

次世代シーケンサーによる 高速シーケンス解析サービス

1 解析で合計 20 Mb 以上の塩基配列を解読できる次世代・高速シーケンス解析サービス開始!!

—昨年米国 454 Life Sciences 社において、従来のシーケンス技術を遥かに凌ぐ次世代型高速シーケンサーが開発されました。弊社ではお客様のご要望にこたえるべく、このゲノムシーケンサーを利用した受託解析サービスを開始いたしました。以下に本サービスの特長および利用の可能性についてご紹介いたします。

特長

「大量シーケンスの時代は終わった。」という言葉が聞かれますが状況は決してそうではありません。公開データベースへ登録されるゲノム解析生物種は現在も増加しており、small RNA のように新たな転写産物の概念も発見されるなど、従来以上に大量シーケンスのニーズは高まっています。そこで、「より安く、より早く」解析できる次世代シーケンサーの開発が世界中で進められており、その中でも 454 Life Sciences 社が開発し、ロシュ・ダイアグノスティクス社 AS 事業部が販売するゲノムシーケンサーは他の次世代シーケンサーに先駆けて市場に出てまいりました。弊社では日本で初めて本機器を用いた受託解析サービスを開始しました。1 回の解析において 20 万クロンのシーケンスを 1 週間程度で解析することができ、塩基総数 20 Mb を超える解析結果を得ることができます。例えば 2 Mb のゲノムサイズを持つ乳酸菌ゲノム解析では、従来のサンガー法に比べて納期は 3 分の 1 以下、コストは半額以下に抑えることができます。その他、この高速性を利用した塩基配列決定を行うさまざまな分野への応用が期待されており、弊社においても種々のアプリケーションへの展開を予定しています。



解析手法

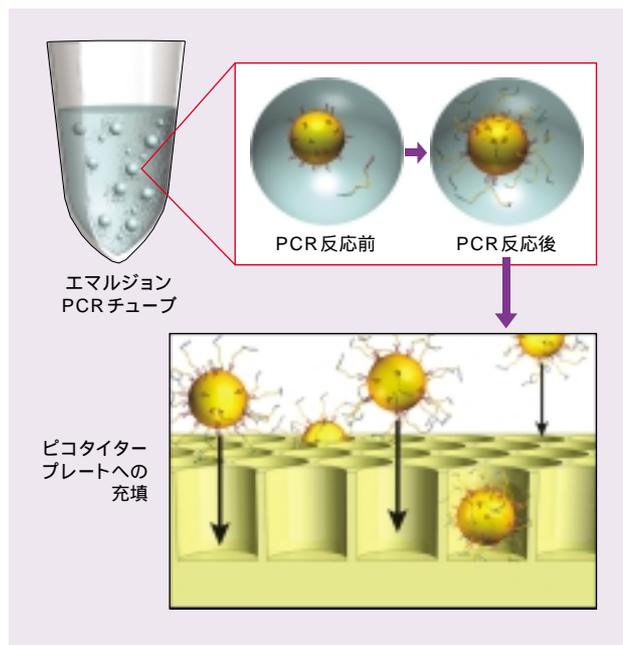
通常、検体 DNA 10 μ g 以上をご提供いただき、品質チェックの後、以下の順で作業を進めます。

DNA ライブラリー作製

DNA を物理的切断により 500 bp 程度に断片化し、両末端にアダプターを結合します。

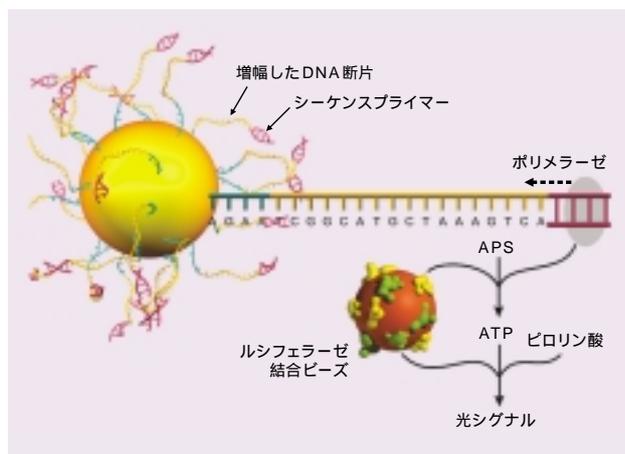
エマルジョン PCR

アダプターが結合した DNA 断片とアダプター相補配列が固定化されたビーズを混合後、エマルジョン PCR を行います。DNA 断片 1 分子とビーズ 1 粒子が分配されたエマルジョン液胞中では、1 種類の DNA 断片が増幅されビーズ表面に結合します。このビーズを特殊な反応器の各ウェルに 1 粒子ずつ数十万個を充填します。



ピロシーケンス

ビーズ表面に結合したDNAを鋳型としてA、C、G、Tそれぞれの反応液を順次反応させ、1塩基ずつ伸長反応を繰り返します。適合塩基の反応液が加えられた時に生成されるピロリン酸の影響により放出される光シグナルをゲノムシーケンサーが検出します。1ウェルあたり約100 baseがベースコールされます。



解析サービス例

・微生物ゲノムシーケンス解析

微生物ゲノムの推定ゲノムサイズの15倍以上の総塩基数を解析いたします。得られたシーケンスデータはアセンブル済のコンティグ配列情報として納品いたします。大腸菌を用いたクローニング手法を用いないためクローニングバイアスが少なく、配列ギャップが減少するというメリットがあります。また、従来のサンガー法による解析と組み合わせることにより、より精度の高い塩基配列情報を得ることも可能です。さらに、遺伝子領域の同定(アノテーションサービス)や近縁種のゲノム配列との配列構造比較サービス(比較ゲノム解析サービス)にも対応可能です。ギャップ領域を含まない高精度のゲノム配列をご希望の場合は、本解析サービスとサンガー法によるシーケンス解析サービスを組み合わせることにより、納期・価格を大幅に抑えたゲノムシーケンス解析が可能となりました。

・small RNAの網羅的解析

small RNA画分を抽出後クローニングしたサンプルを用いて網羅的シーケンス解析を実施いたします。1回の解析で数検体のサンプルを同時に処理することも可能です。得られたシーケンスデータからゲノムへのマッピングやmiR Baseへの相溶性検索を行います。ご要望に応じてクラスタリングや二次構造予測による新規miRNA候補の探索などオプション解析にも対応可能です。

・その他

- ・転写産物の網羅的シーケンス解析
- ・SNPまたは変異頻度解析
- ・ChIPサンプルの網羅的解析
- ・メタゲノム解析
- ・超微量サンプルからのシーケンス解析

その他、本ゲノムシーケンサーを用いた多くの解析手法が文献等で紹介されており、研究ツールのひとつとして広がりが期待されます。

【参考文献】

- 1) Margulies, M., *et al.*: Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. (2005) *Nature*, 437, 376-380.
- 2) Goldberg, S.M., *et al.*: A Sanger/pyrosequencing hybrid approach for the generation of high-quality draft assemblies of marine microbial genomes. (2006) *PNAS*, 103, 11240-11245.
- 3) Poinar, H.N., *et al.*: Metagenomics to paleogenomics: large-scale sequencing of mammoth DNA. (2006) *Science*, 311, 392-394.
- 4) Thomas R.K., *et al.*: Sensitive mutation detection in heterogeneous cancer specimens by massively parallel picoliter reactor sequencing. (2006) *Nature Med.*, 12, 852-855.
- 5) Edwards, R., *et al.*: Using pyrosequencing to shed light on deep mine microbial ecology under extreme hydrogeologic conditions. (2006) *BMC Genomics*, 7, 57.
- 6) Girard, A., *et al.*: A germline-specific class of small RNAs binds mammalian Piwi proteins. (2006) *Nature*, 442, 199-202.

【解析価格】

- ・微生物ゲノムシーケンス解析

¥3,500,000(税別)から / 納期1ヵ月

その他解析も含め詳細はお問い合わせください。

【お問い合わせ先】

タカラバイオ(株)

ドラゴンジェノミクスセンター

TEL : 077-543-7331 FAX : 077-543-7225