

# メタトランスクリプトーム解析

※全て税別

価格	70,000円/サンプル	
データ量	3,000万リード/4.5Gb	
納期	4~6週間	
作業内容	<ul style="list-style-type: none"> <li>送付サンプル(トータルRNA)の品質確認</li> <li>rRNA除去</li> <li>シーケンスライブラリー作製</li> <li>シーケンシング解析 (DNBSEQ-G400 150bpペアエンド解析)</li> </ul>	
ご提供サンプル	トータルRNA 1µg以上 (>50ng/ul, >20ul)	※滅菌水に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。 ※1µg以上のトータルRNAをご用意できない場合は、ご相談ください。
ご提供情報	<ul style="list-style-type: none"> <li>サンプル情報提供用紙</li> <li>オーダーシート</li> </ul>	お見積時にこれらのファイルをメール添付でお送りしますので、ご記入の上、サンプル送付時に送信ください。
データ解析(オプション)について	お客様のご要望に応じた解析を行います。	

## DNBSEQ-G400について、よくあるご質問

### Q1.特徴は?

なんととってもコストパフォーマンスがよいことです。低価格で高品質のショートリードが取得できます。

### Q2.イルミナ社のNGS用のライブラリーと互換性はある?

DNBSEQでシーケンシング解析するには、DNBSEQ専用キットでライブラリー調製することが必要になります。そのため、illumina社のキットで作製されたライブラリーをシーケンシング解析することはできません。

### Q5.解析事例はありますか?

以下の通り、弊社で解析しました。DNBSEQ-G400 (MGI社) と HiSeq (illumina社) を用いてシーケンシング解析を行い、取得したリードでそれぞれアセンブルしました。2機種の結果を比較するとほぼ同等 (少し DNBSEQ-G400 のほうがまとまっています) でした。  
※対象生物はヒラメです。また、アセンブラーはMaSuRCAを使用しました。

	シーケンサー	DNBSEQ-G400	HiSeq
シーケンシング解析結果	リード長 (bp)	150	150
	リード数	211,723,905	292,651,766
アセンブル結果	scaffolds 数	62,791	66,099
	最長 scaffolds (bp)	553,059	230,252
	N50* (bp)	28,809	24,879
	総塩基数 (Mb)	565.7	567.0

\*長い配列から加えていき、総塩基長の半分に達した時の配列長となります。

### Q3.出力データはどんな形式?

出力はfastqファイルで、Q値は最新のIllumina社製シーケンサーと同様にsanger形式です。

### Q4.生データのクオリティは?

DNBSEQ-G400 (MGI社) と HiSeq (illumina社) を用いてシーケンシング解析を行い、取得したリードの Q20 および Q30 は 2機種でほぼ同等でした。



これはおわかり  
したくなりますね。

## お問合せ・見積依頼 サンプル送付先

株式会社生物技研

〒252-0154 神奈川県相模原市緑区長竹657  
tel: 042-780-8333  
Email: dna@gikenbio.com

# 日本初! DNBSEQの (MGISEQ から名称変更)

受託解析サービスを開始

## 低価格で高品質のシーケンシング解析

解析サービス	データ量	価格 (税別)
ゲノム解析	細菌とアーキア	1Gb 40,000円
	ゲノムサイズ 100Mb まで	5Gb 50,000円
	ゲノムサイズ 1Gb まで	50Gb 180,000円
ショットガンメタゲノム	5Gb	50,000円
RNA-seq <sup>※1</sup>	2,000万リード	40,000円
メタトランスクリプトーム <sup>※2</sup>	3,000万リード	70,000円

① サンプル QC (DNA サンプルは濃度測定のみ) ② ライブラリー調製 ③ シーケンシング解析 (150PE) が上記価格に含まれています。

※1 参照配列へのマッピングとカウントも含まれています。

※2 rRNA 除去も含まれています。

納期: 4 ~ 6 週間 すべての作業を自社 (国内) で行います。



詳しい内容は  
中面をご覧ください

株式会社 生物技研

〒252-0154 神奈川県相模原市緑区長竹 657  
TEL 042-780-8333 FAX 042-780-8334  
<見積り依頼・お問合せ> dna@gikenbio.com

# ゲノム解析

## ショットガンメタゲノム解析

※全て税別

価格とデータ量	ゲノム解析	バクテリアとアーキア ゲノムサイズ 100Mb まで	1Gb 5Gb	40,000円/サンプル 50,000円/サンプル
		ゲノムサイズ 1Gb まで	50Gb	180,000円/サンプル
	ショットガンメタゲノム		5Gb	50,000円/サンプル
納期	4~6週間			
作業内容	<ul style="list-style-type: none"> <li>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)</li> <li>シーケンスライブラリー作製</li> <li>シーケンシング解析(DNBSEQ-G400 150bpペアエンド解析)</li> </ul>			
ご提供サンプル	抽出ゲノムDNA (>10 ng/ul, >20 ul) ※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。 260nm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)で送っていただく必要があります。 DNAの質は一般的な260/280が1.8以上が望ましいです。			
ご提供情報	<ul style="list-style-type: none"> <li>サンプル情報提供用紙</li> <li>オーダーシート</li> </ul> お見積時にこれらのファイルをメール添付でお送りしますので、ご記入の上、サンプル送付時に送信ください。			

## オプション

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。	10,000円/サンプル	1週間	
バクテリアおよびアーキア向け	アセンブル(オートアノテーション含む)	30,000円	1週間	
	マニュアルアノテーション	100,000円	1週間	
真核生物向け	アセンブル	ゲノムサイズ100Mb未満 50,000円 ゲノムサイズ1Gb未満 100,000円 ゲノムサイズ1Gb以上 要相談	1週間 2週間 要相談	
	Exonerateを用いたEvidence-baseの遺伝子予測	遺伝子モデルに使用する遺伝子配列を送付いただく必要があります。	50,000円	1週間
	RNA-seqを用いた遺伝子予測	サンプル送付時にトータルRNAも送付いただく必要があります。	100,000円	1週間
マッピングとORFの変異点解析	参照配列に遺伝子アノテーションがある必要があります。	5サンプルまで一律100,000円 6サンプル以上の場合、1サンプルあたり+10,000円	1週間	
ナノポア社のGridION X5を使用したシーケンス解析	ちらしを別途ご用意しています。ヒラメを解析した参考事例も掲載していますので、ぜひご覧ください。	100,000円~	0日~	
ハイブリッドアセンブル				

# RNA-seq解析

※全て税別

価格	40,000円/サンプル	
データ量	2,000万リード/3Gb(サンプルがバクテリア等の場合は1,000万リード/1.5Gb)	
納期	4~6週間	
作業内容	<ul style="list-style-type: none"> <li>送付サンプル(トータルRNA)の品質確認<sup>(注1)</sup></li> <li>オリゴdTでmRNAを精製、ランダムプライマーでcDNA合成</li> <li>シーケンスライブラリー作製 ※サンプルがバクテリア等の場合、rRNA除去が必須です(20,000円/サンプル)。</li> <li>シーケンシング解析(DNBSEQ-G400 150bpペアエンド解析)</li> <li>データ解析<sup>(注2)</sup></li> </ul> hisat2ソフトウェアを用いて参照配列にマッピングいたします。 その後、featureCountsを用いてカウントを行った後、RPKM正規化を行います。 ※cufflinksを用いた解析も対応可能です。	
ご提供サンプル	トータルRNA 1µg以上 (>50ng/ul, >20ul) ※滅菌水に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。 ※1µg以上のトータルRNAをご用意できない場合は、ご相談ください。	
ご提供情報	<ul style="list-style-type: none"> <li>サンプル情報提供用紙</li> <li>オーダーシート</li> <li>データ解析依頼書</li> </ul> お見積時にこれらのファイルをメール添付でお送りしますので、ご記入の上、サンプル送付時に送信ください。 参照配列(fasta形式)/遺伝子アノテーション情報(gff形式, gtf形式)は、CD-RやUSBに入れて送付いただくか、ダウンロードできるURLをご連絡ください。 <i>De novo transcriptome assembly</i> の解析をご希望のお客様は、お送り頂かなくても結構です。	

(注1)rRNAの分解が進んでおり、シーケンシング解析を行ってもデータが得られないと判断した場合は、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2)*De novo transcriptome assembly*解析の場合、解析方法が通常の解析とは異なります。

## オプション

項目	備考	価格(税別)	追加納期	
RNA抽出	QIAGEN社のRNeasy等を使用して、トータルRNAを抽出します。	20,000円/サンプル	1週間	
rRNA除去	siTOOL社のriboPOOL等を使用して、rRNAを除去します。	20,000円/サンプル	なし	
データ解析	発現比較解析	参照ゲノム配列あり iDEGES正規化(Sun et al, BMC Bioinformatics, 2013)後、edgeRを用いて発現変動遺伝子を検出致します。 参照ゲノム配列なし <i>De novo transcriptome assembly</i> で得られたcontigに対しRSEMを用いてマッピングを行います。その後、edgeRを用いて発現変動遺伝子を検出致します。	1パターン 50,000円 追加1パターンごと+10,000円	なし
	主成分分析(PCA)	遺伝子発現プロファイルの類似性を座標分布で示します。	10,000円	
	クラスタリング解析	遺伝子発現プロファイルの類似性を階層クラスタリングで示します。	10,000円	
	ヒートマップ解析	遺伝子発現プロファイルを色で表現した可視化グラフを提供します。	20,000円	
	パスウェイ解析	KEGG(Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes)を利用したパスウェイ解析です。発現変動解析の結果から同定された遺伝子が、どのような代謝系に関わっているのかを可視化させます。	1パターン 70,000円 追加1パターンごと+10,000円	
	Gene Ontology(GO)解析	全遺伝子のGO termと発現比較解析の結果から同定された発現変動遺伝子のGO termについて、出現頻度の比較とFisher検定による有意差検定を行います。発現変動遺伝子の特徴的なGO termを推定することができます。	1パターン 70,000円 追加1パターンごと+10,000円	
	<i>De novo transcriptome assembly</i>	参照配列がない非モデル生物の遺伝子カタログ作成を、Trinityを用いて行います。	100,000円	



### Q1.推奨のRNA抽出キットは?

特にございません。弊社ではQIAGEN社のRNeasyシリーズを使用することが多いです。

### Q2.送付の際、バッファーは何でもよい?

滅菌水のほか、TrisやTE、抽出キットの溶出バッファーでも構いません。但し、塩濃度が高いバッファーの場合、QCの電気泳動がうまくいかない可能性がありますので、避けてください。

### Q3.RIN値の目安は?

バイオアナライザーのRIN値で7以上が目安です。送付前にお客様側でも品質確認される際は、参考にしてください。

### Q4.発現比較解析などのパターン数って?

例えば、A群・B群・C群があり、A群 VS B群・A群 VS C群の発現比較解析をする場合は2パターン、総当たりで行う場合は3パターンとなります。3群間比較(A群 VS B群 VS C群)も可能ですが、発現比較の発現平均値(A値)と発現比(M値)が算出されないため、MAプロット図の納品はなく、エクセルデータのための納品となります。