

# 16S 微生物群集解析 あいのり解析

MiSeq  
2 x 300bp

取得リード  
10 万リードペア

データ解析まで  
セットプラン

## サンプル調製

### Step 1

#### 1st PCR

5' 末端にオーバーハング配列を含む  
プライマーを用いて 16S rRNA 領域を増幅

16s 領域

¥70,000

/ 検体 (税別)

- 受入サンプル：精製済みゲノム DNA
- サンプル必要量：100ng 以上 (濃度：10ng/μl 以上)

### Step 2

#### 2nd PCR

Nextera XT Index Kit を使用して  
シーケンスに必要なアダプター配列を付加

P5  
インデックス

16s 領域

インデックス P7

¥60,000

/ 検体 (税別)

- 受入サンプル：PCR 産物 (16S V3・V4 領域)
- サンプル必要量：5ng 以上 (濃度：0.2ng/μl 以上)

## シーケンス



illumina MiSeq  
300PE

取得リード数  
10 万リードペア / 検体

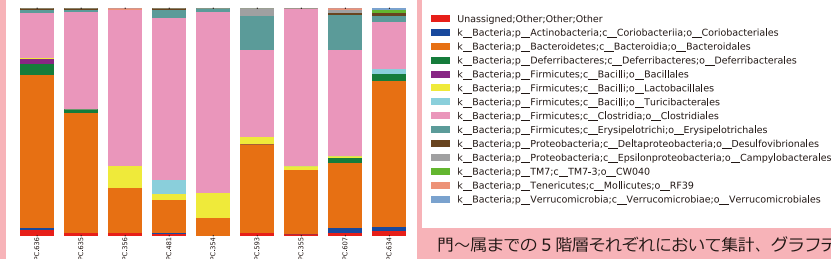
¥50,000

/ 検体 (税別)

- 受入サンプル：調製済みライブラリ (混合済み)
- サンプル必要量：10nmol/l 以上 (5ng/μl 以上), 25μl 以上
- サイズ：約 630bp

## データ解析

### ● OTU (Operational Taxonomy Unit) 生成 ~ 代表配列のアノテーション・集計



門~属までの5階層それぞれにおいて集計、グラフデータを作成いたします。

- ※ 納期は弊社スケジュールとなります。お急ぎの場合は別途お問い合わせください。
- ※ プロトコルは illumina 社公式資料「16S Metagenomic Sequencing Library Preparation」をご案内申し上げます。
- ※ ご希望の方には 16S rRNA 領域増幅用プライマーセット (対象領域：16S rRNA V3・V4)、Index 付アダプターを無償でご提供いたします。その他領域での解析をご希望の方には、目的領域の増幅用プライマー設計・合成も承ります (別途お見積り)。

代理店



北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 札幌市北区新川西2条1丁目2-1

☎ 0120-613-190

TEL:011-768-5903 FAX:011-768-5951

Email:hss-ngs@hssnet.co.jp

URL:http://www.hssnet.co.jp

※ 本サービスの仕様は、予告なく変更する場合がございます。