/サンプル 50 Gb　160,000円/サンプル ※いずれのデータ量でも、24サンプル以上で数量割引があります。
納期	20営業日
作業内容	・送付サンプルのDNA濃度測定（蛍光法による2本鎖DNAの定量） ・シーケンスライブラリー作製※1 ・シーケンシング解析（DNBSEQ 150 bpペアエンド解析） データ解析は含まれていません。データ解析については裏面をご覧ください。
納品物	以下のデータをDVDやUSB等の記録媒体に保存して納品します。 ・報告書 ・シーケンス生データ（fastq形式） ・DDBJのデータベース登録に必要なデータ ※データ量が多い場合はHDD納品となり、HDD代として別途20,000円（税別）がかかります。お手持ちのHDDを送付いただき、そちらに保存して納品することも可能です。 <HDD納品となる目安> 生データ納品の場合は200 Gb、データ解析ありの場合は100 Gb
ご提供サンプル	抽出ゲノムDNA（濃度 4 ng/ul以上、総量 200 ng以上） ※濃度が高い場合でも、液量 20 ul以上をお送りください。 ※濃度は、蛍光法を用いた2本鎖DNAの定量結果を基準としています。 260 nmの吸光度ベースで定量されている場合　上記より高めの濃度（可能であれば、100 ng/ul以上）で送っていただく必要があります。DNAの質はA260/280が1.8以上であることが望ましいです。 DNA濃度が基準値未満の場合は「微量DNA対応」のオプションを、PCRフリーでの調製をご希望の場合は※1をご覧ください。
ご依頼の流れ	まずは、お見積りをご依頼ください。弊社HPにお見積り依頼フォームをご用意しています。

※1　標準ではPCR増幅して、ライブラリーを作製します。PCRフリーでの対応も可能ですが、抽出ゲノムDNAが多く必要になります。PCRフリーをご希望の場合は、お見積り依頼時にその旨をお知らせください。また、抽出ゲノムDNAは、濃度 50 ng/ul以上、液量 40 ul以上をご提供ください。

こんな解析はできる？

Q1.ウイルスやファージの解析はできますか？

右記の通り、ゲノムの形状によります。

一本鎖DNA（ssDNA）：×
二本鎖DNA（dsDNA）：○
一本鎖RNA（ssRNA）：○
二本鎖RNA（dsRNA）：○ ※環状化dsRNAは×

Q2.宿主由来のDNAが混入するサンプルのゲノム解析は可能ですか？

宿主の参照配列があれば、取得したリードから宿主のリードを除去後、アセンブルすることが可能です。
※データ解析はオプション（有償）です。

オプション（DNA抽出・微量DNA対応）

項目	備考	価格（税別）	追加納期
DNA抽出	試料を送付いただき、弊社でDNA抽出を行います。 ご提供いただくサンプル量の目安は、細胞数 1×10^9～5×10^9程度、湿重量 20～100 mg程度です。	1~2サンプル 10,000円/サンプル 3~7サンプル　※サンプル数に限らず一律価格 24,000円/式 8サンプル~ 3,000円/サンプル	5営業日
微量DNA対応	微量DNA（1 ng/ul以上、20 ul以上）に対して、ライブラリー調製を行います。Nextera XT（イルミナ社）とコンバージョンプライマーを用いてライブラリー調製を行います。	10,000円/サンプル	なし

株式会社 生物技研
<見積り依頼・お問合せ・サンプル送付先>
〒252-0154　神奈川県相模原市緑区長竹 657
TEL 042-780-8333　FAX 042-780-8334
dna@gikenbio.com

データ解析

		項目	備考	価格（税別）	追加納期
ゲノム解析	原核生物向け	アセンブル（オートアノテーション含む）	オートアノテーションは、prokkaを使用して得られた予測遺伝子配列とタンパク質配列、遺伝子の位置情報(gff形式データ)をご提供します。	1~11サンプル 30,000円/サンプル	5営業日
				12~23サンプル 20,000円/サンプル 24サンプル~ 10,000円/サンプル	10営業日
		マニュアルアノテーション	オートアノテーションから得られた予測遺伝子をKEGGやGOデータベースに登録されている配列と比較することで、得られた予測遺伝子にKEGG_IDやGO_IDを対応させます。	50,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	5営業日
		アノテーション解析（二次代謝）	antiSMASHを使ってゲノム配列から二次代謝系遺伝子のアノテーションを行います。	10,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	なし
		アノテーション解析（抗生物質耐性）	AMRFinderPlusとResFinderを使ってゲノム配列から抗生物質耐性遺伝子のアノテーションを行います。	10,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	なし
		ANI ※2 (Average nucleotide identity)	アセンブル後の配列同士をアライメントし、類似度を計算します。比較する菌株が同種であるか確認するのに有効な解析です。	10,000円/解析 ※別途アセンブル費用が必要	なし
		wgMLST※2 (Whole genome multilocus sequence typing)	アセンブル後の配列を使って、ゲノムワイドに遺伝子型の判定をします。	10サンプルまで一律 40,000円 11サンプル以上の場合、+2,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	5営業日
	真核生物向け	アセンブル（核ゲノム）	価格と納期はゲノムサイズによって変わります。 ゲノムサイズ100 Mb未満	50,000円/サンプル	5営業日
			ゲノムサイズ1 Gb未満	100,000円/サンプル	10営業日
			ゲノムサイズ1 Gb以上	要相談	要相談
		アセンブル（ミトコンドリアゲノム）		1~11サンプル 30,000円/サンプル	5営業日
				12~23サンプル 20,000円/サンプル 24サンプル~ 10,000円/サンプル	10営業日
		AUGUSTUSを用いた遺伝子予測	アセンブル配列から遺伝子領域を予測します。	20,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	5営業日
		RNA-seqを用いた遺伝子予測	サンプル送付時にtotal RNAも送付いただく必要があります。	40,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	5営業日
		SNP/Indel解析	SNPsと短いIndelを検出する解析です。GATKを用いて検出された変異部位をvcf形式で納品します。gff形式(遺伝子位置情報)がある場合は、snpEffを用いて、vcfに対してアノテーションした結果も納品します。	20,000円/サンプル 6サンプル以上の場合、100,000円((5サンプル分)+10,000円/追加サンプル	原核生物 5営業日 真核生物 15営業日
ショットガンメタゲノム解析		生物群集構造の推定	phyloflashを用いてSSU rRNA配列から生物群集構造を推定します。	10,000円/サンプル	5営業日
		アセンブル・マッピング※3	SPAdes によるアセンブルを行い、Contigを提供します。同時に、各配列にマップされたリード数を提供します。	8サンプルまで一律 100,000円 9サンプル以上の場合、+12,500円/サンプル	8サンプルまで 10営業日 9-20ｻﾝﾌﾟﾙ:15営業日 21-40ｻﾝﾌﾟﾙ:20営業日 41ｻﾝﾌﾟﾙ~:要相談
		アセンブル・マッピング・遺伝子予測・機能解析※3	アセンブルによって得られたドラフト配列に対して、prokkaによるオートアノテーションを行います。KEGG解析を用いて、予測されたタンパク質の機能的分類を行います。	8サンプルまで一律 200,000円 9サンプル以上の場合、+25,000円/サンプル	8サンプルまで 20営業日 9-20ｻﾝﾌﾟﾙ:30営業日 21-40ｻﾝﾌﾟﾙ:40営業日 41ｻﾝﾌﾟﾙ~:要相談
		┗KEGG pathway classification chart	各サンプルに対して、分類されたKEGGカテゴリーに関連する遺伝子の割合を可視化します。また、機能pathwayの視点でサンプル間の違いを比較することができます。	10,000円	なし
特定生物由来のリードの除去			取得したリードから特定の生物のリードを除去します。 例1）ヒト糞便サンプルから腸内細菌を解析する場合に、大量に含まれているヒト由来のリードを除去する。 例2）植物サンプルから共生細菌を解析する場合に、大量に含まれている植物由来のリードを除去する。	8サンプルまで一律 50,000円 9サンプル以上の場合、+6,250円/サンプル	8サンプルまで 2営業日 9-20ｻﾝﾌﾟﾙ:3営業日 21-40ｻﾝﾌﾟﾙ:5営業日 41ｻﾝﾌﾟﾙ~:要相談

※2　データベースに登録されているゲノム配列を含めて解析することが可能です。ご希望の場合は、配列のURLをお送りください。ANIは最大10配列までご指定可能です。wgMLSTはご指定配列数がサンプル数としてカウントされます。

※3　1サンプルあたり5 Gb以上のデータに対してのみ実施可能です。