

ゲノム配列解析サービス



タカラバイオでは、細菌、植物、哺乳類等非モデル生物のゲノム配列構築に、PacBio® Sequel IIシーケンサーを用いた解析をご提案します。高精度かつロングリードのシーケンスデータをアセンブルすることで、高品質なゲノム配列を構築いたします。



PacBio® Sequel II Systemでのロングリードシーケンス

20 kbのライブラリーのインサート領域を複数passシーケンスして得られる高精度な「HiFi Read」、または30 kbのライブラリーをシーケンスした「CLR Read」の解析を行います。

HiFi Readシーケンス

- ・微生物のゲノム配列構築に
- ・ゲノムサイズが数百Mb以下のリピート配列が少ない非モデル生物のゲノム配列構築に
- ◆ 提供DNA : 30 µg以上 (100 ng/µl 以上)
- ◆ ライブラリー : 約15~20 kbライブラリー作製
- ◆ 取得データ量 : ゲノムサイズ 50倍以上
- ◆ シーケンス量目安 : 20 Gbase/cell 程度*
- ◆ アセンブルソフト : Flye

※ シーケンス量目安は、HiFi Readでのデータ量です。

CLR Readシーケンス

- ・ゲノムサイズが数百Mb以上の非モデル生物のゲノム配列構築に
- ◆ 提供DNA : 20 µg以上 (70 ng/µl 以上)
- ◆ ライブラリー : 30 kbライブラリー作製
- ◆ 取得データ量 : ゲノムサイズ 80倍以上
- ◆ シーケンス量目安 : 130 Gbase相当/cell 程度
- ◆ アセンブルソフト : HGAP4

- ・DNA抽出はフェノールクロロフォルムを用いた抽出または長鎖DNA抽出用キットを使用してください。
- ・抽出後は凍結せずにできるだけ早くサンプルをご送付ください。
- ・ゲノムDNA抽出作業をご依頼の場合は、お問い合わせください。
- ・シーケンスデータ量はゲノム品質、サンプルによって変わるため、データ量の保証は行っておりません。

◆ 取得データ量の目安

生物種のゲノムサイズや解析の目的に応じて、シーケンスモードおよび取得データ量を選択いただけます。

ゲノムサイズ

1 Mb 20 Mb 100 Mb 200 Mb 500 Mb 1 Gb 3 Gb



シーケンス量

HiFi	相乗り解析	1 cell	
CLR		1 cell	2 cell~

※ 相乗り解析サービスのシーケンスデータ量目安は、1 Gbase/検体程度です。

ゲノム配列解析サービス

<ヒトゲノム アセンブル例>

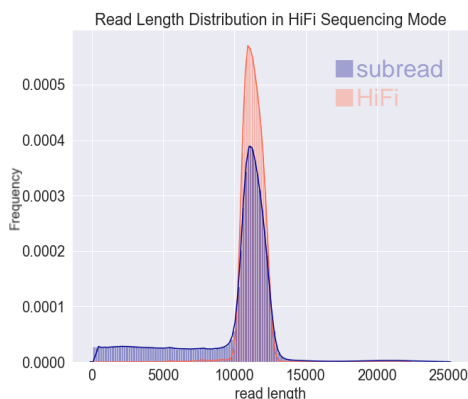
デモデータ使用(サンプル: HG002)

- ・シーケンスモード: CLR Read
- ・取得データ量: 278 Gbase
- ・depth: 98×相当
- ・アセンブルソフトウェア: HGAP4

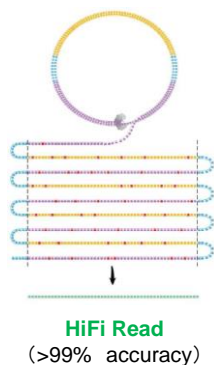
Analysis Metric	Value
Number of Contigs	2,885
Maximum Contig Length	46,012,100 bp
N50 Contig Length	10,248,645 bp
Sum of Contig Lengths	2,892,631,599 bp

<HiFi Read インサートサイズ20 kbライブラリー 1 cellシーケンスデータ例>

リード長の分布例



HiFi Readの作成



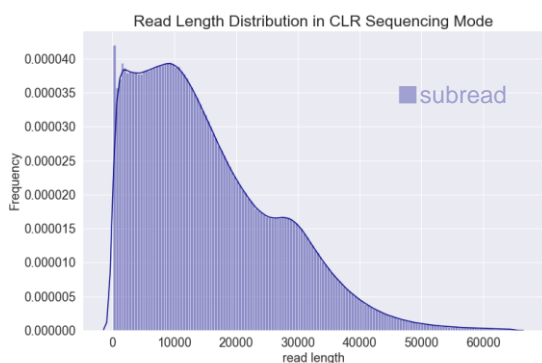
HiFi Read (3 pass以上・QV20以上) の内訳

Number of Bases	21.3 Gb
Number of Reads	1,114,695
Accuracy (Mean)	99.88%

※タカラバイオ取得データ

<CLR Read インサートサイズ30 kbライブラリー 1 cellシーケンスデータ例>

リード長の分布例

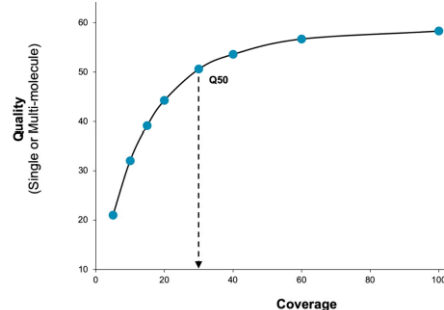


CLR Readの内訳

Number of Bases	120 Gb
Number of Reads	7,680,517
Accuracy (Mean)	89.0%

※タカラバイオ取得データ

アセンブル後のQuality



※PacBio社資料より

遺伝子発現解析サービス

<非モデル生物種の網羅的遺伝子発現解析に>

Sequel IIを使用したIsoSeq解析により、網羅的なcDNA配列を取得します。アノテーションの付与を行い、遺伝子発現解析を実施することも可能です。

<“未知転写産物”の探索に>

Sequel II シーケンスにより得られたcDNAシーケンスデータを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Long Readシーケンスすることによって、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。

・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。

2020年3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