

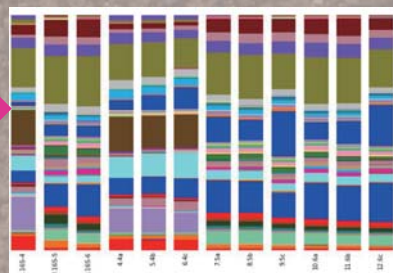
土の中の微生物が お手軽に解析できます

真菌も
可能!

次世代シーケンサーを
用いて解析



可視化したデータを納品します



菌群組成グラフの
サンプルデータを
ご覧いただけます。

土を送るだけ!

150,000円
/8サンプル

納期:20営業日

抽出したDNAを送る

125,000円
/8サンプル

納期:20営業日

PCR産物を送る

100,000円
/8サンプル

納期:15営業日

サンプリング	(お客様) 弊社提供の専用1.5mlチューブにサンプリングした土を入れ、冷凍便で送付してください。(注1)		
DNA抽出	○	(お客様) 抽出したDNAを冷凍便で送付してください。濃度10ng/μl、液量20μl以上をお願いします。	ご希望の遺伝子領域を増幅するためのサンプル調製用プライマーを無償で提供致します。
ライブラリー作製 PCR反応と精製を繰り返して行い、ライブラリーを作製。	○	○	
ライブラリーの定量 各ライブラリーを吸光度計等で濃度測定し、等量混合します。	○	○	(お客様) 等量混合サンプルを冷凍便で送付してください。濃度10ng/μl、液量20μl以上をお願いします。
シーケンス解析 MiSeqでシーケンシング解析を行います。	○	○	○ ※サンプルの品質確認(注2)後、シーケンス解析します。
データ解析 菌叢解析用パイプライン「Qiime」を用いて解析を行い、「菌群組成グラフ」や「ヒートマップ」の形でデータの可視化までを行います。一部の遺伝子領域(12SrRNAやCOI、MiFishなど)は、「エクセルデータ」のみの提供いたします。	○	○	○
多様性解析(注3) レアファクション解析(chao1やshannonなど)と主座標分析(PCoA)の結果を提供いたします。	オプション	オプション	オプション

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
<見積り依頼・お問合せ> dna@gikenbio.com



www.gikenbio.com

対象遺伝子領域

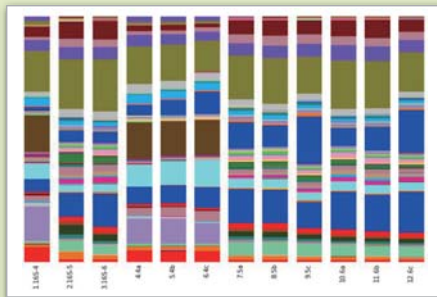
対象領域	ターゲット生物種
16S rRNA V4領域 (V1V2領域やV3V4領域などの領域も対応可能)	細菌と古細菌
ITS領域 fITS7-gITS (他のプライマーセットでも対応可能)	真菌類
18S rRNA	真核生物
12S rRNA (MiFish)	魚類
Cytochrome oxidase subunit I (COI)	動物
任意の領域 (400bp以下)	カスタム

オプション(サンプル調製)

項目	価格(税別)
サンプル追加料金(8サンプル)	80,000円
ライブラリー調製(PCRから/8サンプル)	25,000円
ライブラリー調製(DNA抽出から/8サンプル) ^(注1)	50,000円
解析対象配列の変更(400bp以上/8サンプル単位)	20,000円
多様性解析(納品後) ^(注4)	10,000円(30,000円)

解析の具体例

【16SrRNAやITS領域, 18SrRNAの場合】



菌相組成の棒グラフ



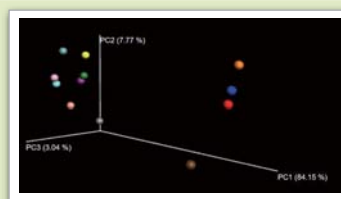
OTU heatmap

【12SrRNAやCOIの場合】

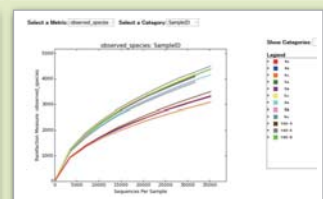
OTUId	Sagami_river_1	Sagami_river_2	Target
OTU_2: size=75989	6733	74878	gb AB038556 Anguilla japonica. ("Anguilliformes; "1" "Anguillidae; "1")
OTU_4: size=24509	0	10297	gb AB188176 Cottus pollux. ("Perciformes; "1" "Cottidae; "1")
OTU_15: size=1164	1336	0	gb X61010 Cyprinus carpio. ("Cypriniformes; "1" "Cyprinidae; "1")
OTU_16: size=1012	1167	0	gb AB070241 Hemibarbus barbus. ("Cypriniformes; "1" "Cyprinidae; "1")
OTU_5: size=23886	6770	0	gb AP006789 Lateolabrax japonicus. ("Perciformes; "1" "Lateolabridae; "1")
OTU_14: size=1768	2058	0	gb KC509900 Misgurnus anguillicaudatus. ("Cypriniformes; "1" "Cobitidae; "1")
OTU_1: size=126928	62373	0	gb AP002830 Mugil cephalus. ("1" "Mugilidae; "1")
OTU_12: size=5622	0	6103	gb KJ427719 Nipponocypris koreanus. ("Cypriniformes; "1" "Cyprinidae; "1")
OTU_8: size=12280	105	12812	gb EU124683 Plecoglossus altivelis. ("Osmoeriformes; "1" "Osmoeridae; "1")
OTU_6: size=17950	0	0	gb KM030473 Rhinogobius brunneus. ("Gobiiformes; "1" "Gobiidae; "1")

各OTUに対して、検出されたリード数と対応する生物種を示した「エクセルデータ」を提供致します。

【多様性解析】(オプション)



主座標分析



レアファクション解析

(注1) 弊社からご提供させていただく専用チューブに入れて発送いただけます。サンプルの形状等により弊社で追加の作業が必要と判断した場合は別途料金をいただきます。また、サンプルの内容(例えば感染性の有無)によりお断りする場合がございます。DNA抽出は、対象生物やサンプルの状況によって抽出方法を最適化する必要があります。

より良いデータを得るための非常に重要なステップであると位置づけております。この観点から弊社におけるDNA抽出ノウハウに乏しいサンプルについてはお断りさせていただく場合がございます。

(注2) サンプル受領後にMiSeqでのランが可能かどうかを確認するため、サンプルDNAの濃度とサイズ分布を確認します。その結果、プライマー除去の不徹底などでMiSeqでのランに問題があると判断した場合、弊社でビーズ精製を行います(有償:5,000円)。また、この時点でランを行ってもデータが得られないと判断した場合は、解析を中止させていただきます(この場合のご請求は行いません)。

(注3) 一部の遺伝子領域において、多様性解析が行えない場合がございます。

(注4) 一度納品させていただいたデータの中からご指定いただいたサンプルを、Qiimeを用いて再解析を行い、レアファクション解析と主座標分析(PCoA)を行なうサービスです。複数のご注文にわたってサンプルをご指定いただくことが可能です。