

PacBio® Sequel II / Revio™ System ロングリード関連受託サービス



タカラバイオは、一分子リアルタイムDNAシーケンサー PacBio Systemを用いた受託サービスを実施しています。GCバイアスの無い数十キロベース単位の超ロングリードシーケンスにより、ショートリードシーケンスでは困難であった大きな構造変化を捉えることが可能です。

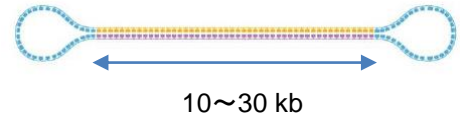


- 数十kbのロングリードシーケンスで、高精度なゲノム配列構築が可能
- 新機種Revio™ Systemの導入により、1セルあたり約60Gbのデータ量取得が可能に！
- 1セルで複数サンプルの同時解析(相乗リシーケンス)が可能

解析の流れ

ご提供いただいたDNA(RNA)からSMRTbellライブラリー作製

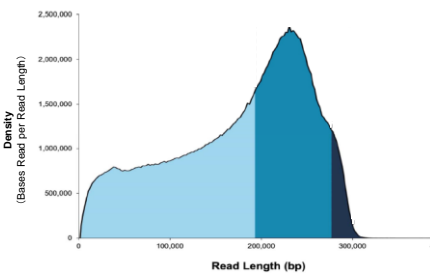
高精度データ取得には～20 kb DNAライブラリー(HiFi ライブラリー)
RNAの場合、全長cDNAライブラリー



PacBio® Systemでシーケンス

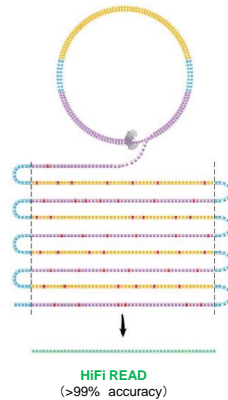
インサート領域の+鎖・-鎖を複数passシーケンスして得られる高精度な「CCS Read」「HiFi Read」のシーケンス解析を行います。

<解析例 インサートサイズ20 kbライブラリー>



Number of Raw Bases	377 Gb
Total Reads	4,266,403

ヒトDNAサンプル(20 kbライブラリー)を30時間読み取った場合



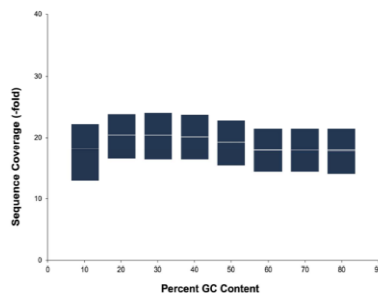
HiFi Readの作成

HiFi Read (3 pass以上・QV20以上)の内訳

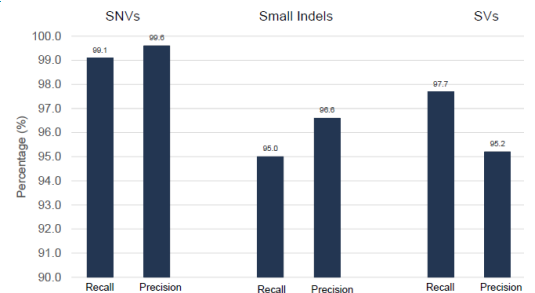
Number of Bases CCS Read (≥3pass)	30Gb
Number of Bases HiFi Read (≥3pass・>QV20)	26 Gb
Number of HiFi Reads	1,423,277
Accuracy (Mean)	99.92%

SMRT Linkソフトウェアなどで情報解析

- ・ゲノム配列構築
- ・変異検出 (SNV/InDel, CNV, SV)
- ・トランスジーン挿入位置解析
- ・mRNAアイソフォーム解析
- ・Long Ampliconクラスタリング解析



GC含量に依存しない均一なカバレッジ



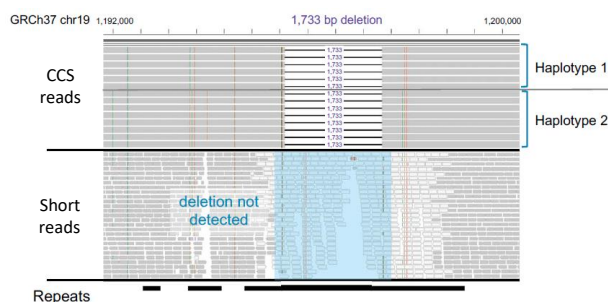
SNVからSVまで検出可能な高精度な変異検出

※掲載されている画像および解析データは、Pacific Biosciences社資料より引用しています。

◆ アプリケーション例 ◆

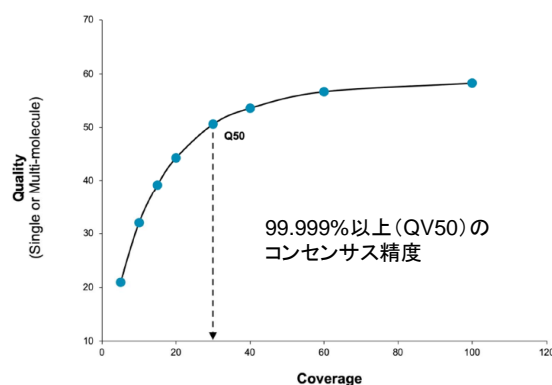
構造変化解析／トランスジーンの挿入位置同定

- ショートリードシーケンスでは検出困難であった構造変化解析を検出可能
- リpeat構造の解析も可能
- 挿入領域を読み切ることができるため、タンデムコピーの挿入遺伝子も検出可能



ゲノム配列解析

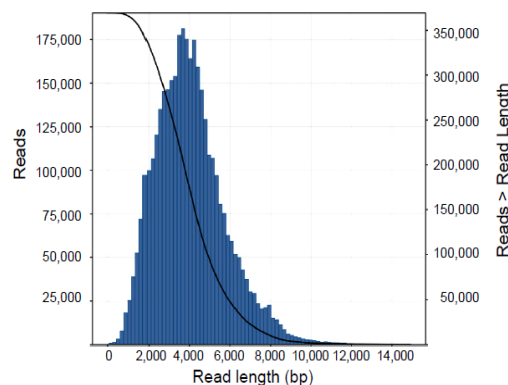
- *de novo*アセンブリによる、非モデル生物の高精度なゲノム配列構築が可能
- index付きアダプター利用で、複数のバクテリアゲノム配列を一度に解析



アイソフォームシーケンス (Iso-Seq) 解析

- スプライシングバリエーションなどのRNA構造解析に有効
- CCS (Circular Consensus Sequencing) による高精度な解析

Number of Raw Bases (Gb)	502
Total Reads	5,433,706
Full Length Non-chimeric Reads	3,693,801 (86%)
CCS Passes (Mean)	8



ご興味をお持ちの方は、弊社ウェブサイトのオンラインお問い合わせフォームからご連絡ください。

<https://www.takara-bio.co.jp/research/support/jutaku/>

※掲載されている画像および解析データはPacific Biosciences社資料より引用しています。サンプルの種類や品質などにより解析結果が異なる場合がございます。
 ※本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。

2023年10月作成N

タカラバイオ株式会社

■ 受託サービスに関するお問い合わせ
 滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058
 TEL 077-565-6999

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

取扱店