**Next Generation Sequencing Order Sheet**

***I.お客様情報***

**ご記入をお願い致します。**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 申請日 |  | お客様ID番号 |  |

**私は、上記の内容で間違いないことを証明します。**

**ご署名**

***II. Next generation sequencing***

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Platform** | | **Running Conditions** | |
| 🞏Illumina  (HiSeq2500) | | Run Info. | 🞏\_\_\_lane(s) (i.e. 2 lanes) or \_\_\_Gbp |
| Read Length | 🞏50 bp 🞏100 bp 🞏150 bp |
| Library Type | 🞏 Single End 🞏 Paired End 🞏Index adapted  🞏Mate Pair (🞏3kb, 🞏5kb, 🞏8kb, □10kb) |
| 🞏Illumina  (HiSeq4000) | | Run Info. | 🞏 \_\_\_lane(s) (i.e. 2 lanes) |
| Read Length | 🞏100 bp　　🞏150 bp |
| Library Type | 🞏Paired End 🞏Index adapted  🞏Mate Pair (🞏3kb, 🞏5kb, 🞏8kb, 🞏10kb) |
|  | 🞏Exome seq | Species | 🞏Human 🞏Mouse 🞏Other ( ) |
| Capture kit | Agilent SureSelect (🞏V5 🞏V6 🞏V5+UTR 🞏V6+UTR) |
| Data | 100 bp Paired End Raw data \_\_\_Gbp以上 |
| 🞏Illumina (Miseq) | | Run Info. | 🞏 \_\_\_run(s) or □about 0.1 million reads/sample |
| Read Length | 🞏150 bp　🞏300 bp |
| Library Type | 🞏Single End 🞏Paired End 🞏Index adapted |
| 🞏Illumina  (HiSeq X Ten) | | Run Info. | 150 bp Paired End  🞏45 Gb 🞏90 Gb /sample　🞏\_\_\_sample(s)/\_\_\_lane(s) |
| 🞏Illumina  (NovaSeq6000) | | Run Info. | 🞏\_\_\_lane(s) (i.e. 2 lanes) or \_\_\_Gbp |
| Read Length | 🞏100 bp 　🞏150 bp |
| Library Type | 🞏 Paired End 🞏Index adapted |
|  | 🞏Exome seq | Species | 🞏Human 🞏Mouse 🞏Other ( ) |
| Capture kit | Agilent SureSelect (🞏V5 🞏V6 🞏V5+UTR 🞏V6+UTR) |
| Data | 150 bp Paired End Raw data \_\_\_Gbp以上 |
| 🞏PacBio RS II  🞏Sequel | | Run Info. | 🞏\_\_\_ cell run　　🞏\_\_\_ 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費用のみをご請求致します。

***III. NGS Service Sample Information\****

**サンプル情報を教えてください。**

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| **Item (Tube No.)** | | **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。記号は\_(アンダーバー)、-(ハイフン)のみ使用可能です。 | |  |  |  |  |
| 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添加必要量(%)  ※弊社で添加をご希望の場合(無償) |  |  |  |  |
| 濃度 (ng/ul)  🞏 NanoDrop 🞏 PicoGreen 🞏 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。 | |  |  |  |  |
| FFPE（ホルマリン固定パラフィン包埋）サンプル由来  ※対象でしたら○をご記入下さい。 | |  |  |  |  |
| 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

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、納品***

1. データ解析

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| ***de novo* Genome**  **Sequnecing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏Assemble 🞏ORF prediction, Blast (Annotation) |
| **Genome Resequencing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏Mapping 🞏Coverage, SNP, InDel |
| ***de novo* Transcriptome**  **Sequencing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏Assemble 🞏Expression profile 🞏Blast (Annotation) |
| **Transcriptome**  **Resequencing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏Mapping □Expression profile , DEG |
| **ChIP Sequencing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏Peak region report (.bedformat file) |
| **Exome Sequencing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏Mapping 🞏Coverage, SNP, InDel |
| **Metagenome**  **Sequencing** | Basic | 🞏Raw data |
| Pro | 🞏OTU analysis |
| **Other** | Pro | ( ) |

1. 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A vs B, C vs D　or (A,B,C)average vs (D,E,F)average　といった形式でお願いします。

|  |
| --- |
|  |

1. サンプルとデータの保管期間：納品後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。

1. 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. その他オプション*※全て別途費用が発生致します。**

□サンプル返送希望

□HDD納品希望

※HiSeq X, NovaSeq6000を用いた全ゲノム解析(45 Gb/sample以上)はご希望の有無にかかわらず必須となります。

□個人情報保護便を使用した納品希望

※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。

|  |
| --- |
|  |

***Ⅵ コメント***

***Ⅶ. サンプル準備ガイド***

**DNA / RNA 品質**

1. 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

1. 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 |

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

|  |  |
| --- | --- |
| サンプルの種類 | 総量 |
| gDNA | >8ug |

※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。

1. Dry Ice梱包で 送付。

**送付先**

〒606-8501 京都府京都市左京区吉田本町36-1

京都大学国際科学イノベーション棟3F

㈱マクロジェン・ジャパン NGSサービス係行き

Tel: 075-746-2773

Fax: 075-746-2775

E-mail: ngs@macrogen-japan.co.jp

**以上**