

各種オミックス解析に利用される 次世代型高速シーケンサー

「次世代型」と呼ばれている高速シーケンサーの登場により、単なるゲノム配列決定のみならず、さまざまなオミックス解析の手法が大きく変化しました。これまでと比較にならないほど迅速に大量のデータを得ることが可能となり、その結果、データベースに登録されるゲノム配列数は飛躍的に増加しました。一般的なゲノムドラフトシーケンスや詳細な変異解析などの比較ゲノム解析研究が進んだだけでなく、EST 解析や低分子 RNA まで含めた網羅的な転写産物解析などのトランスクリプトミクス、ChIP シーケンスをはじめとしたエピゲノミクスにも進展が見られます。その他、これまでは必要性を感じながらもコストや時間的制約で手を着けられなかった分析への利用も期待されています。

タカラバイオでは、このような多種多様な研究目的のニーズにお応えするため、3 機種 of 次世代型高速シーケンサー

- ・Genome Sequencer FLX システム (以下 GS FLX) (ロシュ・ダイアグノスティクス社)*
- ・Applied Biosystems SOLiD™ システム 2.0 (以下 SOLID) (アプライドバイオシステムズ社)
- ・Illumina® Genome Analyzer システム (以下 GAI) (イルミナ社)

を取りそろえ、解析受託を開始しました(図 1)。常に最新バージョンでご利用いただける環境を整え、各機種の特徴(表 1)を活かした最適な解析手法による大規模シーケンス解析受託をご提供します。

* : ロシュ・ダイアグノスティクス社 AS 事業部が販売



GS FLX



GAI



SOLID

図 1 次世代型シーケンサー 3 機種(GS FLX、SOLID および GAI)

■ 次世代型シーケンサーの効果的な利用

ゲノム解析においては、“de novo”での配列解析を中心に、サンガー法と GS FLX を用いるドラフトシーケンス解析サービスを従来から提供してきました。今回、新たに導入した各種高速シーケンサーの効果的な併用により、ゲノムの完全解読(精密解析)について比較的安価な価格設定と納期の短縮が可能となりました。弊社では、細菌のゲノム解析はもとより、真菌類など 10 Mb 以上のゲノムサイズを持つ生物種についてもゲノム解析サービスを提供いたします。

表 1 各機種を用いたタカラバイオの解析受託サービス

	GS FLX	SOLID (メイトペア解析の場合)	GAI (フラグメント解析の場合)
1フラグメントのリード長	約 250 塩基*	25 塩基* × 2	36 塩基*
解析単位	▶リード数の場合 5,000 リード保証から ▶読み取り塩基数の場合 1 Mb 保証 から	▶リード数の場合 1,200 万リード × 2 から ▶読み取り塩基数の場合 600 Mb から	▶リード数の場合 400 万リードから ▶読み取り塩基数の場合 150 Mb から
作業期間	1ヵ月~	2ヵ月~	1ヵ月~
受託サービス例	新規ゲノムドラフト解析 16S rRNA 解析など	ゲノム精密解析 リシーケンス など	ChIPシーケンス small RNA 解析など
各機種に関するトピックス	高速シーケンサーとして初めて実用化されました。ネアンデルタール人やマンモスゲノムの解析で注目されています。 1リードあたりの読み取りが長いいため、幅広い分野で応用され、ゲノム解析や small RNA 解析などの論文も多数公開されています。	昨年発売が開始された最新型の高速シーケンサーです。ヨルバン人ゲノムを最も低コストで解析したことで注目される圧倒的な読み取り量が特徴です。 柔軟なメイトペア解析で、ヒトゲノム変異解析などへの応用が最も期待されています。	ChIP シーケンスに本機種を応用した論文がScience や Cellなどで発表され注目されました。 微量サンプルからの解析が可能で、ChIP シーケンス、small RNA 解析、デジタル遺伝子発現タグプロファイリングなどのアプリケーションキットが解析をフォローします。

* 2008年11月現在の情報です。バージョンアップを予定しています。

次世代型高速シーケンサーは、新規ゲノムの配列解析スピードを向上させた一方で、すでにゲノム解析が終了して参照配列が存在する生物種の研究においては、個体間や細胞間のゲノム比較や育種された派生変異株などの詳細な変異同定、近縁生物種間のゲノム比較解析などに活用されています。

さらに、単離培養された微生物のゲノム解析だけでなく、近年はメタゲノム解析にもこれら高速シーケンサーの利用が進んでおり、さまざまな新しい知見も得られつつあります。また、ゲノムの配列解析だけでなく、網羅的な転写産物解析（いわゆるトランスクリプトーム解析）への利用も活発に行われています。EST (Expressed Sequence Tags) 解析や高感度・高精度な遺伝子発現量解析、あるいはスプライシングバリエーションの探索やタンパク質非コードRNAの検出などで多くの利用例が報告され数々の成果が得られており、例えば small RNA の解析での網羅性や発現定量性の高さなどで評価が高まっています。

細胞特性の研究では、ヌクレオソーム構造の比較や転写因子のゲノム結合様式の解析法として定評のある Chromatin Immunoprecipitation (ChIP) で濃縮されたゲノムDNAを高速シーケンサーで網羅的に読み取ることにより、従来のマイクロアレイで行われていた解析とは比較にならないほど解像度の高い解析が可能になっています。

次世代型高速シーケンサーによる解像度と網羅性の高い解析は、これまでコスト的にもスピード的にも困難と思われてきたヒトやマウスなどのサイズの大きいゲノムにおける構造の変化や多様性の解析に、1つの解決法を示しています。同時に、ターゲット領域を絞ったうえで配列解析を効率的に進める方法“Sequence capture”の開発が進められていますが、そこでも高速シーケンサーの威力は絶大です。

これまで「シーケンシング」と言えばゲノム構造や遺伝子構造を解読するための塩基配列取得が主な目的でしたが、次世代型高速シーケンサーの登場は、発現頻度解析やヌクレオソーム構造の解明などといった機能解析のための「タグ」配列を取得する研究にも、「シーケンシング」技術の応用範囲を大きく広げました（図2）。

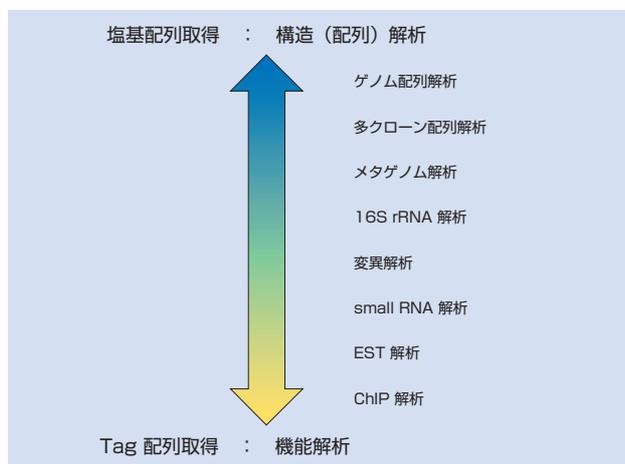


図2 次世代型シーケンサーがカバーするアプリケーション

以下では、タカラバイオで稼働を開始した次世代型高速シーケンサー各種の活用例および弊社の受託サービス概要をご紹介します。

■ 配列未知の微生物ゲノム解析

次世代型シーケンサーの登場により極めて短期間で大量の配列決定が可能となり、基礎研究、産業利用など幅広い分野で利用される微生物ゲノムの配列解析が行われるようになりました。2008年8月の時点で、Genomes Online Database (GOLD: <http://www.genomesonline.org/>) に登録されている微生物ゲノム配列は、完全解読で751、進行中のプロジェクトを合わせると2,753を数えます。全ゲノム配列データは、微生物の研究者にとって必須の研究基盤として当たり前のように読まれる時代がやってきました。

・大腸菌 K12 株をモデルとしたドラフト解析から精密解析までの概要

実際の微生物ゲノム解析は、大きく2つの工程に分かれます。ショットガン法でゲノムの大部分を決定する「ドラフト解析」の工程と、完全解読を目指し、ドラフト解析結果から得たコンティグ配列の精度向上とコンティグ配列間の未解読領域（ギャップ）を埋める「精密解析」の工程です。次世代型シーケンサーの登場はそれぞれの工程に大きな変化をもたらしました。ただし、各シーケンサーには得手不得手がありますので、その特性を理解し、工程や目的に応じて使い分けることが重要です。

GS FLX はドラフト解析に威力を発揮します。他の次世代型シーケンサーに比べれば、1つのリードの読み取り塩基長が長く解析時間が短いことが特徴です。短期間でゲノムのほぼ全体を解析することが可能です。しかしながら、精密解析を考えた場合、GS FLX には2つの課題があります。1つめは採用しているピロシーケンス法の特性上、同一塩基の連続（ホモポリマー）配列で精度が下がること、2つめはサンガー法に比べると読み取り塩基長が短い（約250 bp）ため、ゲノム上のリピート配列によってコンティグ配列が分断されやすいことです。この課題に対して、弊社ではもう1つの次世代型シーケンサー SOLID を用い、「ホモポリマーを苦手としないライゲーション反応による精度の高い配列決定ができる」、「メイトペア解析でゲノム上の一定の距離をおいた2点の配列を取得できる」という特徴を利用し、解決法を確立しました。

【解析例 1】

GS FLX による大腸菌 K12 株ドラフト解析結果に対する SOLID を用いた精密解析の実施

GS FLX を用いて大腸菌 K12 株を解析した結果（平均冗長度約15）をNCBIのトレースアーカイブより取得し、これを *de novo* シーケンス解析のモデルとして GS FLX 付属のソフトウェアでアセンブルすると、112個のコンティグ配列を取得できます。このコンティグ配列に対して、

各種オミックス解析に利用される
次世代型高速シーケンサー

SOLID (1/4 区画) でメイトペア解析 (フラグメント長 1.5 kb) を行って得たデータをマッピングした結果、Forward 側 22,725,918 リード、Reverse 側 23,963,638 リードのマッピングが可能で、メイトペアとして 22,131,025 ペアの情報を取得できました。

これらのメイトペアのマッピング位置情報を利用してドラフト解析結果のコンティグを整理化したところ 100 個のコンティグ間の位置関係が明らかとなり、12 個のスキヤフォールド (scaffolds) に整理できました。

一方、ドラフト解析結果のコンティグ配列に対する SOLID データのマッピング結果から、ドラフトの結果とのシーケンス上の相違を検出し、その部分の配列の修正を行ったところ、SOLID 付属プログラムによる解析で 77 ヶ所の 1 塩基置換が検出され、加えて弊社開発プログラムにより 65 ヶ所の 1 塩基欠損および挿入が検出されました。これらのうち反復配列領域を除く 122 ヶ所については GS FLX でのシーケンスエラーとしてドラフト解析結果の修正ができました。これらの修正情報等を取り込んで分析を行った結果、最終的な環状ゲノム構造の把握まででき、残った未解読領域としては、ゲノム上に複数存在するリボソーム遺伝子の領域とトランスポゾン由来領域だけに絞ることができました (図 3)。

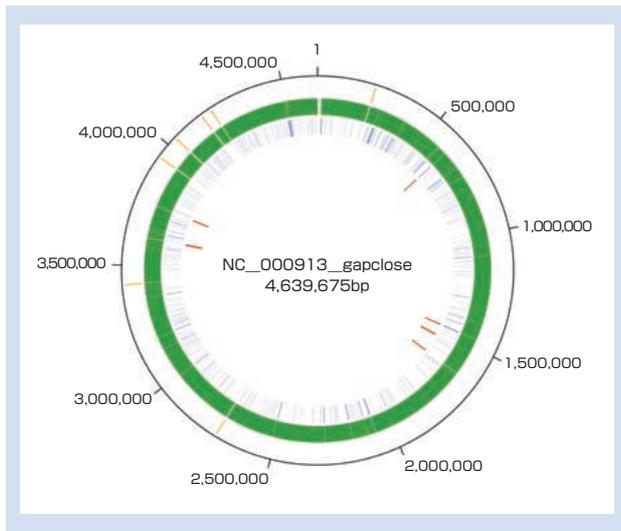


図 3 大腸菌 K12 株ドラフト解析および精密解析の結果

ドラフトコンティグを緑色の円弧で表している。黄色のバーはギャップとして残っている rRNA operon、赤色と青色のバーは同じくギャップとして残されたリピート領域である。それぞれ長さ 1.5 kb 以上 (赤) と 1.5 kb 以下 (青) のものを表している。

また、GS FLX ドラフト解析のアセンブルソフトでは、反復配列によるミスアセンブルを防止するという目的で、反復配列の位置でコンティグとともにそのリード配列も切断してしまうケースが多々あります。そのため、コンティグ配列長がどうしても小さくなりますが、SOLID のメイトペア解析を利用することで、メイトペアライブラリのフラグメント長未満の長さのギャップに関しては、切断されたコンティグ間の位置関係を明らかにすることができます。その分断された位置に存在したために切断されていた GS FLX のリード配列データをあらためて利用することによ

り、ギャップ部分の配列を確定することが可能です。さらに、この方法で埋められた領域の配列に SOLID のデータをマッピングすることで、その領域の配列を再確認し確定することも可能です。

その結果、未解読領域についてどうしても必要となるサンガー法での解析作業はわずかに残るのみとなり、必要最小限に抑えることができます。今回の大腸菌 K12 株 (ゲノムサイズ約 4.6 Mb) のケースでは、わずか 200 解析分のサンガー法シーケンスの解析データを追加するだけで非常に精度の高い完全解読ができると見込まれました。

このように、GS FLX によるドラフト解析と SOLID による精密解析の組み合わせで、微生物ゲノムの完全解読を大変効率的に行うことができます。

■ 微生物ゲノムの変異解析

次世代型シーケンサーの普及が、登録公開されるゲノム配列数を飛躍的に増加させていることは前述の通りです。これらゲノム配列情報の増加に伴い、同種間または近縁種間でのゲノムワイドな変異解析もごく一般的な解析手法となっています。タカラバイオでは SOLID を利用して、従来よりも高精度な変異解析を提供しています。以下にその解析事例と受託サービスの内容をご紹介します。

【解析例 2】

SOLID を用いた大腸菌 K12 株 W3110 (559) の変異解析

SOLID では、一度に数百万塩基以上のデータを取得できます。これは、従来のシーケンス法の 10 倍から 100 倍以上のきわめて高い冗長度のデータに相当します。

今回弊社では、大腸菌 K12 株 W3110 系統の派生株である大腸菌 W3110 (559) のゲノムを SOLID (1/4 区画) のメイトペア解析 (1.5 kb のフラグメント両端の配列読み取り) で配列解析し、1,167 Mb のデータ (冗長度 約 230) を得ました。得られた配列データについて、大腸菌 K12 株 W3110 の公開ゲノム配列 (AC_000091.1) を参照配列として塩基の置換および挿入、欠失部位候補の検出を行ったところ、表 2 のように数多くの変異配列が存在するという結果を得ました。

表 2 大腸菌 K12 株 W3110 (559) と W3110 のゲノム配列比較結果

変異の種類	変異数	コメント
1塩基置換	12	—
挿入	6	すべて IS 配列長: 1~2 kb
欠失	10	ISやその近傍配列 配列長: 100 bp ~ 23 kb

挿入・欠失箇所は、配列がマッピングされた位置から計算されたメイトペアの距離と作製したライブラリのフラグメントサイズとのずれによって検出していますが、これは、SOLIDの特長であるメイトペア解析でこそ可能であった解析結果です。これらの変異候補についてサンガー法によるPCRダイレクトシーケンスを行い、置換、挿入、欠失を含む28ヵ所について変異配列の正しさを確認しました。SOLIDから得られるデータは、2 base encodingと呼ばれる解読方法の特性*から変異とシーケンスエラーの区別をつけやすく、冗長さの高さと合わせることで正確な置換変異の検出と同定を実現しています(図4)。

*この特性により、color space (cs) と呼ばれる特殊なデータ形式を取ります。

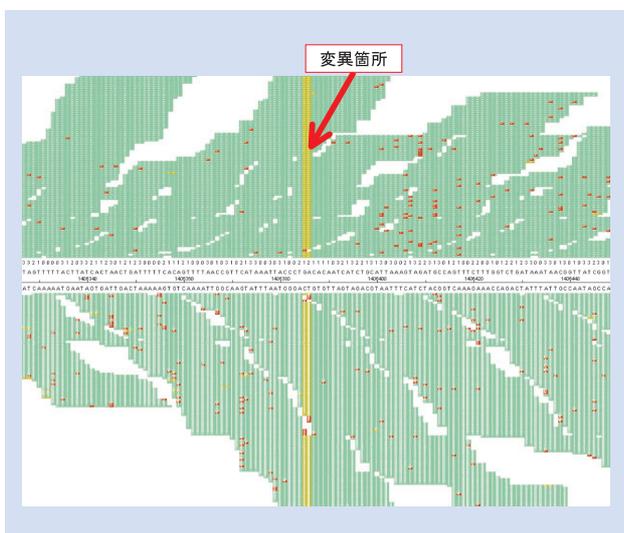


図4 2 base encoding と高冗長さなデータによる正確な変異検出
各リード上の赤色は1csのミスマッチ(読み取りエラーまたはマッピングエラー候補)、黄色は連続2csのミスマッチ(真の変異候補)を表している。

これまで微生物ゲノムの網羅的な変異解析では、コスト面の障壁もあり、高密度なマイクロアレイを用いた手法が主流でした。しかし、マイクロアレイでの解析では挿入・欠失について得られる情報は限られており、詳細な変異検出を行うことが困難でした。また、メイトペア情報の取得自体は他のシーケンサーにおいても可能ですが、挿入・欠失の検出に求められる「解析目的に応じた自由なサイズ設定」と「高解像度を実現する圧倒的なスループット」の両者を併せ持つのは今のところ SOLID のみであり、その網羅性と検出精度は非常に高いものです。

・微生物ゲノムの変異解析サービス

このように、SOLIDによる変異解析では従来法よりも豊富な情報を取得可能です。ご提供いただくものはゲノムDNA(100 μg以上)だけで、弊社においてSOLIDでのライブラリ作製以降の作業を行い、変異解析の結果として変異候補位置のリストとグラフィカルなビューデータを納品いたします(図5)。これによりスムーズな変異の再確認作業やアノテーション作業が可能です。

SOLIDによる変異解析は、これまでに解析されたゲノム配列の精度向上や工業利用されている微生物のロット管理、あるいはそれらの育種情報管理などにも大変有用なものとなるに違いありません。

*弊社では、GAIIを用いた変異解析サービスも承っております。詳しくはお問い合わせください。

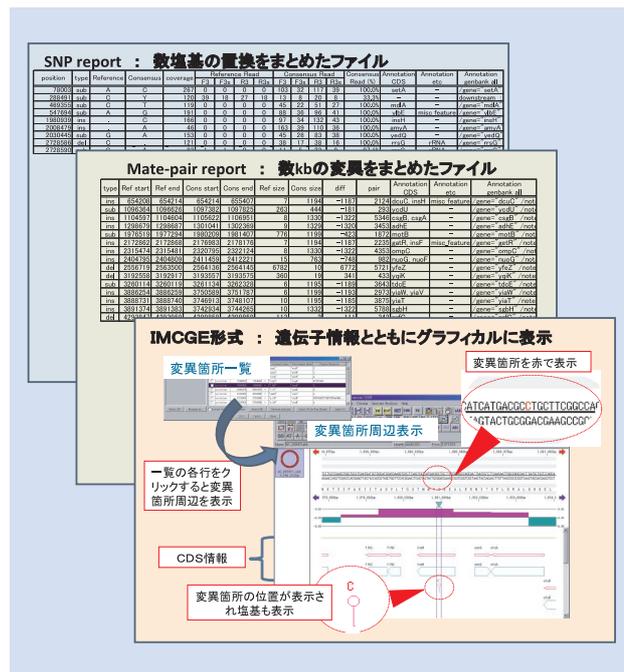


図5 SOLIDによる変異解析サービス納品データ例

■ small RNA の網羅的な解析

microRNA (miRNA: 長さ18~26塩基程度)をはじめとする機能性低分子RNAの重要性が注目されて久しいですが、これらタンパク質をコードしない短いRNAがさまざまな遺伝子の転写や翻訳の調節など細胞の形質発現に深く関わっていることが明らかになっています。

現在すでに数百種類の small RNA の存在が報告されていますが、これらの発現プロファイル解析はマイクロアレイや定量PCRなどで行われるのが一般的でした。しかし、これらの方法では事前に small RNA の配列情報が必要であるなど、根本的な制限を受けてしまいます。

この分野でも現在、次世代型高速シーケンサーによる解析手法が注目されています。次世代型高速シーケンサーによる small RNA の発現解析では、マイクロアレイ特有のバックグラウンドノイズや競合ハイブリダイゼーションが起こらないなど、広いダイナミックレンジを期待でき、発現量の低い small RNA の定量に威力を発揮します。また、発現プロファイル解析だけでなく、未知の small RNA に関する網羅的な同定などにも期待が寄せられています。

各種オミックス解析に利用される
次世代型高速シーケンサー

・miRNA の解析受託サービス

図6は、miRNA 解析の受託サービスについて、サンプル調製からシーケンスデータの情報解析までのスキームをまとめたものです。

total RNA からの短鎖 RNA の調製には、一般的にアクリルアミドゲル電気泳動による分離精製（切り出し～抽出）が必要です。この状態のサンプルには、miRNAをはじめとした機能性 small RNA 以外にも分解された mRNA や tRNA などが含まれているため、シーケンス読み取り後にノイズとなる配列データとの切り分けなど、情報解析によるデータ処理が大変重要になります。

また、アクリルアミドゲル電気泳動によって分離精製された small RNA 画分からシーケンスに供する鋳型 DNA を調製する段階では、使用する次世代型高速シーケンサーそれぞれに合わせた適切な方法によって、配列解析のためのアダプターやリンカー配列の付加が行われます。これらの付加配列の正確なトリム操作がシーケンスデータの処理には必要ですが、特に高速シーケンサーから得られる配列データは膨大なものになるため、情報解析作業の役割は非常に重要で、さまざまな工夫が求められます。弊社では独自のノウハウにより、これらの処理の精度を高めています。

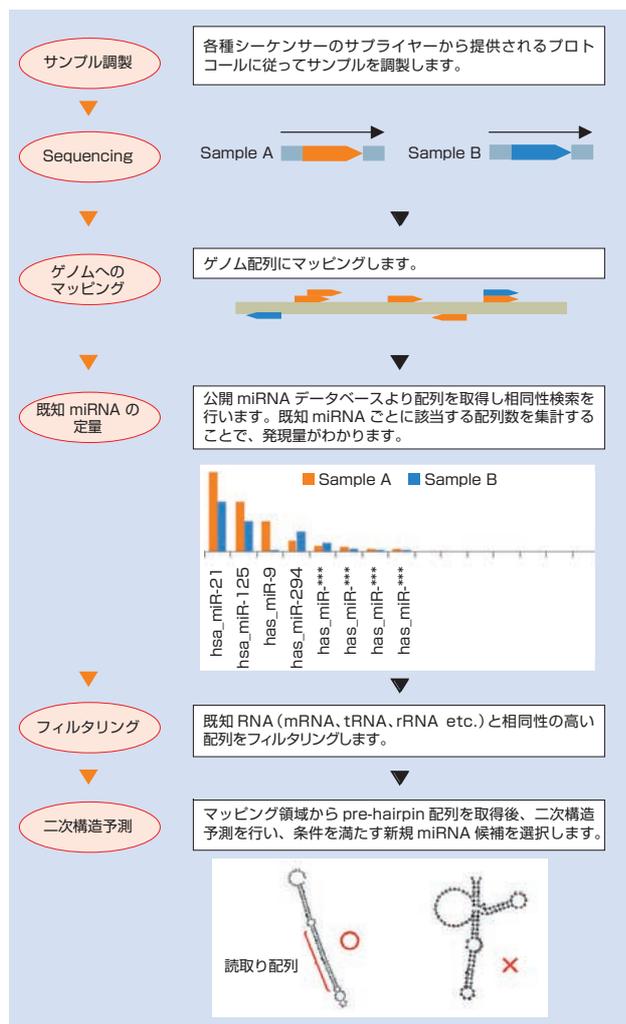


図6 miRNA 解析の流れ

高速シーケンサーから得られたリード配列は、図6に示したフローに従って、既知 miRNA の定量解析と新規 miRNA 候補の探索が行われます。まず、アダプター配列を除去後、Blast を用いた相溶性検索により、既知の miRNA、non-coding RNA (piRNA、rRNA、tRNA、snRNA、snoRNA、scRNA、miscRNA) および RefSeq-transcripts に分類します。既知 miRNA に関しては、発現定量解析として個々の miRNA ごとに該当する配列データ（リード）数をカウントします。続いて、これらの分類のいずれにも該当しなかったリード配列については、新規の miRNA 候補かどうかを調査します。まず候補リード配列をゲノム配列にマッピングし、該当するゲノム領域から想定される miRNA のヘアピン構造を取る前駆体 (pre-miRNA) の配列を取得します。これには、リード配列のゲノム上のマッピング位置から一定の長さ（両端 88 塩基）の領域を取得し、その領域内を 110 塩基のウィンドウで 1 塩基ずつずらしながら十分に安定な二次構造を取り得る配列を探します。さらにこの中から、ヘアピン構造のステム部分の 22 塩基配列中 16 塩基以上が塩基対を形成すること、またステム部分に大きな内部ループ構造やバジル構造（二本鎖の一方で塩基が余った状態）を持たないという条件を満たしたものを、新規の miRNA 候補とします。

弊社では、small RNA の高速シーケンス解析サービスにこれまで GS FLX を用いてきましたが、このたび、あらたに SOLID および GAII を用いた解析サービスの提供を開始しました。SOLID および GAII で得られるリード数は、数百万配列以上にもおよびますので、網羅性と定量性はさらに向上しています。

■ GAII を用いた ChIP シーケンス解析

クロマチン免疫沈降 (ChIP) により得られた DNA 断片をシーケンスし、ゲノム配列にマッピングする解析方法が ChIP シーケンス (ChIP-seq) です。転写因子結合やヒストン修飾などの解析では、DNA チップを用いた ChIP-chip などと比較して必要とされるサンプル量が少なく、高い解像度でゲノム全体にわたった解析結果が得られます。これを可能としたのが次世代型高速シーケンサーです。ここでは、GAII を用いた ChIP-seq 解析について、特に GAII から産出される大量データの情報解析サービスとそのデータ閲覧を中心にご紹介します。

GAII では 1 回の解析 (1 ラン) で 1.5 Gb (36 塩基 × 約 4,000 万配列) 以上のシーケンスデータが産出されます。データ情報処理ではまず、蛍光シグナル画像解析、ベースコーリング、マッピングを行います。蛍光シグナル画像解析時のクオリティフィルターをパスし、かつ、一定のマッピング条件で参照ゲノム配列にマップされる配列データ (リード) が最終的な結果ファイルとしてレポートされます。1 レーン (1/8 ラン) では、1,000 万個程度の一次的なリード配列が生成され、これらのフィルターを経て 400 万から 800 万個程度のリードとなります。解析結果は、ゲノム上のマッピング位置順にソートされたリードの一覧表としてレポートされます (図7)。

各種オミックス解析に利用される
次世代型高速シーケンサー

込まれることから、その挿入位置を特定することは各 iPS 細胞の特徴解析などの基礎研究をはじめ、形質転換細胞の臨床利用や品質管理・安全管理にとっても、今後の重要な課題になる可能性があります。

そこで弊社では、次世代型シーケンサー GS FLX を用いた遺伝子挿入位置の網羅的解析法の確立を行いました。材料として、レトロウイルスベクターにより遺伝子導入されたマウス培養細胞クローンを使用し、その導入遺伝子の挿入位置を解析しました (図 10)。

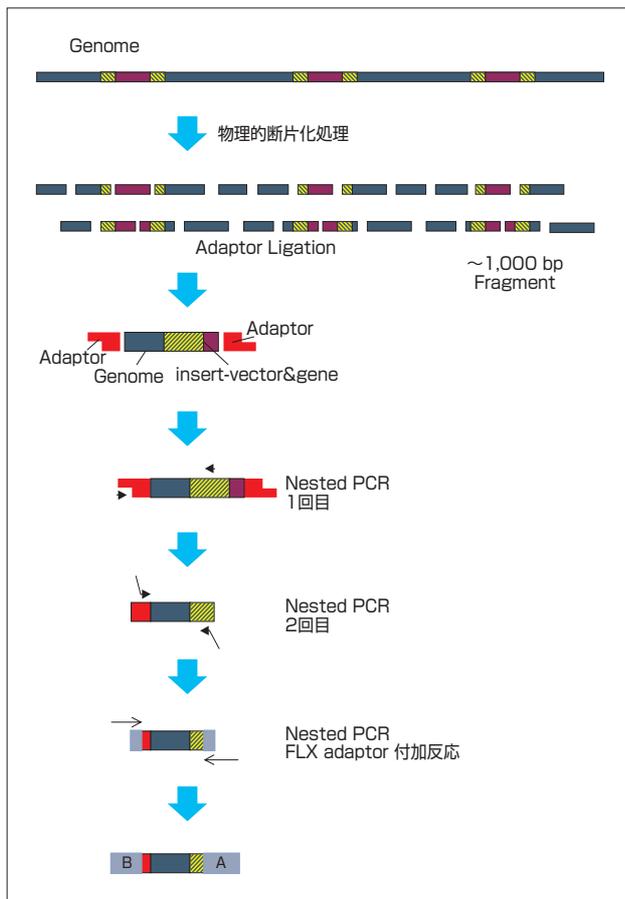


図 10 PCR を用いた挿入領域の特異的増幅と GS FLX での解析用鑄型の調製

まず、抽出したゲノム DNA を物理的に断片化し、5' オーバーハング / 3' アミノ化アダプターをライゲーションで付加しました。次に、挿入ベクター配列上に設計したプライマー (今回は LTR 領域に設計) とアダプターのオーバーハング上に設計したプライマーを用い nested PCR を行いました。このプライマーの組み合わせによる PCR では、挿入ベクター領域からの DNA 合成によってのみ鑄型を得るため、アダプター同士での増幅が生じないようにしています。続いて、5' 末端に GS FLX でシーケンスを実施する際に必要なキー配列や塩基修飾を付加したプライマーの組み合わせで nested PCR を行い、PCR 産物を精製して GS FLX によるシーケンスに供しました。シーケンスは、挿入ベクターの LTR 側からゲノムの方向へ読み取りました。

今回の解析では GS FLX の 16 分割解析の 4 レーンを用いてシーケンスを行い、合計 33,563 配列を得ました。これらの配列から、ベクター配列 (LTR 配列) を持つデータのみを抽出し、ベクター配列とアダプター配列をトリムして除き、その処理済データをマウスゲノム配列にマッピングして完全一致したもののみを選び、同一の位置にマップされたものを 1 つの「cluster」として集約しました。その結果、有意な 22 個の cluster が得られました。さらに、GS FLX から得られるデータの特徴 (同一塩基の連続する配列での精度上の問題) を考慮し、2 塩基までのミスマッチや欠失を許容した条件にした場合は、有意な 27 個の cluster が得られました (図 11)。

cluster no	score	chr:position
37	345	chr15:98725270-98726270
84	305	chr8:119428909-119429909
73	301	chr5:3301974-3302974
47	276	chr19:54403174-54404174
46	221	chr19:53525116-53526116
25	220	chr12:70558661-70559661
28	187	chr12:81133101-81134101
43	184	chr17:87574738-87575738
33	175	chr14:21627762-21628762
40	166	chr17:6129889-6130889
27	152	chr12:74550411-74551411
67	146	chr4:94749708-94750708
41	134	chr17:84470331-84471331
53	133	chr3:131530417-131531417
3	114	chr1:152011022-152012022
62	97	chr4:134909556-134910556
29	92	chr13:115722846-115723846
31	85	chr13:4222918-4223918
38	83	chr16:18425884-18426884
12	74	chr10:69118323-69119323
2	72	chr1:146071437-146072437
59	68	chr4:127006300-127007300
54	67	chr3:131890688-131891688
42	53	chr17:8675075-8676075
79	19	chr7:120315262-120316262
69	11	chr5:111634736-111635736
78	10	chr6:87807303-87808303

図 11 クラスタ情報

今回の解析では、22 ~ 27 ヶ所の挿入が示唆されましたが、並行して行ったゲノミックサザンブロット解析では少なくとも 22 ヶ所の挿入があることが示唆されており、今回の結果を支持するものでした。

弊社では、この方法による遺伝子挿入位置の網羅的解析サービスを提供しています。

このサービスでは、遺伝子導入細胞から抽出された DNA (5 µg 以上) と遺伝子導入に用いたベクターの配列情報をご提供いただくことで、プライマー設計・サンプル調製・シーケンス解析を実施し、ゲノム上の挿入位置の解析結果をレポートします。挿入位置は cluster に含まれるリードデータ数によるランク付けを行い、図 11 のような情報としてエクセル形式にまとめます。これには挿入によって重要な遺伝子が破壊されていないか等の確認ができるように UCSC Genome Browser へのリンク情報が含まれていますので、ハイパーリンクをクリックすれば図 12 のような形式で表示できます。

このような解析は、iPS細胞研究をはじめ、レトロウイルスベクターを利用した遺伝子導入後のゲノム解析に非常に有用と考えられます。

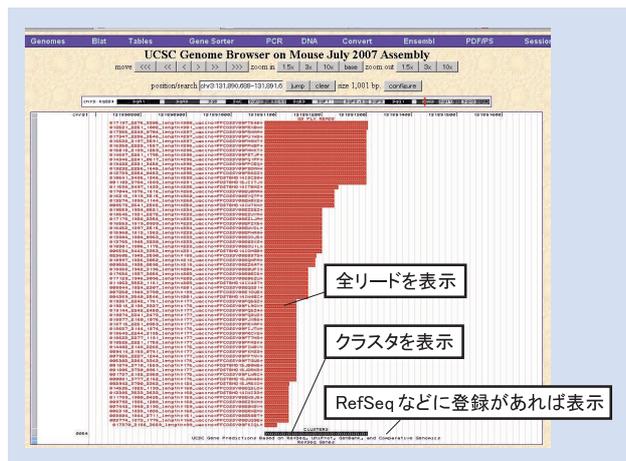


図12 UCSC Genome Browserで挿入位置を示すクラスタとリードを表示

2塩基ミスマッチと欠失を許容してマウスゲノムにマッピングした結果をクラスターリング解析し、クラスタを形成するリードが多い順にソートした。chr:position カラムよりUCSC Genome Browserの該当位置へリンクが張られている。

■ 次世代型シーケンサーの膨大なデータを利用して研究のスピードアップを!

次世代型シーケンサーの開発競争は、現行機種種の改良だけでなく、「1分子シーケンサー」というコンセプトで現在も活発に進められ、新たな手法によるシーケンサーが次々と報告されています。しかし、実際利用できる装置として登場するのは早くても2010年ごろと考えられています。確かにシーケンス技術は日進月歩で進んでいますが、実際の研究の場面では現在使用可能な先端技術をできる限り有効に活用して、タイムリーに成果を出すことが重要です。

現在、高速シーケンサーの利用は世界各地で進められ数々の成果が報告され始めていますが、残念ながら日本国内ではまだまだ利用成果が少ないのが実情です。弊社では、日本の研究者の皆さまにこの先端技術を積極的に活用いただけるよう、次世代型シーケンサー各種の運用技術を磨いてきました。また、これらのシーケンサーから得られる膨大なデータを確実に使いこなすことも非常に重要です。弊社では、この膨大なデータを研究者の皆さまが「使える」形でお届けするために、バイオインフォマティクス面の技術サポートを充実させています。

ぜひ、さまざまなサポート体制に裏付けされたタカラバイオの受託サービスをご利用ください。

【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

<http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>