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
納期	25営業日
データ量	3,000万リード/4.5 Gb
作業内容	•送付サンプル（トータルRNA）の品質確認(注1) •原核生物の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 150bpペアエンド解析） データ解析は含まれていません。データ解析については裏面をご覧ください
納品物	以下のデータをDVDやUSB等の記録媒体に保存して納品します。 •報告書 •シーケンス生データ（fastq形式） •DDBJのデータベース登録に必要なデータ ※データ量が多い場合は外付けHDD納品となり、HDD代として別途10,000円（税別）がかかります。お手持ちのHDDを送付いただき、そちらに保存して納品することも可能です。 ＜HDD納品となる目安＞ 生データ納品の場合は200Gb程度、データ解析ありの場合は100Gb程度
ご提供サンプル	トータルRNA1 ug以上（ >50 ng/ul、>20 ul） ※ドライアイスを同梱し、冷凍便を使用して送付ください。 ※1 ug以上のトータルRNAがご用意できない場合は、ご相談ください。
ご依頼の流れ	まずは、お見積りをご依頼ください。弊社HPにお見積り依頼フォームをご用意しています。

(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）。

生物技研のメタトランスクリプトーム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.DNase処理は必要？

ゲノムDNAの混入は望ましくないので、DNase処理をお勧めします。

Q5.送付方法は？

●total RNAを送付する場合
冷凍便を利用し、必ずドライアイスを同梱してください。

●生サンプルを送付（弊社にRNA抽出もご依頼）する場合
◇-80℃で保管していたサンプル
冷凍便を利用し、必ずドライアイスを同梱してください。
◇RNAlaterなどの核酸保存液に浸しているサンプル
冷凍便を利用し、ドライアイスは同梱せずに送付してください（RNAlater は-20℃以下で凍結してしまうため）。

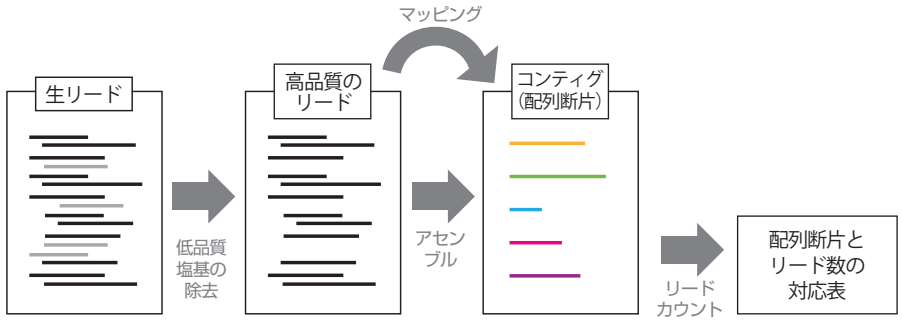
株式会社 生物技研
＜見積り依頼・お問合せ・サンプル送付先＞
〒252-0154　神奈川県相模原市緑区長竹 657
TEL 042-780-8333　FAX 042-780-8334
dna@gikenbio.com

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。 ▼ご提供サンプル量の目安 細菌：細胞数 1×10^9程度、湿重量 20 mg程度 酵母：細胞数 5×10^7程度、湿重量 25 mg程度 植物（葉）：湿重量 50 mg程度、直径1.5cm 動物細胞：細胞数 1×10^7程度、湿重量 20 mg程度 動物組織：湿重量 20 mg程度 ▼サンプルの保管温度と送付方法 ◇**RNAlaterなどの核酸保存液に浸す場合** 採取後すぐにサンプルに核酸保存液を添加します。 一晩は冷蔵保管（4℃）し、翌日に冷凍（-20℃）保管にします。 送付時は、冷凍便を利用し、ドライアイスは同梱せずに送付してください（RNAlater は-20℃以下で凍結してしまうため）。 ◇**核酸保存液を添加しない場合** 採取後すぐにサンプルを-80℃保管します。 送付時は、冷凍便を利用し、必ずドライアイスを同梱してください。	20,000円/サンプル	5営業日
データ解析：特定生物由来のリードの除去（2022年5月 New!）	取得したリードから特定の生物のリードを除去します。 例1）ヒト糞便サンプルから腸内細菌を解析する場合に、大量に含まれているヒト由来のリードを除去する 例2）植物サンプルから共生細菌を解析する場合に、大量に含まれている植物由来のリードを除去する	8サンプルまで一律 50,000円 9サンプル以上の場合、1サンプルあたり +6,250円	8サンプルまで 2営業日 9-20サンプル：3営業日 21-40サンプル：5営業日 41サンプル～：要相談
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（下記参照）。	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	8サンプルまで 10営業日 9-20サンプル：15営業日 21-40サンプル：20営業日 41サンプル～：要相談
データ解析：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	8サンプルまで 20営業日 9-20サンプル：30営業日 21-40サンプル：40営業日 41サンプル～：要相談

データ解析のご説明

アセンブル・マッピング

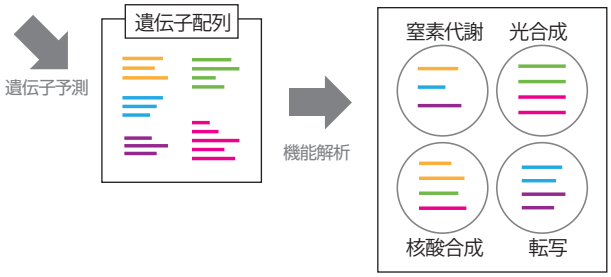


生リードから低品質塩基の除去を行った後、アセンブルを行い、コンティグ(配列断片)を取得します。得られた配列断片に対し、高品質のリードをマッピングし、各配列断片とマップされたリード数の対応表を作成します。

＋

遺伝子予測・機能解析

遺伝子予測・機能解析では、配列断片から細菌の遺伝子を予測します。その後、予測された遺伝子配列はKEGGデータベースの配列と比較し、機能的な注釈を付加します。



株式会社 生物技研
＜見積り依頼・お問合せ・サンプル送付先＞
〒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