

Next Generation Sequencing Order Sheet

I. お客様情報

ご所属	
お名前	
メール	
電話番号	
代理店名	
代理店のご担当者名	
ご担当者のメール	
電話番号	

II. Next generation sequencing

Platform		Running Conditions
<input type="checkbox"/> Illumina (HiSeq2500)	Run Info.	<input type="checkbox"/> ___ lane(s) (i.e. 2 lanes) or ___ Gbp
	Read Length	<input type="checkbox"/> 50 bp <input type="checkbox"/> 100 bp <input type="checkbox"/> 150 bp
	Library Type	<input type="checkbox"/> Single End <input type="checkbox"/> Paired End <input type="checkbox"/> Index adapted <input type="checkbox"/> Mate Pair (<input type="checkbox"/> 3kb, <input type="checkbox"/> 5kb, <input type="checkbox"/> 8kb, <input type="checkbox"/> 10kb)
<input type="checkbox"/> Illumina (HiSeq4000)	Run Info.	<input type="checkbox"/> ___ lane(s) (i.e. 2 lanes)
	Read Length	<input type="checkbox"/> 100 bp <input type="checkbox"/> 150 bp
	Library Type	<input type="checkbox"/> Paired End <input type="checkbox"/> Index adapted <input type="checkbox"/> Mate Pair (<input type="checkbox"/> 3kb, <input type="checkbox"/> 5kb, <input type="checkbox"/> 8kb, <input type="checkbox"/> 10kb)
<input type="checkbox"/> Exome seq	Species	<input type="checkbox"/> Human <input type="checkbox"/> Mouse <input type="checkbox"/> Other ()
	Capture kit	Agilent SureSelect (<input type="checkbox"/> V5 <input type="checkbox"/> V6 <input type="checkbox"/> V5+UTR <input type="checkbox"/> V6+UTR)
	Data	100 bp Paired End Raw data ___ Gbp以上
<input type="checkbox"/> Illumina (Miseq)	Run Info.	<input type="checkbox"/> ___ run(s)
	Read Length	<input type="checkbox"/> 50 bp <input type="checkbox"/> 150 bp <input type="checkbox"/> 250 bp <input type="checkbox"/> 300 bp
	Library Type	<input type="checkbox"/> Single End <input type="checkbox"/> Paired End <input type="checkbox"/> Index adapted <input type="checkbox"/> Mate Pair (<input type="checkbox"/> 3kb, <input type="checkbox"/> 5kb, <input type="checkbox"/> 8kb, <input type="checkbox"/> 10kb)
<input type="checkbox"/> Illumina (HiSeq X Ten)	Run Info.	150 bp Paired End <input type="checkbox"/> 45 Gb <input type="checkbox"/> 90 Gb /sample <input type="checkbox"/> ___ sample(s)/ ___ lane(s)
<input type="checkbox"/> Illumina (NovaSeq6000)	Run Info.	<input type="checkbox"/> ___ lane(s) (i.e. 2 lanes) or ___ Gbp
	Read Length	<input type="checkbox"/> 100 bp <input type="checkbox"/> 150 bp
	Library Type	<input type="checkbox"/> Paired End <input type="checkbox"/> Index adapted
<input type="checkbox"/> Exome seq	Species	<input type="checkbox"/> Human <input type="checkbox"/> Mouse <input type="checkbox"/> Other ()
	Capture kit	Agilent SureSelect (<input type="checkbox"/> V5 <input type="checkbox"/> V6 <input type="checkbox"/> V5+UTR <input type="checkbox"/> V6+UTR)
	Data	150 bp Paired End Raw data ___ Gbp以上
<input type="checkbox"/> PacBio RS II <input type="checkbox"/> Sequel	Run Info.	<input type="checkbox"/> ___ cell run <input type="checkbox"/> ___ sample library製作

※解析をキャンセルされました場合は、サンプル数分のサンプルQC費用のみをご請求させていただきます。

III. NGS Service Sample Information*

サンプル情報を教えてください。

Item		1	2	3	4
サンプル名 (Sample Name) ※14文字以下のアルファベットもしくは数字でお願いします。					
サンプル種類(Sample Type) 以下のリストからお選びください**。					
生物名 (Organism)					
ゲノムサイズ (Genome size, bp)					
Libraryご提供の場合	LibraryのSize(bp)				
	Libraryのindex情報				
	PhiX添加量(%)				
濃度 (ng/ul) <input type="checkbox"/> NanoDrop <input type="checkbox"/> PicoGreen <input type="checkbox"/> Qubit					
総量 (ul)					
純度 (A260/280)					
溶出バッファー (Elution Buffer)					
エタノール沈殿状態(EtOH ppt)でサンプルをご送付頂く場合には○をご記入ください。 ※エタノール沈殿の際にはSodium acetateを添加してください。					
分析のための文献情報 ※Reference sequence etc. ※参照シーケンスのリンクや参照ファイル名等					
サンプルの返送をご希望の場合は、 ○をご記入ください。 ※別途費用が発生致します。					
結果データを個人情報保護便でのHDD納品をご希望の場合は、○をご記入ください***。 ※別途費用が発生致します。					

* サンプル数が 5以上の場合はこのページをコピーしてご記入ください。

** サンプル種類:

1. gDNA 2. Plasmid 3. Cosmid/Fosmid 4. cDNA 5. BAC 6. Total RNA 7. mRNA
8. PCR Product (アダプターを増幅するため、使用されたアダプターの情報をご提供ください。)
9. Low mol weight DNA (<800bp) 10. Other ()
11. ChIP Sample (ChIPed DNA とコントロールのサンプルをご提供頂く必要があります。)
12. 製作済library

*** ヒト由来組織、血液等のサンプルから解析を行った塩基配列情報 (結果データ) が対象となります。

サンプルのゲル泳動画像または Agilent 2100 Bioanalyzer での情報があれば、こちらにご提供ください。

IV. 解析

1. データ解析

de novo Genome Sequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> Assemble <input type="checkbox"/> ORF prediction <input type="checkbox"/> Blast (Annotation)
Genome Resequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> Mapping <input type="checkbox"/> Coverage, SNP, InDel
de novo Transcriptome Sequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> Assemble <input type="checkbox"/> Expression profile <input type="checkbox"/> Blast (Annotation)
Transcriptome Resequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> Mapping <input type="checkbox"/> Expression profile <input type="checkbox"/> DEG
ChIP Sequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> Peak region report (.bedformat file)
Exome Sequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> Mapping <input type="checkbox"/> Coverage, SNP, InDel
Metagenome Sequencing	Basic	<input type="checkbox"/> Raw data
	Pro	<input type="checkbox"/> BLAST (RDP database) <input type="checkbox"/> OTU analysis

2. 比較データ解析が必要な場合、比較パターン (Test vs. Controlの順番) をご記入ください。

※RNA-seqご依頼の場合のみ

--

3. サンプルとデータの保管期間：3ヶ月間

※ご提供のサンプルとデータは本業務の実施以外の目的に使用致しません。

4. 納品方法：サーバーからのダウンロード (場合によってはハードディスクで納品)

V. コメント

--

VI. サンプル準備ガイド

DNA / RNA 品質

a) DNA

Double-strand, non degraded, and containing no particulate matter

Purified by column or gel purification protocols-A260/280 ratio of 1.8 or above

b) RNA

2100 Bioanalyzer RNA integrity Number (RIN)>7

28S rRNA : 18S rRNA = 2:1 ratio

DNA / RNA 量

1. Illumina (in EB buffer)

サンプルの種類	総量
gDNA	1~5ug (5ug 推奨)
ChIPed DNA	>10ng
mRNA sequencing-total RNA	>1ug
mRNA sequencing-mRNA	>100ng
small RNA sequencing-total RNA	>3ug
small RNA sequencing-small RNA	total RNA の1~10ug から精製される一部のsmall RNA

2. PacBio RS II/Sequel (in Tris-HCl pH 8.0)

サンプルの種類	総量
gDNA	>12ug

※PacBioの場合はEDTAを含むbufferは使用しないでください。

最適なRNA保存および発送のために

エタノール沈殿状態 (-20℃で1年間安定)

1. RNA 溶液の 0.1 倍の 3 M 酢酸ナトリウム (Sodium acetate)を加え、穏やかに混合する。

2. RNA 溶液に 2 倍の 100% のエタノールを加え、穏やかに混合する。

Ex.) 100ul の RNA 溶液がある場合、3 M 酢酸ナトリウムを 10 ul 加え、穏やかに混合する。

その後、さらに、100% エタノールを 220 ul 加え、穏やかに混合する。

3. Dry Ice 梱包で 送付。

以上