

# 仕 様 書

## 1. 件名

次世代シーケンス解析

## 2. 作業の概要

産業技術総合研究所生物プロセス研究部門では、CO<sub>2</sub>の資源化にむけた研究開発を行っている。本作業は、CO<sub>2</sub>資源化植物の開発に向けた基盤技術の開発の一つとして、改良型植物の遺伝子発現変動を次世代シーケンサーを用いて発現した RNA のシーケンス配列、および、その量を解析する作業である。

## 3. 作業項目

- 3-1. RNA の品質確認
- 3-2. RNA のエンリッチメント作業
- 3-3. ライブラリー調製作業
- 3-4. 次世代シーケンス解析
- 3-5. 解析データの Fastq ファイル納品

## 4. 作業項目別仕様

以下に記載する作業を行い、解析データ報告書を提出する。

### 4-1. RNA の品質確認

- ・ バイオアナライザー等による電気泳動によって RNA バンドパターンを確認し、分解度合いをスコア化する。

### 4-2. RNA のエンリッチメント作業

- ・ 「5. 支給品」で支給した「植物抽出した RNA 溶液 (96 サンプル)」から、PolyA ビーズ等によって mRNA を濃縮する。

### 4-3. ライブラリー調整作業

- ・ 4-2 記載の RNA から次世代シーケンサーの規格に併せた DNA の合成、および、アダプター付加を行ったのち、150bp ペアエンドに適切なサイズの DNA を抽出し、1700 万リード以上になるようロード量を調製する。

### 4-4. 次世代シーケンス解析

- ・ 4-3 記載の DNA 溶液を次世代シーケンサーにロードし、1 サンプル当たりペアエンドで 5Gbp (もしくは 1700 万リード) 以上をリードする。

### 4-5. 解析データの Fastq ファイル納品

- ・ 4-4 でリードした結果を Fastq データとしてファイル納品する。

## 5. 支給品

植物抽出した RNA 溶液（96 サンプル分）

---

## 6. 特記事項

- ・4-1. RNA の品質確認の結果 RIN 値が 4 以下となった場合には、「5. 支給品」の再送付を可能とする。
- ・納品したデータにおいてリード数が 4Gbp もしくは 1400 万以下だった場合、必要に応じてデータ再取得、再納入を行うこと。

## 7. 納入物品

- ・解析データ報告書（紙または電子媒体） 1 部  
※電子媒体の場合、原則として USB メモリ等の外部電磁的記録媒体は用いないこと。

## 8. 納入の完了

作業完了の後、「7. 納入物品」に記載された納入物品が過不足なく納入され、仕様書を満たしていることを確認して、納入の完了とする。

## 9. 納入期限及び納入場所

納入期限：2025年2月21日

納入場所：茨城県つくば市東1-1-1

国立研究開発法人産業技術総合研究所 生物プロセス研究部門  
つくばセンター中央事業所6群 6-8棟 306室

## 10. 付帯事項

- (1) 本仕様書の技術的内容及び知り得た情報については、守秘義務を負うものとする。
- (2) 本仕様書の技術的内容に関する質問等については、調達請求者と協議すること。また、本仕様書に定めのない事項及び疑義が生じた場合は、調達担当者と協議のうえ決定する。

以上