



## 豊富なアプリケーション

- 遺伝子多型の同定 (SNV/InDel, SV, CNV)
  - 全ゲノムシーケンシング
  - エクソームシーケンシング
  - ガンパネル、カスタムパネル
  - PCRアンプリコン
  - ロングリードシーケンシング
- 新規ゲノムの解読
  - 全ゲノムシーケンシング
  - ロングリードシーケンシング (PacBio Sequel、10X Genomics Chromium)
  - 新規転写産物アセンブリ
  - 新規アイソフォームの同定 (Iso-Seq)
- 遺伝子発現解析
  - ストランド特異的RNA-Seq
  - Small RNA-Seq
  - Non-coding RNA-Seq
  - Ultra-Low Input RNA-Seq
  - Single cell RNA-Seq
- 遺伝子制御機構の解明
  - 全ゲノムバイサルファイトSeq (DNAシトシンメチル化解析)
  - ATAC-Seq (活性クロマチン領域の同定)
    - > 調製済みライブラリーを提出
  - ChIP-Seq / RIP-Seq (タンパク質と核酸の相互作用解析)
    - > 免疫沈降済みあるいは調製済みライブラリーを提出
- 細菌叢、真菌、微生物群集の解析
  - 16S/18S/ITS rRNA 解析
  - 16S全長解析
  - 全メタゲノミクス
  - メタトランスクリプトーム
- 10x Genomics Chromiumによるシングルセルレベルの解析
  - Single Cell RNA-Seq: 遺伝子発現解析
  - CITE-Seq: 細胞表面タンパク質と遺伝子発現の同時解析
  - V(D)J: B/T細胞の可変領域と遺伝子発現の同時解析
  - CNV: コピー数多型の同定
- sgRNAライブラリスクリーニング
- CRISPRジェノタイピング
- CRISPRオフターゲット解析
  - レパトア解析
  - 抗体スクリーニング
- 応用解析:
  - mRNAとmicroRNAの相関解析
  - RNA-SeqとATAC-Seqの融合解析
  - QTL-Seq
  - ゲノムワイド関連解析 (GWAS)

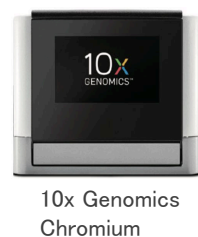
## 最新鋭のプラットフォーム

Illumina NovaSeq 6000	出力モード	2x 150 bp (S2/S4)
	データ量(フローセル単位)	1.2 TB (S2) / 3.0 TB (S4)
Illumina HiSeq X Ten	出力モード	2x 150 bp (高出力)
	リード数 / データ量	3.5億 PEリード / 106 GB
Illumina HiSeq4000	出力モード	2x 150 bp (高出力)
	リード数 / データ量	2.6億 PEリード / 78 GB
Illumina HiSeq2500	出力モード	2x 250 bp (高速)
	リード数 / データ量	1.5億 PEリード / 75 GB
Illumina MiSeq	出力モード	2x 300 bp
	リード数 / データ量	2,500万 PEリード / 15 GB
PacBio Sequel	リード数 / データ量	最大50万リード / 5-8 GB
	用途例	新規の全ゲノム配列同定、構造多型の検出、新規アイソフォームの同定



**10x Genomics Chromium 国内ラボに導入!**  
— 詳細は裏面参照

2x 100 bp (高出力)	1x 50 bp (高速)
2.6億 PEリード / 52 GB	1.5億 SR / 7.5 GB
2x 250 bp	2x 150 bp
1,600万 PEリード / 8.0 GB	1,500万 PEリード / 4.5 GB



PacBio Sequel

\* 上記リード数およびデータ量は、NovaSeqについては1フローセルあたり、HiSeqシリーズについては1レーンあたり、Illumina MiSeqは1ランあたり、PacBio Sequelでは1 SMRT Cellあたりの出力です。

\* 2x およびPEはペアエンド、1x およびSRは、シングルリードシーケンシングを意味します。

\* ペアエンド構成でのリード数は、各断片両端からの2リード分を1PEリードとして表現しています。

# 遺伝子多型の包括的解析 — 各種疾患や表現形質と遺伝子変異との関連を探索

ゲノムワイドから特定部位まで、目的に応じて手法を選択できます。

全ゲノム (3 Gb)

全エクソーム (60 Mb)

カスタムおよびガンパネル

PCRアンプリコン

\* 括弧内数値は、ヒトを例にした場合のシーケンシング対象領域のサイズ

## 各アプリケーションの特長、使用例および推奨プラットフォーム

### 全ゲノムシーケンシング

- リファレンス配列のある各種生物の変異・多型同定、医学から育種分野まで
- 疾患関連遺伝子の大規模関連解析、バイサルファイト処理による全メチル化解析、CRISPRオフターゲット探索
- 突然変異箇所の同定作業の加速、交配種での有用形質と多型の相関解析 (QTL-Seq)
- 標準の多型同定には30xカバレッジ、SNV/InDelのほか、SV (構造解析)、CNV (コピー数多型) も標準解析
- リファレンスゲノムのない場合、新規ゲノムアセンブリ; PacBio+Illuminaあるいは10x Genomics Chromium

### 全エクソームシーケンシング (対象はヒトおよびマウス)

- ゲノムの1-2%を占める、タンパク質のコード領域全体 (エクソーム) のみをシーケンシング
- 全ゲノムシーケンシングと比較して、その約1/50の出力で同等のカバレッジを得ることが可能
- 塩基置換だけでなく、逆位、転座などの構造多型およびコピー数の多型の検出にも対応
- 正常・病理組織の比較など体細胞変異の同定、既知変異の確認、タンパク質機能への影響なども標準解析
- ヒトエクソーム領域の濃縮にはAgilent社のSureSelect Human All Exon V6 Kitを使用

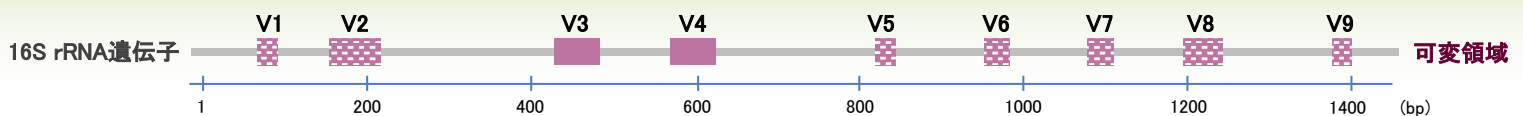
### カスタム遺伝子パネル — 特定の遺伝領域のリシーケンシング

- 特定のゲノム領域、例えば、ある疾患関連の遺伝子群のみシーケンシング
- 特定領域の濃縮にはAgilent社のSureSelect Target Enrichment Kitを使用
- がん関連遺伝子については整備済み: 19種のガン、各150-400遺伝子に対応、非翻訳領域も解析

### アンプリコン (PCR産物) シーケンシング

- 最長570bpのアンプリコンを連続して読み通し (Illumina MiSeq 2x300bp使用時)
- より長いアンプリコンの場合、PacBioによるロングリードで全長読み通し、あるいは断片化してMiSeqで対応
- 変異や多型のホットスポットでの、塩基置換や少数塩基の挿入欠失を同定
- 抗体スクリーニングやCRISPR sgRNAライブラリスクリーニングでは、配列の豊富さ (頻度) を検出

# 細菌・微生物叢解析 — 糞便、土壌、水等のサンプルも受け付け 国内ラボでDNA抽出します!



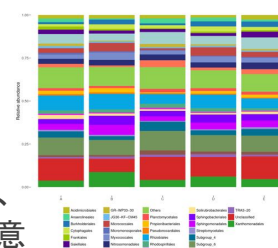
## 特長:

- 16S rRNA遺伝子のアンプリコン解析ではV3とV4領域を対象。
  - 独自開発の縮重混合プライマーにより希少の細菌種も高感度に検出
- 標準解析の内容が非常に充実 (右図一例)
  - $\alpha$  /  $\beta$  多様性解析なども標準解析、追加のオプション解析にも対応
- 18S/ITS領域を対象にしたコウボ/カビの検出同定にも対応。
- 16S全長解析、全メタゲノミクス、メタトランスクリプトーム解析など、細菌叢・微生物群集解析のための豊富なアプリケーションをご用意

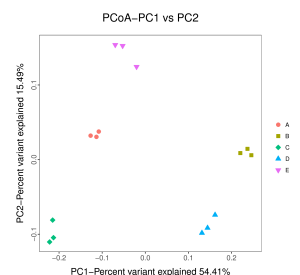
## 使用例など:

- 各種検体中に存在する細菌群・真菌類の種類と比率を同定
- 腸内細菌叢と体質・生活習慣病との関連、環境サンプル中での微生物の動態を理解
- 全メタゲノミクス解析では、“どのような”微生物が存在しているかをより包括的に同定・解析、メタトランスクリプトーム解析では、微生物集団が環境や宿主の中で“どのように”機能しているかを解析

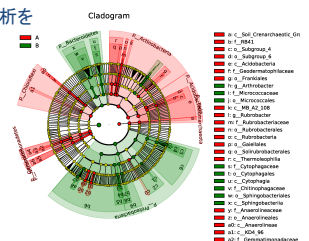
OTU解析とアノテーション  
各生物階層 (門、綱、目、科、属、種) での分類と存在比を表示



主座標分析 (PCoA) による  
複数サンプル間での多様性を解析



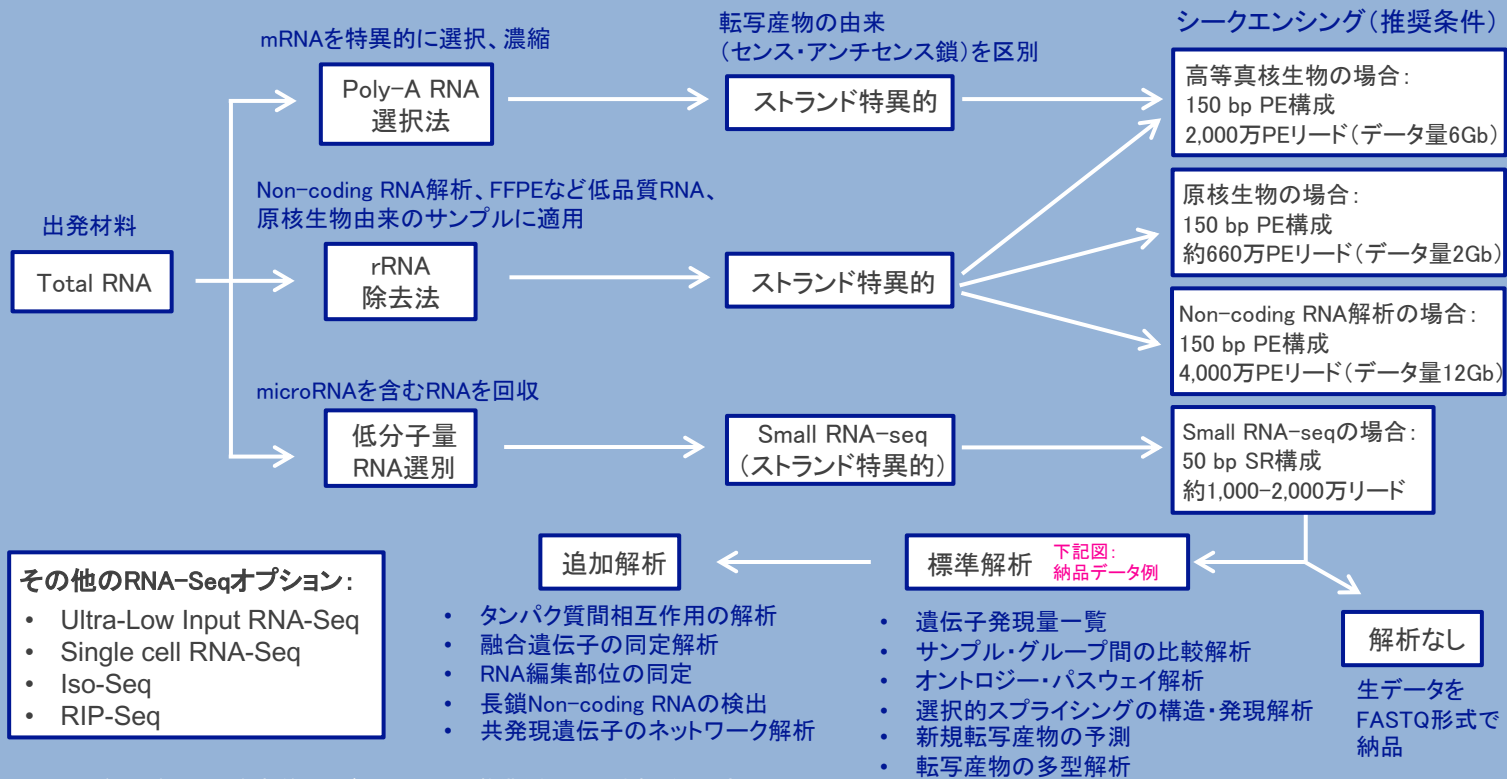
LefSE (LDA Effect Size) 解析により、  
サンプル間での細菌種構成の比較解析を  
複数の生物階層について同時に表示



# RNA-Seq遺伝子発現解析

- 国内実施、サンプル不良の場合は受領後2営業日以内に通知
- 多様なオプションに対応、標準解析が充実

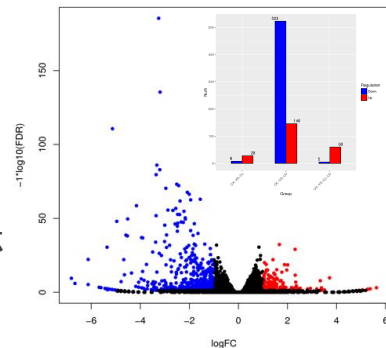
国内ラボでライブラリ調製(一部オプションを除く)  
不安定なRNAも高品質で信頼性の高いライブラリを調製



## 使用例

- 変異体と野生型個体との間での遺伝子発現量の差を調べることで、原因遺伝子の生物学的機能と下流の遺伝経路を推定
- 薬剤投与した個体と未処理のコントロールの間で遺伝子発現の変化を解析、これにより、投薬による効果を転写レベルで解明
- RNAウイルスの同定
- コード遺伝子と非コード遺伝子(lncRNA, microRNAなど)の統合的解析にも対応

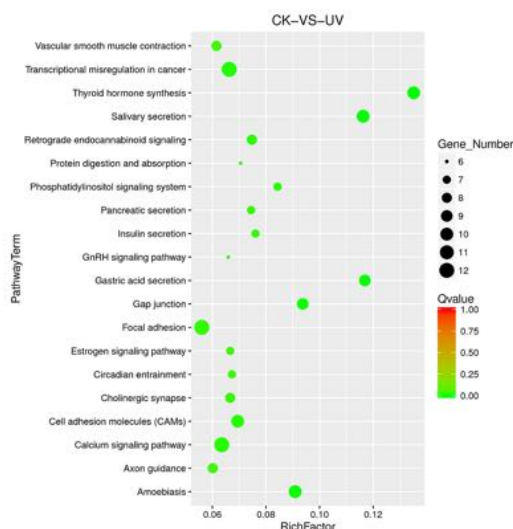
サンプル間の遺伝子発現比較



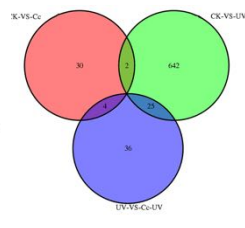
## マイクロアレイとの違い

- 新規転写産物やアイソフォームの同定、SNV/INDEL多型検出が可能。
- ごく微量から高発現量の遺伝子まで、ダイナミックレンジに優れる。
- リファレンス配列がない場合でも対応可能

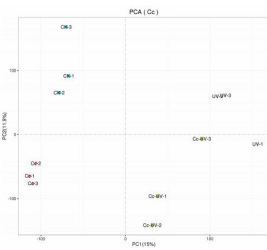
パスウェイ解析



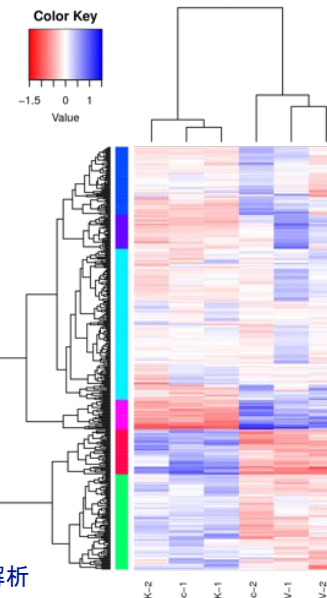
比較グループ間で共通して発現変動する遺伝子数



主座標分析



遺伝子発現変化に基づいたクラスター分析



ジーンオントロジー解析



プロジェクトのご相談

お見積もり  
ご依頼

核酸抽出  
品質確認

ライブラリー  
調製/QC

シーク  
エンシング

データ解析

納品

納品後の  
サポート

❖ 一貫したサービス

❖ Ph.D.レベルの  
スタッフによる  
安心のサポート

❖ お問い合わせは、  
お電話、メール、  
または代理店へ  
お気軽にどうぞ

## 価格例(参考価格)

2019年4月よりお見積り依頼からご注文手続きまで  
オンラインシステム化(価格表下のリンクを参照)

シークエンシングのみ	仕様	納期(標準・お急ぎ)	価格(税別)
HiSeq 150 bp PE 構成	データ量 約100GB	30日	216,000円
		10日	270,000円
	データ量 約1GB	30日	2,400円
		13日	4,200円
ライブラリQC	BioAnalyzer/qPCRなど	2日	5,600円
ライブラリ調製からシークエンシング(解析別)		仕様(標準納期); 1サンプルあたり	価格(税別)
ヒトエクソームシークエンシング		100x カバレッジ相当; データ量12GB	95,000円
全ゲノムシークエンシング(例: 150Mbゲノム)		30x カバレッジ相当; データ量4.5GB	46,000円
RNA-Seq(高等動物、poly-A選択)		2,000万PEリード相当; データ量6GB	60,000円
解析込みまでのパッケージ		仕様(標準納期); 1サンプルあたり	価格(税別)
ヒト全ゲノムシークエンシング		30xカバレッジ相当; データ量90GB; SNV/INDEL解析込み	198,000円
RNA-Seq(poly-A選択)		2,000万PEリード相当; 発現量比較、パスウェイ解析他込み	90,000円
16S rRNA細菌叢解析		4-5万PEリード; 標準解析込み; +4900円でDNA抽出から	15,000円

- ❖ 納期は土日を除く、営業日数で、サンプルを受領後、品質確認を行ってからの日数
- ❖ 標準納期は、ライブラリー調製からシークエンシングまでで20-30営業日、解析に約5-10営業日
- ❖ 価格、納期は、サービス内容、ご注文数、解析のオプションなどによって変動
- ❖ 記載のないサービスについての価格についてはお問い合わせください。

- オンラインアカウント作成手順: [https://web.genewiz.com/hubfs/Japan%20Assets/CLIMS\\_Registration\\_Procedure.pdf](https://web.genewiz.com/hubfs/Japan%20Assets/CLIMS_Registration_Procedure.pdf)
- お見積もり依頼からご注文までの流れ: [https://web.genewiz.com/hubfs/Japan%20Assets/NGS-CLIMS\\_Procedure.pdf](https://web.genewiz.com/hubfs/Japan%20Assets/NGS-CLIMS_Procedure.pdf)

## PacBio Sequel

平均リード長10-15 Kb、  
最大リード長40 Kbのロングリード

- 逆位、転座など大規模な構造多型の解析
- 完全長cDNAの同定や新規転写産物、  
アイソフォーム、新規プライミング様式の検出
- 16S rRNAの全長解析による種レベルの細菌叢解析
- より正確な全メタゲノム解析

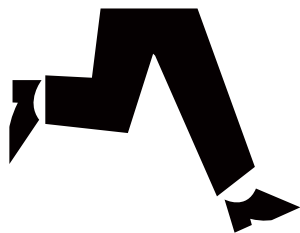
## 10x Genomics Chromium

国内ラボでサービス開始、持ち込み、出張対応!

- ❖ 1細胞レベルの遺伝子発現解析
- ❖ 細胞表面タンパク質の同時解析
- ❖ B/C細胞のV(D)Jと遺伝子発現解析
- ❖ ゲノムのコピー数多型同定CNV
- ❖ オープンクロマチン領域同定ATAC-Seq
- ❖ DNAフェージングによるハプロタイプ解析
- ❖ 擬似的ロングリードによる新規ゲノム同定

## 業界最速クラスの納期

# FAST



- シークエンシングのみ(レーン専有 >90-100GB)
  - ❖ 10営業日 特急(270,000円)
- シークエンシングのみ(相乗り、1GB単位、納期13営業日)
  - ❖ WGS, WES, RNA-Seqの調製済みライブラリが対象
- FAST新シリーズ! ライブラリ調製から解析まで、納期半分
  - ❖ WGS 全ヒトゲノム解析
  - ❖ WES ヒトエクソーム解析
  - ❖ RNA-Seq 遺伝子発現解析
  - ❖ 16S細菌叢解析

- ・ 納期は土日祝日を除く、サンプルの品質確認が完了してからの営業日数
- ・ シークエンシングのみレーン専有の短納期サービスでは、インデックスご使用の場合は、ライブラリをあらかじめプールして送付
- ・ シークエンシングのみのサービスには別途、品質確認の費用(5,600円)が追加

## 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)

お問い合わせ先:

電話: 048-483-4980 Eメール: [NGS.Japan@genewiz.com](mailto:NGS.Japan@genewiz.com)

取扱店・代理店記入欄