

次世代シーケンシング受託解析サービス Novogene

メタゲノム解析

*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。

メタゲノム解析は、環境サンプル中に含まれる全ての微生物のゲノムDNAを抽出して網羅的にシーケンスします。得られた配列データをリファレンス配列と相同性検索をすることで、菌種の帰属や菌種組成、挿入、欠失などの情報が得られます。また、機能遺伝子のデータベースに対して相同性検索をすることで、その細菌叢がどのような機能遺伝子を持っているかの情報を得ることもできます。

サービスの仕様

使用機種	illumina HiSeq 4000
ライブラリー種類	Paired-end 250 bp
保証データ量	6 Gb or 12 Gb
作業内容	QCチェック、ライブラリー作製、シーケンス、標準解析
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: <ul style="list-style-type: none"> Raw data (.fastq) Clean data (.fastq) Result data 解析レポート (.pdf, .html) * CLC Genomics Workbench試用ライセンス付属 * Result dataは標準解析をお申込みいただいた場合に納品
最低注文数	2サンプル以上
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

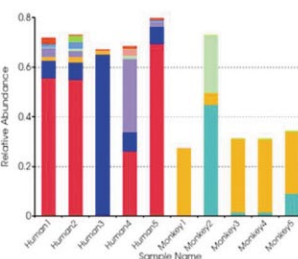
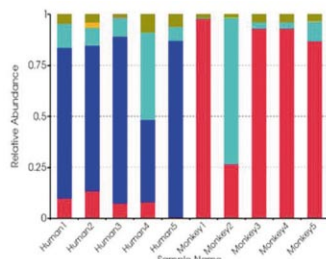
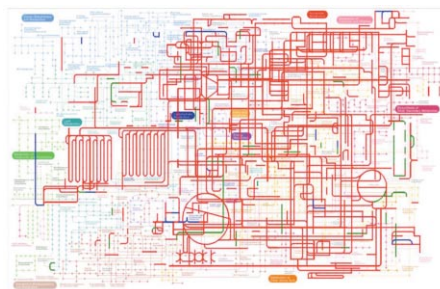
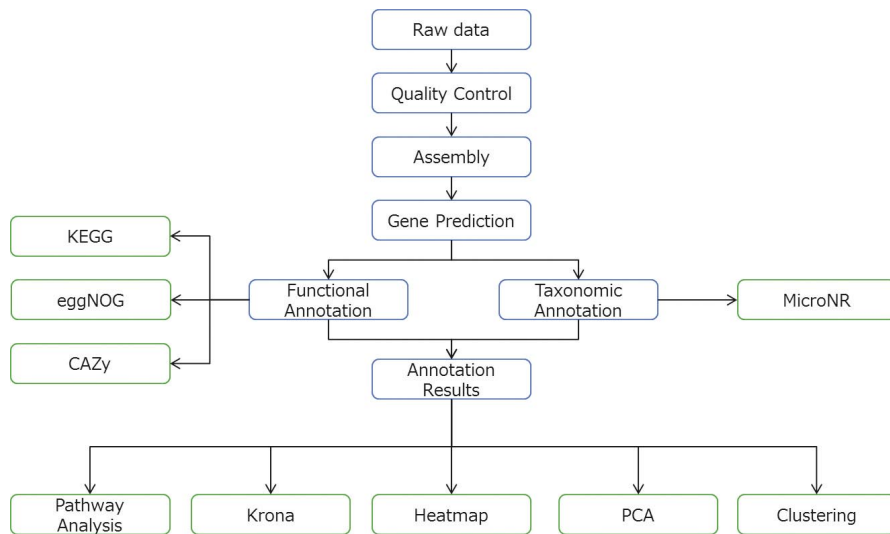
- ゲノムDNA: 800 ng以上 (1.6 μg以上を強く推奨)
- 容量: 20 μL以上
- 濃度: 50 ng/μL以上
- OD_{260/280}: 1.8-2.0
- Buffer: TE bufferまたはddH₂O

- 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.
- 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。
- 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(スクリュウキャップ式を推奨します)。
- 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ddH₂O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。
- 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。
- 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

- メタゲノムアセンブル
- 遺伝子予測
- アノテーション
- パスウェイ解析
- クラスター分析
- PCA解析

*一部解析では、2グループ以上や生物学的リブレットが必要です。
*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#
メタゲノム受託解析サービス バイオインフォマティクス解析付	6 Gb	2-4サンプル	お問い合わせ	F-Novo-MG6D- (サンプル数)
		5-9サンプル	お問い合わせ	F-Novo-MG6D- (サンプル数)
	12 Gb	2-4サンプル	お問い合わせ	F-Novo-MG12D- (サンプル数)
		5-9サンプル	お問い合わせ	F-Novo-MG12D- (サンプル数)