

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	35,000円
MiSeq 300bpペアエンド解析 (4Gb保証)	300,000円
データ解析	150,000円
合計	485,000円 (税別)

納期:1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> 6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

リボソーマルRNA除去	30,000円×6=180,000円
ライブラリー調製	40,000円×6=240,000円
HiSeq 150bpペアエンド解析 (1億リード取得)	600,000円

データ解析	200,000円
合計	1,220,000円 (税別)

納期:3ヶ月

解析の流れ

<p>(お客様) サンプルと 情報のご提供</p>	<p>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。</p>	<p>トータルRNA(50ng/ul, 20ul)</p>
<p>ライブラリー作製</p>	<ul style="list-style-type: none"> コバリスによる断片化 lab chipを用いた断片長のセレクション 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 	<ul style="list-style-type: none"> 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
<p>シーケンス解析</p>	<p>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。</p>	
<p>データ解析</p>	<p>お客様のご要望に応じた解析を行います。</p> <div data-bbox="391 1317 1484 1966" style="border: 1px solid black; padding: 10px;"> <p>【参考例】ショットガンメタゲノム解析の場合</p> <p>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。</p> <p>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。</p> <p>生データ → アセンブル → Contig</p> <p>Contig → 系統推定 (MetaxaによるSSU rRNA予測) → 遺伝子予測</p> <p>Contig → 機能分類 → 窒素代謝, 光合成, アミノ酸代謝, 転写</p> <p>予測タンパク質配列、遺伝子アノテーション、genbank形式データなど</p> </div>	