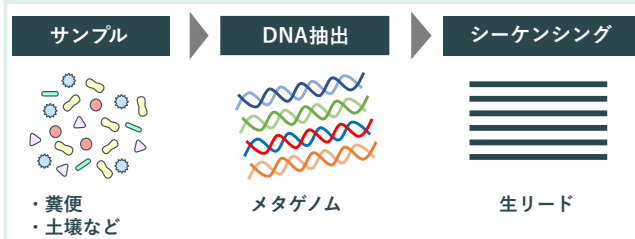


ショットガンメタゲノム解析サービス

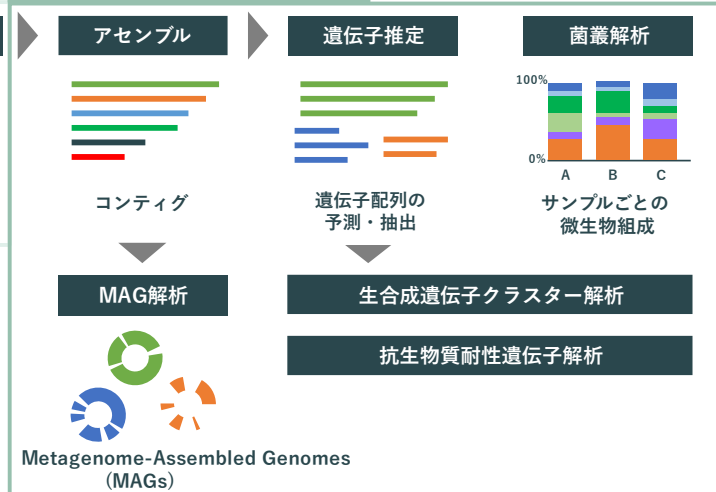
5 Gb/検体 あたり **79,000円～**
(税別)

ショットガンメタゲノム解析



◆ **ショットガンメタゲノム解析**
検体中のメタゲノムDNAをランダムにシーケンスし、得られた配列を解析します。微生物菌叢解析に加え、遺伝子推定やMAG解析を行うことが可能です。

バイオインフォマティクス解析



シーケンス価格

DNA抽出～シーケンスまで一式承ります

基本メニュー	標準納期	データ量	納品物	発注可能数	単価(税抜)
ショットガンメタゲノム解析 (標準)	6-8週間	5Gb	シーケンスデータ (FASTQ)	8検体から	79,000円/検体
ショットガンメタゲノム解析 (短期)	3-4週間	5Gb	シーケンスデータ (FASTQ)	8検体から	118,000円/検体

バイオインフォ解析価格

解析のみのご依頼、その他カスタマイズ解析のご相談も承ります

解析メニュー	納品物	単価(税抜)	追加検体単価(税抜)
メタゲノム解析 (菌叢プロファイリング等)	アセンブル塩基配列 / 遺伝子塩基配列 遺伝子アミノ酸配列 / 遺伝子一覧表 微生物菌叢プロフィール		
MAG解析	ドラフトゲノム配列 / 遺伝子塩基配列 遺伝子アミノ酸配列 / 遺伝子一覧表	100,000円/解析※ 1-8検体まで	10,000円/検体
系統樹解析	系統樹データ / 系統樹画像		
生成成遺伝子クラスター解析	アノテーション結果一覧表		
抗生物質耐性遺伝子解析	アノテーション結果一覧表		

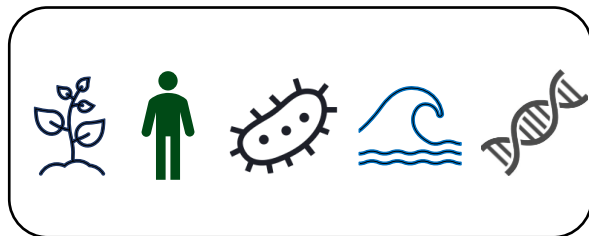
※1発注につき、別途基本解析料金(200,000円)がかかります。

サービスの流れ



受入可能サンプル

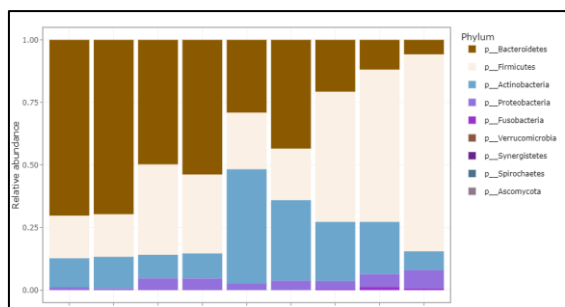
糞便、唾液、土壌、海水、調製済細菌懸濁液、DNA等各種対応可能です。上記以外の検体もご相談ください。



解析メニュー概要

◆ メタゲノム解析

アセンブル、遺伝子推定や微生物菌叢プロファイル推定まで行います。Taxonomy基準を変えながら各サンプルの微生物菌叢組成の表示も可能です。



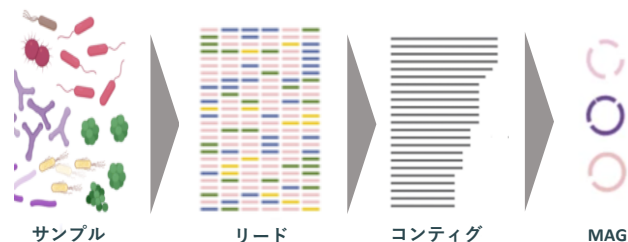
微生物菌叢解析

locus_tag	type	length_bp	gene	EC_number	COG	product
SampleA_00090	CDS	1,104	fts_1	4.12.1.9		Fructose-1,6-bisphosphate aldolase
SampleA_00091	CDS	1,287	purA_1	6.3.4.4	COG0104	Adenylosuccinate synthetase
SampleA_00092	CDS	1,584	dca_1			H(+)-[C]-exchange transporter C1a
SampleA_00093	CDS	1,074	crbB_1			Puritate fluoride ion transporter CrbB
SampleA_00094	CDS	396	crbB_2			Puritate fluoride ion transporter CrbB
SampleA_00096	CDS	1,080	degA_1		COG1609	HTH-type transcriptional regulator DegA
SampleA_00097	CDS	1,515	sucP_1	2.4.1.7	COG0366	Sucrose phosphorylase
SampleA_00099	CDS	1,902	glgB_1	2.4.1.18		1,4-alpha-glucan branching enzyme GlgB
SampleA_00101	CDS	879	melD_1		COG1175	Melibiose/raffinose/stachyose import permease protein MelD
SampleA_00102	CDS	850	melC_1		COG0395	Melibiose/raffinose/stachyose import permease protein MelC
SampleA_00104	CDS	3,350	yjiE_1			Inner membrane metabolite transport protein YjiE
SampleA_00105	CDS	1,053	ivc_1	1.1.1.382		Ketol-acid reductoisomerase (NAD(+))
SampleA_00106	CDS	1,041	ivc_2	1.1.1.86	COG0059	Ketol-acid reductoisomerase (NADPH+)
SampleA_00109	CDS	1,035	cytR_1		COG1609	HTH-type transcriptional repressor CytR
SampleA_00111	CDS	1,470	serP		COG1113	Aromatic amino acid transport protein SerP
SampleA_00113	CDS	1,497	kerB_1			Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KerB
SampleA_00119	CDS	1,548	serP2_1		COG1113	DL-alanine permease SerP2
SampleA_00120	CDS	915	thiG_1	2.8.1.10		Thiazole synthase
SampleA_00123	CDS	966	pdsl	1.1.1.65		Pyridoxine 4-delta-lyase
SampleA_00125	CDS	1,968			COG1132	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein Rv1273c
SampleA_00126	CDS	1,818		7.6.2.	COG1132	Fatty acid ABC transporter ATP-binding/permease protein
SampleA_00135	CDS	822	btuD_1	7.6.2.8		Vitamin B12 import ATP-binding protein BtuD

遺伝子推定解析

◆ MAG解析：Metagenome-Assembled Genome (MAG)

メタゲノムビニング（サンプル中の塩基配列断片の集合から個別の微生物ゲノムを分別する手法）によって、ドラフトゲノム(MAG)を取得します。MAGの品質評価や生物種の推定結果まで行います。



Genome ID	Completeness	Contamination	Genome size (Mbp)	Nearest Reference	Taxonomy
SampleB-0000	100	0.23	2.14	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Actinobacteria_c__Actinomycetia_A__Actinomycetia_L__Bifidobacteriaceae_f__Bifidobacterium_L__Bifidobacterium_ssp.
SampleB-0000	99.92	0	2.47	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Lachnospirales_f__Lachnospiraceae_s__Agathobacter_L__Agathobacter_ssp.
SampleB-0000	97.99	0	2.18	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Clostriales_f__Acetivibronaceae_s__Acetivibrio_L__Acetivibrio_ssp.
SampleB-0000	97.81	0.63	2.88	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Lachnospirales_f__Lachnospiraceae_s__Fusoidibacter_L__Fusoidibacter_ssp.
SampleB-0000	83.76	0	1.8	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Clostriales_f__Ruminococcaceae_s__Ruminococcus_L__Ruminococcus_ssp.
SampleB-0000	82.54	4.09	2.01	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Bacteroidia_c__Bacteroidia_s__Bacteroides_f__Coprobacteraceae_s__Coprobacter_L__Coprobacter_ssp.
SampleB-0000	82.45	1.48	2.18	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Desulfobacterota_c__Desulfobacterota_s__Desulfobacterota_f__Desulfobacterota_s__Desulfobacterota_ssp.
SampleB-0000	82.29	0.96	1.89	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Actinobacteriota_c__Actinomycetia_s__Actinomycetia_L__Bifidobacteriaceae_f__Bifidobacterium_L__Bifidobacterium_ssp.
SampleB-0000	70.69	0	3.25	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Bacteroidia_c__Bacteroidia_o__Bacteroidales_f__Tannerellaceae_s__Tannerella_L__Tannerella_ssp.
SampleB-0000	60.86	1.75	1.29	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Lachnospirales_f__Lachnospiraceae_s__Fusoidibacter_L__Fusoidibacter_ssp.
SampleB-0000	56.14	0	2.09	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Clostriales_f__Lachnospirales_f__Lachnospiraceae_s__Fusoidibacter_L__Fusoidibacter_ssp.
SampleB-0000	55.17	0.72	1.23	SCF_0000000	d__Bacteria_p__Firmicutes_A__Clostridia_o__Clostriales_f__Butyrivibrionaceae_s__Butyrivibrio_L__Butyrivibrio_ssp.
	•	•	•	•	•
	•	•	•	•	•
	•	•	•	•	•

ビニング及びMAG解析

◆ 抗生物質耐性遺伝子解析

カナマイシン、β-ラクタマーゼなど各種構成物質への耐性遺伝子があるかアノテーションして評価します。

◆ 生合成遺伝子クラスター解析

既知の生合成遺伝子クラスターのアノテーションがつくかどうか、何%遺伝子が含まれるかを評価します。

その他、培養菌株のシーケンスや、シングセルゲノムショットガンメタゲノムの統合解析、RNA-seqのインフォ解析など各種メニューが御座います。お悩みの内容に応じたサービスをご提供いたします。まずはご相談ください。

お問合せ先: bitBiome株式会社

E-mail: service@bitbiome.co.jp

Web: <https://www.bitbiome.co.jp/>

Twitter: <https://twitter.com/bitBiome>

〒162-0041

東京都新宿区早稲田鶴巻町513 早稲田大学121号館 415号室

