

ショットガンメタゲノム解析 メタトランスクリプトーム解析

ショットガンメタゲノム解析

¥ 御見積りします 解析内容(目的や対象生物、サンプル数など)をお知らせください。

<参考例> 1サンプルの場合

ライブラリー調製	25,000円
NextSeq 150bpペアエンド解析 (4Gb保証)	160,000円
データ解析	150,000円
合計	335,000円 (税別)

納期: 1-2ヶ月

メタトランスクリプトーム解析

¥ 御見積りします 解析内容(目的や対象生物、サンプル数など)をお知らせください。

<参考例> 1サンプルについて、 バクテリアをターゲットとして解析する場合

rRNA除去	30,000円
RNAライブラリー調製	40,000円
NextSeq 150bpペアエンド解析 (4Gb保証)	160,000円
データ解析	150,000円
合計	380,000円 (税別)

納期: 1-2ヶ月

解析の流れ

(お客様) サンプルと
情報のご提供

DNA(50ng/ul, 20ul)
※DNA断片化の程度はお客様側で電気泳動により確認してください。

トータルRNA(50ng/ul, 20ul)

ライブラリー作製

- ・コバリスによる断片化
- ・KAPA Hyper plus Kitを用いたアダプター付加タイプのライブラリー調製
- ・フラグメントアナライザーによるライブラリーの品質確認

- ・バイオアナライザーによる品質確認
- ・rRNA除去/mRNA濃縮
- ・KAPA RNA HyperPrep Kitなどを用いたアダプター付加タイプのライブラリー調製
- ・フラグメントアナライザーによるライブラリーの品質確認

シーケンス解析

ご希望のリード長とデータ量に応じてMiSeqやHiSeq、NextSeq500を使った最適なお提案をします。

データ解析

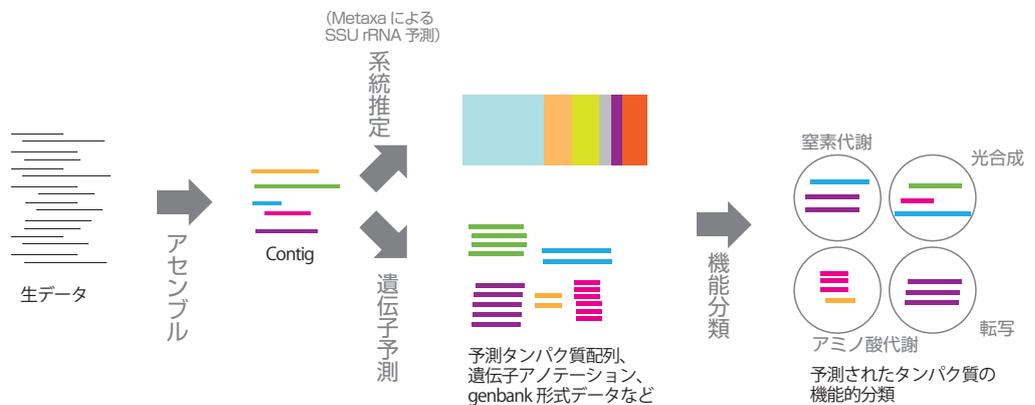
お客様のご要望に応じた解析を行います。

【参考例】ショットガンメタゲノム解析の場合

はじめに生リードから低品質の配列の除去を行います。次に、アセンブルソフトウェアIDBA-UDによるアセンブルを行い、Contigを提供致します。同時に、N50や総塩基数などの統計データを提供致します。

アセンブルによって得られたドラフト配列に対して、prokkaソフトウェアによるオートアノテーションを行います。

出力された予測タンパク質配列(multi-fasta形式)、遺伝子アノテーション(gff形式)、genbank形式データなどを提供します。最後に、COG解析を用いて、予測されたタンパク質の機能的分類を行ったデータも提供致します。



株式会社 生物技研

〒243-0022 神奈川県厚木市酒井 3068 天幸第7ビル5階
TEL 046-280-4118 FAX 046-280-4148
WEB <http://www.gikenbio.com/>
<見積り依頼・お問合せ> dna@gikenbio.com