

仕 様 書

- | | | |
|---|----------------|--|
| 1 | 調達をする
役務の名称 | イネDNAのシーケンス解析 |
| 2 | 内 容 | ①DNA抽出 イネ葉サンプルからのDNA抽出
②ライブラリ作製 シーケンス解析に必要となるライブラリの作製
③シーケンス解析 塩基配列解読分析
④データ解析 リードの精査、バリエーションの検出等
グループAは①～③、グループBは①～④の作業を実施する |
| 3 | 数 量 | 解析サンプル グループA150点、グループB200点 計350点 |
| 4 | 規 格 | 各操作・解析については、下記の仕様を満たすこと |

項目	調達役務に係る仕様
1 DNA抽出	
ゲノムDNA量	サンプルから抽出したDNA量が1 μ g以上であること
DNA濃度	抽出DNAの濃度が20ng/ μ L以上であること
DNA純度の確認	抽出DNAのA260/A280の値が1.8以上であること
断片化の確認	アガロース電気泳動等により、ゲノムDNAが断片化していないことを確認すること
クオリティチェック	抽出DNAのクオリティチェック (QC) を実施すること
2 ライブラリ作製	
ライブラリ作製キット	使用するシーケンサーに対応したライブラリ作製キットを用いること
クオリティチェック	作製したライブラリについてサイズや濃度のQCを行うこと
3 シーケンス解析	
ペアエンド分析	ライブラリの両側から配列を100～150bp解読すること
1サンプルあたりの取得データ量	1サンプルあたり15Gb以上のデータを取得すること
lane数	1サンプルあたり15Gb以上のデータを担保できるlane数とすること
4 データ解析	
リードの精査	QC、トリミングを行うこと
参照ゲノム配列へのマッピング	日本晴の高精度ゲノム配列 (https://rapdb.dna.affrc.go.jp/download/archive/irgsp1/IRGSP-1.0_genome.fasta.gz) を参照すること
バリエーションの検出	バリエーションの検出を行うこと
5 その他	
サンプル及び取得情報の取り扱い	提供するサンプル及び本業務に際し得られた情報等を無断で使用したり、第三者に提供したりしないこと
業務実施場所	全ての業務は、日本国内で実施すること
納入場所	山形県鶴岡市藤島字山ノ前25 山形県農業総合研究センター水田農業研究所
納品方法	成果物として、上記により得た解析結果及びRaw dataをHDDにより納品すること
納品時期	グループAは9月末、グループBは10月末までに分割納品すること