

# ゲノム・遺伝子配列解析サービス

タカラバイオ(株)では、お客様の研究目的、対象生物のゲノムサイズ、ご予算等に応じて、複数の解析手法から最適な手法をご提案し、高品質なゲノム配列、遺伝子配列を構築いたします。



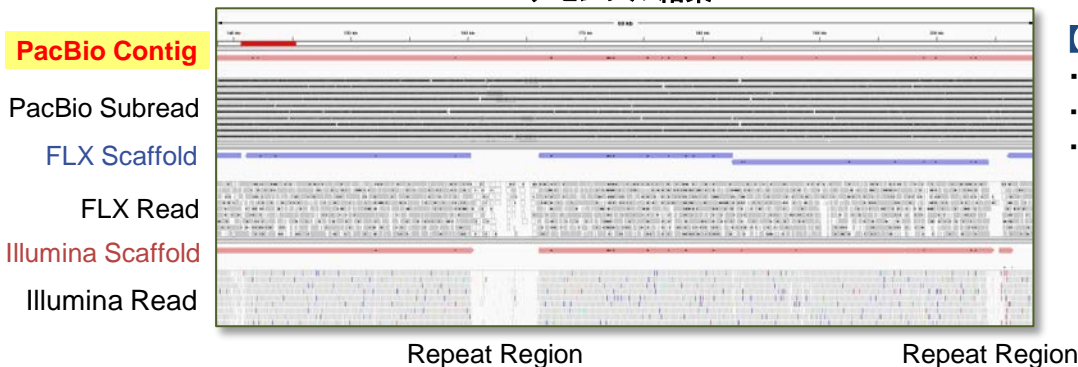
## ◆ 配列解析受託プラットフォーム ◆

	ゲノム配列解析		遺伝子配列解析	
解析対象	微生物ゲノム配列 (ゲノムサイズ ~200 Mb)	真核生物ゲノム配列 (ゲノムサイズ 200 Mb~)	cDNA配列	
使用機器	PacBio RS II	PacBio RS II + HiSeq	HiSeq	PacBio RS II
特徴	<ul style="list-style-type: none"> <li>高精度解析</li> <li>細菌ゲノムは1コンティグ形成も可能</li> <li>保持プラスミド配列構築にも対応</li> <li>遺伝子アノテーションにも対応</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>2種類のNGSデータの組み合わせ</li> <li>コストを抑えた解析</li> <li>遺伝子アノテーションにも対応</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>RNA-seqデータをアSEMBル</li> <li>網羅的遺伝子配列解析</li> <li>遺伝子発現解析も併せて可能</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>網羅的遺伝子バリエーション配列解析</li> <li>特定遺伝子のバリエーション配列にも対応</li> </ul>

## ゲノム配列解析 微生物ゲノム配列

ご提供いただいたゲノムDNAを約20 kbに断片化し、PacBio RS II用ライブラリーを作製後、パシフィックバイオサイエンス社 PacBio RS II シーケンサーで平均10 kb以上の長さのシーケンスを実施します(ゲノムサイズの100倍以上のデータ取得を目指します)。得られたシーケンスデータは専用アSEMBルソフトを用いてアSEMBルし、ゲノム配列を構築します。シーケンス長が長いPacBio RS IIを用いることで繰り返し配列領域の構築にも対応が可能となり、細菌ゲノムは多くの場合、Gap無しでゲノム配列を構築することも可能です。20 kb以下のプラスミド配列が必要な場合は、オプション解析としてイルミナ社シーケンスデータを利用できます。

### アSEMBル結果

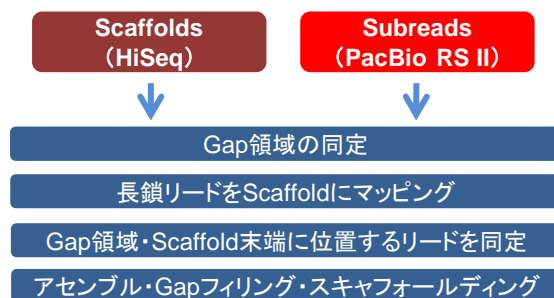


### 【納品物】

- 作業報告書
- シーケンスデータ一式
- アSEMBル配列データ一式

## ゲノム配列解析 真核生物ゲノム配列

ご提供いただいたゲノムDNAを180 bp、3 kb、10 kbの3種類のサイズに断片化し、イルミナ社HiSeqシーケンサーを用いてゲノムサイズの100倍以上のデータを取得します。得られたシーケンスデータは専用アSEMBルソフトを用いてアSEMBルし、Scaffold配列を得ます。一方で、ゲノムサイズの10倍以上のPacBio RS IIデータも取得します。それぞれのデータをマージし、Scaffold配列中のGapクローズ、およびScaffold間のアSEMBルを実施し、よりGapの少ないゲノム配列を構築します。



## cDNA配列解析① (HiSeq)

ご提供いただいたtotal RNAからmRNAを調製後、Stranded RNAライブラリーを作製し、イルミナ社HiSeqを用いて40 Gb以上のデータを取得します。得られたシーケンスデータのアセンブルおよび遺伝子アノテーション付けを行い、遺伝子配列を構築します。様々な発現パターンを有するtotal RNAを混合して解析することにより網羅性を上げることができます。また、構築した遺伝子配列に対して得られたシーケンスデータをマッピングすることによって、遺伝子発現解析を実施することも可能です。

### 遺伝子配列(コンティグ配列)とアライメント結果



### 遺伝子発現解析結果

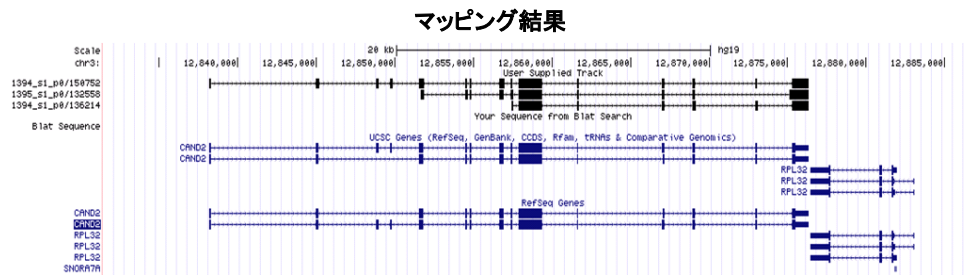
コンティグ名		サンプルごとの発現量		NCBI ntデータベースへの相同性検索結果				
Contig ID	Contig length	Adult FPKM	Fetal FPKM	Adult expected count	Fetal expected count	Eblast TopHit	E-value	Link to Eblast
contig001.cd.seq	2198	9812.23	411.26	837.05	23	homo sapiens myelin basic protein (MBP), transcript variant 7, mRNA	0	blast result
contig002.cd.seq	4587	9296.24	3939.71	1709.99	539	homo sapiens soluble 4524, NADH dehydrogenase subunit 4 (ND4), gene, partial	0	blast result
contig003.cd.seq	1311	5112.43	4332.6	249	174	homo sapiens glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (GAPDH), transcript	0	blast result
contig004.cd.seq	949	4862.57	6957.87	164	193	homo sapiens ferritin, heavy polypeptide 1 (FTHL), mRNA	0	blast result
contig005.cd.seq	2185	3971.41	0	324.98	0	homo sapiens myelin basic protein (MBP), transcript variant 4, mRNA	0	blast result

推定ORF情報		アミノ酸相同性検索結果		Gene Ontology							
Number of predicted ORFs	ORF ID	ORF status	Amino acids seq length	UniProt Eblast TopHit ID	UniProt Eblast TopHit	UniProt E-value	Biological Process (GOID)	Biological Process (GO Term)	Molecular Function (GOID)	Molecular Function (GO Term)	Cellular Component (GOID)
1	1596-2198(-)	partial	201	P02686	Myelin basic protein, OS=Homo sapiens, GN=MBP, PE=2.14E-143	GO:0042552	myelination	GO:0019911	structural co	GO:0043218	
1	3-1108(+)	partial	369	P04406	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, OS=H	GO:0000028	microtubule	GO:0051917	NAD binding	GO:0015630	
1	1222-779(+)	complete	194	P02784	ferritin heavy chain, OS=Homo sapiens, GN=FTHL, PE=3.14E-135, ISO=005065	transmembrane	GO:0008186	ferritin iron box	GO:0008043		

## cDNA配列解析② (PacBio RS II)

ご提供いただいたtotal RNAからmRNAを調製後、cDNAを1~2 kb、2~3 kb、3~6 kbの3種に分けてそれぞれのライブラリーを作製し、PacBio RS IIを用いてシーケンスデータを取得します。得られたシーケンスデータを参照ゲノム配列にマッピングし、遺伝子バリエーション配列を取得します。また、特定遺伝子領域のRT-PCR産物をPacBio RS IIを用いてシーケンスすることで、その遺伝子の配列バリエーションを同定することも可能です。



取得遺伝子バリエーション配列

既存遺伝子バリエーション配列

## 受入サンプル

アプリケーション	種類	量	濃度	OD260/280	OD260/230
ゲノム配列解析	細菌ペレット・組織		事前にお問い合わせください		
	ゲノムDNA (微生物ゲノム)	20 µg以上	70 ng/µl以上	1.6以上	1.6以上
	ゲノムDNA (微生物ゲノム) 微量対応	5 µg以上	40 ng/µl以上		
	ゲノムDNA (真核生物ゲノム)	35 µg以上	100 ng/µl以上		
cDNA配列解析① (HiSeq)	組織・培養細胞		事前にお問い合わせください		
	total RNA	4 µg以上	200 ng/µl以上	1.6以上	1.6以上
cDNA配列解析② (PacBio RS II)	total RNA	50 µg以上	500 ng/µl以上		
	PCR産物	2 µg以上	40 ng/µl以上		

- ゲノムDNA抽出/精製にはマッハライ・ナーゲル社のNucleoBond AXG Column (製品コード 740544 ほか)の使用を推奨します。
- RNA抽出/精製にはRNAiso Plus (製品コード 9108)またはマッハライ・ナーゲル社のNucleoSpin RNA (製品コード 740955.10)の使用を推奨します。
- 細菌ペレットおよびヒト臨床検体等の組織からの核酸抽出の場合は、事前にサンプルのバイオセーフティレベル、または感染性について情報提供用紙をご提出いただき、施設受入の可否をご連絡いたします。

※本チラシに記載された社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。

2016年6月作成G

## 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