

### 1. Sample Requirement

sequence application	kit	method	sample type	amount	volume	quality control requirement
RNA-Seq (with Library Preparation)	illumina TruSeq Stranded mRNA kit	polyA-selected	total RNA	> 1µg	< 50 µl	RIN > 8.0
	NEB Ultra II Directional kit	polyA-selected		> 10ng	< 50 µl	RIN > 7.0
		rRNA-removed		> 5ng	< 12 ul	RIN > 7.0
	NEB Single Cell/Low Input RNA kit	polyA-selected		2 pg - 200 ng	< 8 ul	RIN > 8.0
Library Sequencing (without Library Preparation)			Library DNA	> 25 µl	<b>concentration</b> <b>1 nM</b>	Quantification with qPCR and Size-check with TapeStation or BioAnalyzer

\*その他のアプリケーションについてはご相談ください。

### 2. Charge

#### (1) Library Preparation

application	price/sample
RNA-Seq (polyA-selected)	15,000
RNA-Seq (rRNA-removed)	30,000

\*RNAのQC費用を含む

#### (2) Quality Check (qPCR + TapeStation)

\*サンプル数や相乗り状況によって変動します

price/set
10,000~20,000

#### (3) Sequence

run type(sequence kit)	ownership	price/run
High Output : 75 Cycles	LILA	260,000
High Output : 150 Cycles	LILA	560,000
Mid Output : 150 Cycles	LILA	210,000
Carry-on	Applicant	0

\*シーケンスキットについて:LILAでは原則として持ち込みラボ名義での長期保管はしません。キット持ち込みの場合は、実際の依頼の際にその都度サンプルと一緒に持ち込んで下さい。もしくは、複数購入時にそのままこちらに納品する場合は、LILAの共有キットとして保管し、古いものから順に使用していきます。

#### (4) Maintenance & Analysis

\*相乗りの場合はサンプル数に応じて配分

price/run
40,000

\*年間10run以降は¥10,000/run

#### \*Basic analysis method

RNA-Seq	Data QC → Mapping → Gene expression analysis
ChIP-Seq	Data QC → Mapping → Peak call → Annotation

### 3. Sequence Performance of NextSeq 500

Flow Cell	Read Length(bp)	Total Reads/run
High Output	75 x 1 (single-end)	400 M
	38 x 2 (paired-end)	400 M x 2
	75 x 2 (paired-end)	400 M x 2
	150 x 2 (paired-end)	400 M x 2
Mid Output	75 x 2 (paired-end)	130 M x 2
	150 x 2 (paired-end)	130 M x 2

\*CUT&Tag, ATAC-Seqなど

Output Data	FASTQ
-------------	-------

\*必要に応じてRaw dataの返却も致します。

\*シーケンスデータ返却後のデータ紛失に関しては、LILAは一切の責任を負いません。シーケンスラン後のRaw data, Fastq dataは、原則としてランから半年経過時に削除します。必ず依頼者ご自身でのデータ保管をお願いします。