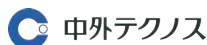


## 微生物関連受託サービス



[メーカー：CGT]



[メーカー：JBI]



[メーカー：SNP]

## 次世代シーケンスによる微生物群集構造（細菌叢）解析受託サービス

[Web ページ番号：68933]

酵母菌や糸状菌などの環境に生息する微生物，腸内細菌などの DNA 塩基配列を次世代シーケンスによって分析することで，微生物の種類と存在比を高感度かつ網羅的に解析します。

[メーカー：CGT]

## 特長

- 信頼性の高い Illumina 社 MiSeq によるペアエンドシーケンスを採用。
- 1 試料当たり 3 万リードを保証（5 万リードを目安に取得）。
- 真正細菌，古細菌，藻類，真核生物などを網羅的に解析。
- 存在比率 0.01~0.1% の微生物が検出可能。
- 菌叢分類（97% OTU）

## 分析対象生物と解析遺伝子領域



- 菌叢分類（門，綱，目，科，属）リスト
- 分類群（門，綱，目，科，属）の菌叢グラフ

## 遺伝子解析による微生物分析受託サービス

[Web ページ番号：67311]

土壌，地下水などの特定の微生物群を定量（存在量）する受託サービスです。

[メーカー：JBI]

## 分析対象例

- 水処理関連微生物
- 土壌浄化関連微生物
- 真正細菌（バクテリア）総量
- 古細菌（アーキア）総量
- 真菌類（カビ）総量

## 特定微生物の定量項目

全菌数	土壌関連	窒素循環
<ul style="list-style-type: none"> <li>真正細菌 16S</li> <li>古細菌 16S</li> <li>真菌 18S</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li><i>Dehalococcoides</i> 属細菌 16S/bvcA/vcrA/tceA</li> <li><i>Dehalobacter</i> 属</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>アンモニア酸化細菌群 <i>amoA</i></li> <li>亜硝酸酸化細菌群 <i>Nitrobacter</i> 属 16S</li> <li>亜硝酸酸化細菌群 <i>Nitrospira</i> 属 16S</li> <li><i>Anammox</i> 細菌</li> </ul>

## 長鎖／難合成性の DNA に対応する遺伝子合成受託サービス

[Web ページ番号：69993]

神戸大学などで開発された OGAB 法をはじめとする独自技術により，従来の遺伝子合成技術では対応が困難であった長鎖 DNA の合成や，高 GC/AT 含量，繰り返し配列を持つ難合成性の DNA にも対応します。

[メーカー：SNP]

## OGAB 法

(株)シンプロジェン取締役の柘植謙爾博士（神戸大学大学院 特命准教授）が開発した OGAB 法は，枯草菌のプラスミド形質転換系を利用した多重 DNA 断片集積法です。OGAB 法を用いることで，最大 50 断片の二本鎖 DNA を一反応で連結しクロッキングすることができます。

## 合成実績

対象	DNA サイズの目安	合成数
微生物遺伝子オペロン	11,000 bp	150 種以上
ペプチド合成酵素	40,000 bp	
抗体生産菌関連遺伝子群	30,000 bp	50 種以上
ヒト遺伝子	100,000 bp	数種

- 100 kb までの長鎖 DNA を合成します。

※100 kb 以上をご希望の際はご相談下さい。

## 参考価格

配列データをご提供いただき，配列の長さ，合成難易度を解析の上，お見積いたします。

配列長	STANDARD (通常配列)	PREMIUM (合成困難な配列など)
5 kb まで	~ ¥375,000/配列	¥450,000~/配列
5~15 kb	¥75/bp	¥90~/bp
15~100 kb	—	¥90~/bp

## PREMIUM DNA

長鎖 DNA，GC 含量が偏っている配列やリピート配列を含む DNA，大腸菌や酵母などに毒性を有するコード領域を含む DNA など，合成難易度の高い DNA (PREMIUM DNA) 配列にも対応いたします。

- ※納期目安は 30 営業日です。配列の長さや合成難易度によって変動します。