

仕 様 書

1. 業 務 名 次世代シーケンサーを用いたスギの遺伝子発現解析業務 1 式
2. 業務概要 次世代シーケンサー (MGI 社 DNBSeg) を用いて、スギサンプルの遺伝子発現解析を行う。
3. 作業内容 提供サンプル: total RNA (195 検体)
 - I. 品質検査
下記項目について、提供する RNA の品質検定を行うこと。
 - (1) Nanodrop (分光光度計) または Agilent Fragment Analyzer を用いた濃度測定
 - (2) Agilent Fragment Analyzer または Tapestation での測定による品質確認
 - II. シーケンスライブラリーの作製及び品質確認
RNA の品質検定に合格したサンプルについては、以下の項目について次世代シーケンサーによるシーケンス解析のためのライブラリーの作成と調整を行うこと。
 - (1) mRNA ライブラリー調整キットを用いたライブラリーの作成及び調整
 - (2) Agilent Fragment Analyzer または Tapestation によるライブラリーのサイズ確認を抜取検査にて実施 (検査数は 4 検体以上)
 - (3) ライブラリーの定量は BMG 定量で実施
 - III. 次世代シーケンサーによるデータ取得
MGI 社 DNBSeg を使用し、下記の条件でシーケンス解析を行うこと。
 - (1) シーケンス方法 : ペアエンドシーケンス
 - (2) ライブラリー調整 : ストランド特異的
 - (3) 検体数 : 195 検体
 - (4) 所得データ量 : 各検体 6Gb 以上
 - (5) 読み取り塩基長 : 150 塩基(両鎖解析)/1 リード
 - IV. データ解析
上記 III. で得られた解析生データについては、下記に挙げる情報処理を実施すること。
 - (1) bcl ファイルを bcl2fastq で Fastq ファイル(生データ)に変換する。
 - (2) 生データの概要を作成する。(総塩基数、リード数、GC(%), Q20(%), Q30(%)等)
4. 納品データ
成果物として、上記 III および IV により得たデータを HDD に入れて納入する。また、納入にあたっては、書面により、その旨を報告する。

納品するデータは以下の通りとする。
 - ・アダプター配列を含む未処理の raw data (Fastq ファイル) を納品すること。
 - ・アダプタートリミング等の加工処理を施したデータを納品する場合は、未処理の raw data と加工済みデータの両方を納品すること。
 - ・納品データについては、処理の有無および処理内容を書面にて明記すること。
5. 納品場所 茨城県日立市十王町伊師 3 8 0 9 - 1
国立研究開発法人 森林研究・整備機構 森林総合研究所 森林バイオ研究センター
6. 納 期 令和 9 年 1 月 2 9 日

7. その他

- 1) サンプルの品質チェックを行い、サンプルに問題が有り、再チェックを行う必要が有る場合は、2 回までは無料とする。また、業務実施に際して疑義が生じた場合は、森林総合研究所 森林バイオ研究センター担当者に速やかに連絡し、その指示に従うこと。
- 2) サンプルに問題があった状態で実験を行い、製作したライブラリーの品質が依頼するメーカーの基準に満たない場合、2 回目のライブラリー製作には別途契約を行う。
- 3) ライブラリー調製には、ストランド特異的 RNA-seq ライブラリー調製に対応した Kit を使用すること。使用する Kit の名称・メーカーを納品時の書面に記載すること。
- 4) サンプルに問題有り、依頼するメーカーの基準に適合していない状態で、担当者の同意の下で実験を行った場合、その実験結果についてメーカーは責任を負わないこととする。
- 5) 業務期間中、解析内容に関して協議が必要になった場合は解析を担当する技術者若しくは代理人が翌営業日までに来所し、打ち合わせを行うこと。

以上