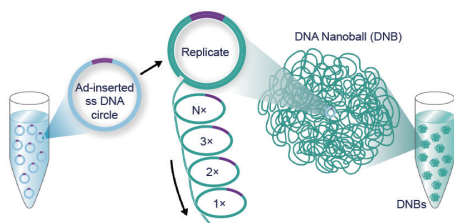


# MGI DNBSEQ-G400 による 次世代シーケンシング国内受託解析サービス

— ご好評につきキャンペーン復活! 2020 年末のサンプル提出分まで —

- 高品質・低価格で  
より多くの有効なデータをご提供
- 核酸抽出、ライブラリ調製から  
シーケンシング・解析まで国内実施



<https://en.mgitech.cn/products/> より引用

## MGI DNBSEQ の特長

- 一本鎖環状 DNA ライブラリからローリングサークル増幅により DNA ナノボールを生成。常に元の分子がテンプレートとして使用されることにより、エラーの蓄積を低減。
- 増幅反応済みの DNA ナノボールを超高密度整列化フローセルのスポットに配置。シーケンシングリードの重複率を低減。
- 標準出力、納品データは FASTQ 形式。これまでご使用のパイプラインでそのまま解析可能。

### 遺伝子発現解析 (RNA-Seq)

- **21,238 円~/ サンプル (16 サンプルでのご依頼の場合)、解析込みなら 36,125 円 / サンプル**

仕様: poly-A 選択; スtrand特異的ライブラリ調製、約 >2,000 万ペアエンドリード / サンプル、FASTQ 納品

ライブラリ調製	シーケンシング	標準解析 (解析内容は裏面参照)
15,000 円 /16~ サンプル 18,000 円 /8~15 サンプル 20,000 円 /1~7 サンプル	99,800 円 / レーン レーン専有 約 4.0 億ペアエンドリード (約 120 Gb)	15,000 円 /16~ サンプル 18,000 円 /8~15 サンプル 20,000 円 /1~7 サンプル

### 全ゲノムシーケンシング (WGS)

- **ヒトゲノム解析 119,800 円 / サンプル: PCR-free ライブラリ調製、40x カバレッジ、FASTQ 納品**
- **ゲノム解析 19,990 円 / サンプル (ゲノムサイズ 150 Mb の生物種で 20 サンプルでのご依頼の場合): 仕様は同上**

ライブラリ調製	シーケンシング	標準解析 (解析内容は裏面参照)
15,000 円 /16~ サンプル 18,000 円 /8~15 サンプル 20,000 円 /1~7 サンプル	99,800 円 / レーン レーン専有 約 4.0 億ペアエンドリード (約 120 Gb)	15,000 円 /16~ サンプル 18,000 円 /8~15 サンプル 20,000 円 /1~7 サンプル

### 10x Genomics ライブラリシーケンシング (シングルセル RNA-Seq/V(D)J、Visium)

- **99,800 円 / レーン。出力約 3.5-4.5 億ペアエンドリード (目安)**
- **1 フローセル (4 レーン) でのご利用ならさらにお安く (379,000 円 / フローセル、HDD 納品込み)**

- Cell Ranger/Space Ranger による解析も対応 (別途追加料金)
- 細胞の凍結送付、持ち込み、出張実施によるライブラリ調製からのフルパッケージ、あるいは cDNA をご提出、ライブラリ調製の後半部分からもお受けしております。

## ■ サンプル提出ガイドライン

### 全ゲノムシーケンシング (WGS)

精製済みゲノム DNA あるいは抽出前試料 (感染性のないこと)

推奨量 (PCR-free 法適用) : >2 µg (>50 ng/µl x 40 µl)、最低量 >500 ng (標準法適用)

純度 : A260/A280: 1.8-2.0、A260/A230: >1.8

DNA 抽出精製からご希望の場合はお知らせください。

### RNA-Seq 遺伝子発現解析

精製済み RNA あるいは抽出前試料 (感染性のないこと)

推奨量 : トータル RNA >1 µg、最低量 >500 ng

品質・純度 : RIN: >7.0、A260/A280: 1.8-2.2、A260/A230: >1.8

RNA 抽出精製からご希望の場合はお知らせください。

### 10x Genomics シングルセル RNA-Seq/V(D)J、Visium 調製済みライブラリ

10x Genomics 3' 遺伝子発現、5' 遺伝子発現 + TCR/BCR、Visium の調製済みライブラリ

必要量 : >10 nM x 15 µl (例 : ライブラリ断片の平均長 550 bp の場合、>5 ng/µl x 15 µl)

\* ご使用になられたキット・インデックスのバージョン、プーリングの状態によってはご対応できないこともございます。

## ■ 標準解析内容

### 全ゲノムシーケンシング (WGS)

リファレンス配列へのマッピング、SNV/InDel、CNV、SV 多型解析、サンプル間での多型比較など

### RNA-Seq 遺伝子発現解析

リファレンス配列へのマッピング、遺伝子発現量一覧、任意のサンプル・グループ間での発現変動解析、オントロジー解析など

### 10x Genomics シングルセル RNA-Seq/V(D)J、Visium 調製済みライブラリ

Cell Ranger/Spacer Ranger 標準出力 (ランサマリー、Loupe Browser 読み込み用のファイルなど)

## ■ 便利なオンラインオーダーシステムにご登録ください!

1つのアカウントですべてのサービスがご利用いただけます。

(DNBSEQをご希望の場合には、該当するアプリケーションをメニューから選択後、特記事項欄にご入力ください)



次世代シーケンシング  
人工遺伝子合成  
サンガーシーケンス解析

⋮

迅速な見積提示

Ph.D. レベルの  
カスタマーサポート

注文履歴の閲覧

進捗情報の確認

⋮

web トップページでの“ユーザー登録”から

お客様のアカウントから、NGS 初回ご利用の場合、10% OFF !

\* キャンペーンなどでディスカウント済みのアプリケーションは適用外

\* 一部のアプリケーションを除く。

## 日本ジーンウィズ株式会社

〒333-0844 埼玉県川口市上青木3-12-18

埼玉県産業技術総合センター内 508号室(オフィス)・553号室(ラボ)

TEL: 048-483-4980 FAX: 050-3730-9242

E-mail: NGS.Japan@genewiz.com

[www.genewiz.com/ja-JP](http://www.genewiz.com/ja-JP)

取扱店・代理店記入欄

NGS017FL-R2-2009

©2020 GENEWIZ Inc.

本サービスは研究用のみに使用できます。診断目的に使用することはできません。

当印刷物に記載されている会社名および商品名などは、各社の商標または登録商標です。本印刷物記載の内容は2020年9月現在のものです。