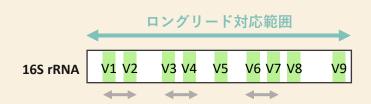


試料中に存在する多様な細菌叢を、次世代型シークエンス技術 (PacBio sequel II e/MinION) と独自の解析手法 (SAQE\*) を用いて同定・分類します。 \* 弊社科学技術顧問である坊農秀雅氏 (広島大学)開発技術





16S rRNA 遺伝子全長配列をロングリードで読み取ることにより、ショートリードで読み取るよりも確実な種レベルでの分類を可能にしています。



### ■ ご注文の流れ

STEP1 ご相談 サンプルについてまずはお気軽にご相談・ご連絡ください。

(注文時はお見積もりをご依頼ください。連絡先は下記お問合せ先をご参照ください)

STEP2 核酸抽出

お客様にご準備いただくか、ご依頼があれば弊社で実施(別途費用)致します。

# STEP3 シークエンス 解析

弊社で実施致します。

- 16S rRNA遺伝子の全長配列を解読します。
- PacBio sequel I e (Pacific Bioscience)、またはMinION (Oxford Nanopore Technologies) を使用。
- リード数は約3万程度(プロジェクトに応じて要相談) (使用機種等、ご要望や研究開発状況に応じて最適な方法をご提案させていただきます)

## STEP4 データ解析

弊社で実施致します。

- 相同性検索や系統分類解析を行い系統(属・種)とその存在割合を可視化します。
- データ解析は、科学技術顧問の坊農秀雅氏(広島大学)のSAQEを使用。 (その他アプリケーションに関しては下記連絡先よりお問合せください)

STEP5 お渡し

弊社よりメールにて可視化したデータをお渡し致します。

### ■ 納品物イメージ



### ■ 納期と価格

#### 内容に応じて要相談

- DNA抽出は別途費用3万円/サンプル
- ボリュームディスカウント有
- (例) 24サンプル、DNA抽出依頼なし、MinION使用の場合 納期: 約1週間、価格: 8万円/サンプル

【初回限定】コンサルティング面談2回分無料!!

### ■ お問合せ先



プラチナバイオ株式会社 サービス担当

E-mail: service@pt-bio.com

弊社HPの問い合わせフォームからも 受け付けております。

プラチナバイオ株式会社





"ゲノム編集とバイオDXでミライを拓く"をビジョンに掲げ

▶産業利用に最適な「ゲノム編集」技術 ▶生物機能を最大限引き出す「バイオDX」技術を駆使して、人類が直面する 社会課題を解決する革新的な製品・サービスを開発・提供します。