

Obj. číslo Název Kč

Příprava sekvenačních knihoven (zahrnuje kontrolu kvality vzorků, vlastní přípravu knihovny a pooling)

Technologie Illumina a IonTorrent

LP-050	DNA library	5 600
	DNA library - at least 16 libraries	4 600
LP-060	Total RNA or mRNA (polyA-selected) library	7 500
	Total RNA or mRNA (polyA-selected) library - at least 16 libraries	6 300
LP-070	RNA library including rRNA depletion	8 900
	RNA library including rRNA depletion - at least 16 libraries	7 900
LP-170	miRNA library	7 700
	miRNA library - at least 16 libraries	6 000

Ostatní sekvenační technologie

LP-110	DNA library - PacBio	20 300
LP-120	Size selection (10-35 kb) and DNA damage repair - PacBio	16 100
LP-130	DNA Library - 10xGenomics	35 400
LP-160	Single Cell RNA Library (at least 2 samples, each) - 10xGenomics	70 400
LP-140	Size selection (>50 kb) - 10xGenomics, Oxford Nanopore	4 600
LP-150	DNA/RNA library - Oxford Nanopore	19 700
LP-180	cDNA library - Oxford Nanopore	16 700

Kontrola kvality zákazníkem připravených a dodaných knihoven

Technologie Illumina a IonTorrent

QC-080	Library QC, customer-prepared	2 500
--------	-------------------------------	-------

Pokud zákazníkem dodané knihovny neprojdou kontrolou kvality, sekvenace nebude provedena a budou účtovány skutečné náklady.

Sekvenování à la carte - Cena za dráhu/čip

Technologie Illumina a IonTorrent

DS-020	MiSeq, paired-end, 250 b, 0,5-1 million reads	36 800
DS-030	MiSeq, paired-end, 250 b, 10-30 million reads	54 400
DS-080	HiSeq4000, single-end, 50 b, 300-400 million reads per lane	57 400
DS-090	HiSeq4000, single-end, 100 b, 300-400 million reads per lane	69 800
DS-220	NovaSeq6000, single-end, 100 b, 1500 - 2000 million reads per lane	307 000
DS-130	HiSeq2500, paired-end, 250 b, 220-350 million reads per lane (Rapid run)	141 500
DS-140	HiSeq4000, paired-end, 100 b, 650-800 million reads per lane	98 400
DS-150	HiSeq4000, paired-end, 150 b, 650-800 million reads per lane	105 400
DS-240	NovaSeq6000, paired-end, 150 b, 4500-5000 million reads per lane	373 400
DS-010	IonProton, single-end, 200 b, 60-80 million reads	40 800

Ostatní sekvenační technologie

DS-160	PacBio, single-end, 1-60 kb, 80-100 thousand reads	33 200
DS-200	PacBio, single-end, 1-60 kb, 250-300 thousand reads	82 600
DS-210	Oxford Nanopore, single-end, 1-200 kb reads, 5-10 Gb	32 800

Sekvenování ShareSeq - Cena za datový balíček

Technologie Illumina

DS-090S	Illumina, single-end, 100 b, 10 million reads (at least 30 million reads per order)	7 000
DS-150S	Illumina, paired-end, 150 b, 20 million reads (at least 60 million reads per order)	10 000
DS-030S	Illumina, paired-end, 250 b, 1 million reads	10 900



NEW

Obj. číslo Název KČ

Analyza metagenomu / mikrobiomu

Sekvenační (taxonomická) analýza zahrnuje:

Kontrolu kvality vzorků, přípravu ampliconů s použitím jednoho primerového páru, dvojité indexování, přípravu sekvenační knihovny, sekvenování 250 b paired-end s výstupem >20K readů/vzorek, demultiplexing, zprávu o provedené analýze

Pro taxonomickou analýzu lze objednat amplifikaci hypervariabilních úseků těmito primerovými páry:

Bakterie, 16S rRNA - úsek V4: 515F+806R, úsek V3-V4: F357+R805, úsek V3-V5: F357+R926, úsek V4-V5: 515F+R926

Archea, 16S rRNA - úsek 349-806: Arch349F+Arch806R

Eukaryota, 18S rRNA - úsek ITS1 a ITS2: ITS1F+ITS4R, úsek ITS2: ITS3F+ITS4R, úsek 1391-3' end: Euk_1391F + EukBr-7R

SO-024	Metagenomic profiling, up to 24 samples	52 800
SO-048	Metagenomic profiling, up to 48 samples	76 800
SO-096	Metagenomic profiling, up to 96 samples	96 000
SO-192	Metagenomic profiling, up to 192 samples	134 400

Analýza dat zahrnuje:

Kontrolu kvality dat, spojení párových readů, dereplikaci (klastrování), konverzi formátu FASTQ na FASTA, taxonomickou analýzu a vizualizaci výsledků, zprávu o provedené analýze

SO-024B	Metagenome data analysis, up to 24 samples	38 400
SO-048B	Metagenome data analysis, up to 48 samples	52 800
SO-096B	Metagenome data analysis, up to 96 samples	67 200
SO-192B	Metagenome data analysis, up to 192 samples	115 200

Upozornění

Pro všechny ostatní postupy nebo v případě větších či specifických sekvenačních projektů si vždy vyžádejte individuální cenovou nabídku!

V případě, že dodané vzorky neprojdou kontrolou kvality a nebude možné začít s přípravou knihoven, mohou být účtovány náklady za provedené kroky.

Upozorňujeme, že s ohledem na charakter dodaných vzorků může i v případě, že vzorky úspěšně projdou kontrolou kvality, dojít k tomu, že technické specifikace sekvenování (délka čtení a počet readů) nebudou dosaženy (zejména ale nikoliv výhradně při sekvenování templátů s vysokou homogenitou, např. ampliconů).

Objednávky a dotazy: ngs@seqme.eu

Všechny ceny uvedeny v Kč bez DPH a nákladů na přepravu vzorků. Platnost od 23. ledna 2019. Změna vyhrazena.

Všeobecné obchodní podmínky a další informace viz www.seqme.eu.