

別 紙

仕様書

1. 件名

次世代シーケンサーを用いた細菌 16S-rRNA アンプリコンシーケンス解析

2. 履行期限

令和8年3月31日

3. 概要

大豆湯煮廃水処理汚泥中の細菌叢解析

4. 解析内容

1) 検体

- (1) 大豆湯煮廃水処理汚泥からの抽出 DNA を当方より冷蔵便で送付する。
- (2) 検体数：12
- (3) バイオセーフティーレベル (BSL) 非該当。遺伝子組み換えなし。
- (4) 10ng/μL 以上の gDNA を 50μL 程度送付可能 (260nm の吸光度ベースでの定量)。
- (5) 受領後、受託者が PCR 阻害物質の除去 (カラム精製) を行う。

2) 1stPCR

- (1) 対象遺伝子領域：16S rRNA V3/V4
- (2) プライマー：341'f*-805r
 - *341'f primer は、(Hugerth et al. 2014) で報告されている改変プライマー。検体と同時に当方より提供可能。

3) シーケンス条件

- (1) illumina 社 NextSeq1000 または MiSeq を使用。
- (2) リード長およびデータ量は、300bp Paired End および 1 サンプルあたり 3～5 万リードペア程度とする。

4) 解析

- (1) QIIME2 (DADA モデル) による系統推定 (データベース SILVA)。
- (2) 可能な限り属レベルまで。難しいものについては科レベルまででよい。

5. その他提出物

- 1) 委託業務完了報告書：紙媒体
- 2) シーケンスデータ (Fastq file)：電子ファイル
- 3) 系統解析結果 (エクセルファイルと可視化データ)：電子ファイル