

# 次世代シーケンシング受託解析サービス **Novogene**

## 微生物ゲノムアンプリコン解析

\*本サービスはNovogene社で実施します。本サービスに関する製品情報は、Novogene社web siteより一部引用・変更しています。

アンプリコンシーケンスは、微生物種の同定や区別に頻繁に利用されます。本解析では、良く保存されている遺伝子または遺伝子間領域にある短い超可変領域をPCRによって増幅し、次世代シーケンス技術で解析します。そして、得られたシーケンスを微生物データベースと比較します。アンプリコンシーケンスにおいて、細菌や古細菌では16S rRNA、真菌では18S rRNAやITS (Internal Transcribed Spacer) を解析するのが一般的です。本サービスでは、これらに対するプライマーセットを用意しています。

### サービスの仕様

使用機種	illumina HiSeq 2500
ライブラリー種類	Paired-end 250 bp
保証データ量	60,000 reads
作業内容	QCチェック、アンプリコン増幅、ライブラリー作製、シーケンス、バイオインフォマティクス解析
納品データ	HDD/USB (NTFSフォーマット) にて以下のデータを納品: ・シーケンスデータ (.fastq) ・解析データ (.fasta, .xls, .txt, .html) ・解析レポート (.pdf, .html) * CLC Genomics Workbench試用ライセンス付属
最低注文数	5サンプル
納期 (標準)	約2.5ヶ月

\*本サービスは、海外での解析という性質上、キャンセルはお引き受け出来ません。やむを得ない理由でキャンセルする場合、それまでの工程に応じた料金をご請求します。QC結果やライブラリー作製等の問題でサンプルを再送する場合、別途送料をご請求します。

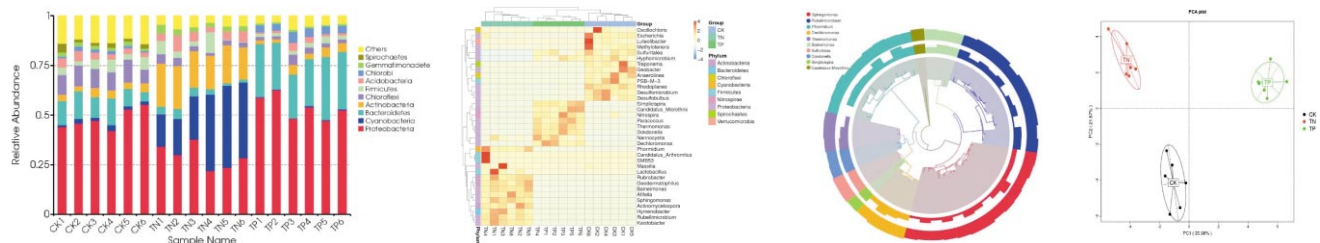
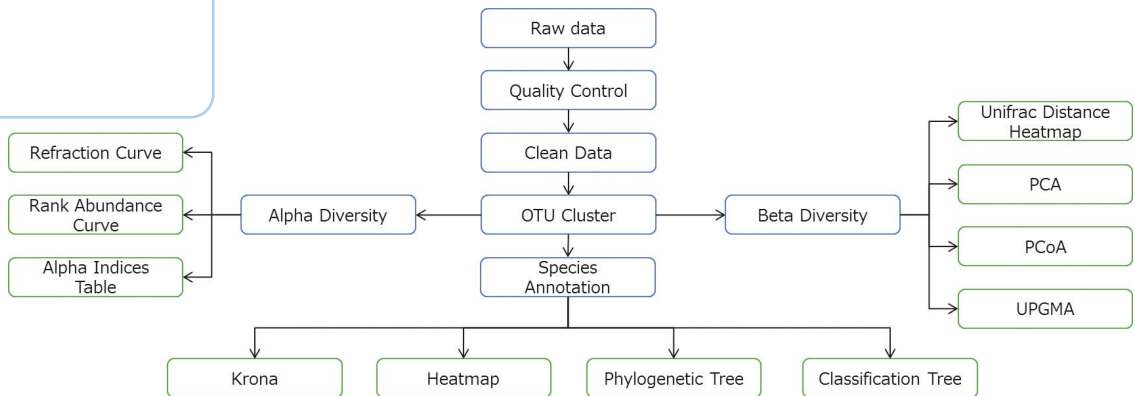
### 必要サンプル量

- ・ゲノムDNA: 5  $\mu$ g以上 (10  $\mu$ g以上を強く推奨)
- ・容量: 20  $\mu$ L以上
- ・濃度: 50 ng/ $\mu$ L以上
- ・OD<sub>260/280</sub>: 1.8-2.0
- ・Buffer: TE bufferまたはddH<sub>2</sub>O

- (1) 電気泳動を実施し、泳動写真を添付してください。  
\* 電気泳動は、次の条件で実施してください: 1.0% agarose gel; 1.0% TAE solution; 100V for 40 min.
- (2) RNase処理をおこない、DNAが分解されていないことを確認してください。
- (3) DNase, RNaseフリーの1.5 mLまたは2 mLのチューブを使用してください (スクリーキャップ式を推奨します)。
- (4) ゲノムDNAは、凍結融解をできる限り避け、4°CでTE bufferまたはddH<sub>2</sub>Oにて保存してください。  
\* 長期保存の場合は、-20°Cまたは-80°Cで保存してください。
- (5) UVスペクトルベースの濃度測定法では、RNA, dsDNA, ssDNA, フリーの核酸等も同時に検出するため、ゲノムDNAの濃度測定が不正確になる場合がありますので、蛍光ベースの定量法でも確認することを強く推奨します。  
\* UVスペクトルベースで測定した場合、上記よりも多いゲノムDNAを準備してください。
- (6) サンプル送付先および注意実行につきましては、「受託解析サービスの流れ」を参照してください。

### バイオインフォマティクス解析例

- ✓ OTU解析
- ✓  $\alpha/\beta$ 多様性
- ✓ PCA解析



\*一部解析では、2グループ以上や生物学的リプリケートが必要です。  
\*解析内容は変更される場合がありますこと、予めご了承ください。

### Price

サービス内容	保証データ量	数量	税別価格	カタログ#
微生物ゲノムアンプリコン受託解析サービス バイオインフォマティクス解析付	60,000 reads	5-9サンプル	お問い合わせ	F-Novo-AS3-(サンプル数)
		10-24サンプル	お問い合わせ	F-Novo-AS3-(サンプル数)
		24-49サンプル	お問い合わせ	F-Novo-AS3-(サンプル数)
		50-99サンプル	お問い合わせ	F-Novo-AS3-(サンプル数)