

業 務 仕 様 書

1. 件 名 次世代シーケンサー解析業務
2. 業務目的 本業務は、海水や底泥試料等を次世代シーケンサー解析することにより塩基配列データの取得を行い、植物プランクトン等の分布を把握することを目的とする。
3. 予定数量 4検体
※上記予定数量は見込みであり増減することがある。また、最低発注数を保証するものではない。
4. 履行期間 自) 契約締結日
至) 令和7年3月14日
5. 業務内容 北海道～東北沿岸で採取した海水や底泥試料等からそれぞれ DNA を抽出し PsaA 遺伝子や 18SrRNA 遺伝子等を対象にアダプター(タグ)付きプライマーで PCR した産物(DNA library)について、DNA シーケンサー(イルミナ Mi-seq)により 2×300base 両末端解析を行い、塩基配列を決定する。また、得られた配列はアダプターごとに振り分ける。
 - (1) サンプルはアダプター付きプライマーで PCR した精製済みの PCR 産物を混合した物(DNA library)とし、1.5～2.0cc のチューブ入とする。
 - (2) 供与 DNA library サンプルの品質を、Agilent 2100 bioanalyzer や Real-Time PCR により確認する(同等手法可)。
 - (3) サンプルは 1 ラン/1 検体(PCR 産物が混合された試料)として分析する。
 - (4) シーケンサーを用いて塩基配列(リード配列)を得る。
 - (5) タグ配列に基づき塩基配列(リード配列)を分類する。
 - (6) 1 ランで使用するアダプターは 200 種類程度を想定している。
 - (7) アダプターはイルミナで使用できる配列とするが、プライマーは PsaA 遺伝子、18SrRNA 遺伝子や 16SrRNA 遺伝子を対象に設計したものを使用する。
6. 成果品
 - (1) 作業報告書 2部
 - (2) データファイル(生データ fastaq ファイル、処理データ fasta ファイル)
リード配列(fastaq ファイル)はシーケンスのクオリティによりフィルターをかけた後にフォワードとリバース配列をマージし、タグごとに fasta ファイルとしてまとめること。また、タグごとに 1)生データのシーケンス数、2)クオリティによりフィルターをかけた後のシーケンス数、3)マージ後のシーケンス数を記載した資料を提出すること。
※データファイルは以下のいずれかの方法で提出すること。

1) USB フラッシュメモリに保存する。

2)ハードディスクに保存する。

USB フラッシュメモリ、ハードディスクにかかる費用および送料は請負者が負担すること。

3)発注者がサーバからダウンロード可能なこと。

7. 納入場所 宮城県塩釜市新浜町3丁目27番5号
国立研究開発法人水産研究・教育機構 塩釜庁舎

8. その他 1) 提供するサンプルおよび本業務により得られた情報を第三者に漏らしてはならない。契約期間満了後も同様とする。
2) サンプルは契約締結後から令和7年1月末日まで順次発送する。
3) サンプル送付にかかる費用は当所が負担する。
4) 解析後の残サンプルについては、業務終了後直ちに破棄すること。
5) この仕様書に記載の無い詳細については、担当職員の指示に従うこと。