

メタトランスクリプトーム解析

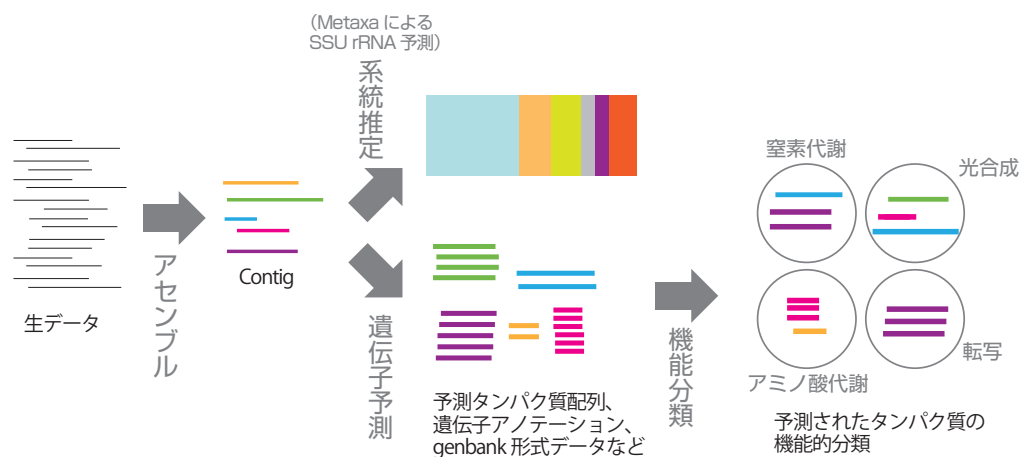
価格(税別)	65,000円/サンプル	
データ量	3,000万リード/4.5Gb	
納期	4~6週間	
作業内容	<ul style="list-style-type: none"> ・送付サンプル(トータルRNA)の品質確認 ・rRNA除去 ・シーケンスライブラリー作製 ・シーケンシング解析(DNBSEQ-G400 150bpペアエンド解析) 	
ご提供サンプル	トータルRNA 1ug以上 (>50 ng/ul, >20 ul) ※滅菌水に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。 ※1ug以上のトータルRNAをご用意できない場合は、ご相談ください。	
ご提供情報	<ul style="list-style-type: none"> ・サンプル情報提供用紙 ・オーダーシート } 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	
データ解析	アセンブル・マッピング	Trinity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、 1サンプルあたり +12,500円	2週間
	アセンブル・マッピング・ 遺伝子予測・機能解析	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。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(下記参照)。	8サンプルまで一律 200,000円 9サンプル以上の場合、 1サンプルあたり +25,000円	4週間

アセンブル・マッピング・遺伝子予測・機能解析

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によって得られたContigを提供します。同時に、N50や総塩基数などの統計データを提供します。
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します。



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 FAX 042-780-8334
dna@gikenbio.com



ゲノム解析

ショットガンメタゲノム解析

RNA-seq 解析

メタトランスクリプトーム解析

早い!
安い!



解析サービス	価格 (1サンプルあたり・税別)	納期
ゲノム解析・ショットガンメタゲノム解析	40,000円~	4~6週間 すべての作業を 自社(国内)で行います
RNA-seq 解析※1	40,000円~	
メタトランスクリプトーム解析※2	65,000円~	

<価格に含まれるもの>

- 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 (150 または 200 ペアエンド解析)
- ※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。



これはおわかり
したくなりますね。

DNBSEQ-G400について、よくあるご質問

他のご質問&回答集は弊社HPにございます。

Q1.特徴は?

なんとい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.解析事例はありますか?

弊社で 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。右図の通り 2 機種の結果を比較するとほぼ同等(少し DNBSEQ-G400 の方がまとまっている)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、総塩基数の半分に達した時の配列長となります。

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

価格(税別)とデータ量	150bp ペアエンド解析	200bp ペアエンド解析 New!
	1Gb 40,000円/サンプル 5Gb 50,000円/サンプル 10Gb 80,000円/サンプル 20Gb 120,000円/サンプル 50Gb 180,000円/サンプル	1Gb 45,000円/サンプル 6.5Gb 55,000円/サンプル 13Gb 90,000円/サンプル 26Gb 140,000円/サンプル 65Gb 220,000円/サンプル
納期	4~6週間	6~8週間
作業内容	<ul style="list-style-type: none"> 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 シーケンシング解析(DNBSEQ-G400 150bpペアエンド または 200bpペアエンド解析) 	
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"> サンプル情報提供用紙 オーダーシート 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。	



※24サンプル以上で数量割引があります。

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	
ゲノム解析 データ解析	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(ソフトウェア)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。	30,000円/サンプル	1週間
	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。	100,000円/サンプル	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/サンプル	1週間
		ゲノムサイズ1Gb未満	100,000円/サンプル	2週間
		ゲノムサイズ1Gb以上	要相談	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/サンプル	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/サンプル
	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	2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/サンプル	1週間~
	ハイブリッドアセンブル			
メタゲノム解析 アセンブル・マッピング	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、1サンプルあたり+12,500円	2週間	
アセンブル・マッピング・遺伝子予測・機能解析	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。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(最終ページ参照)。	8サンプルまで一律200,000円 9サンプル以上の場合、1サンプルあたり+25,000円	4週間	

RNA-seq解析

価格(税別)	40,000円/サンプル ※サンプルが原核生物や酵母の場合、rRNA除去が必須です(15,000円/サンプル) ※24サンプル以上で数量割引があります。
データ量	2,000万リード/3Gb(サンプルが原核生物の場合は1,000万リード/1.5Gb)
納期	4~6週間
作業内容	<ul style="list-style-type: none"> 送付サンプル(トータルRNA)の品質確認^(注1) オリゴdTでmRNAを精製、ランダムプライマーでcDNA合成 シーケンスライブラリー作製 シーケンシング解析(DNBSEQ-G400 150bpペアエンド解析) データ解析^(注2) 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 1 ug以上 (>50 ng/ul, >20 ul) ※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。 ※1 ug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"> サンプル情報提供用紙 オーダーシート データ解析依頼書 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。 De novo transcriptome assembly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。	15,000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。	1/パターン 50,000円 追加1/パターンごと +10,000円	なし
	参照ゲノム配列なし	De novo transcriptome assembly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。		
	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	
De novo transcriptome assembly	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を用いています。	100,000円		

セットでお得
1/パターン 100,000円
追加/パターンの料金はそれぞれ必要です。

生物技研のRNA-seq解析についてのギモン・シツモン

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、エクセルデータのみ納品となります。