

- ❖ 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)

シーケンシングのみ	仕様	納期(標準・お急ぎ)	価格(税込)
HiSeq 150 bp PE 構成	データ量 約100GB	30日	237,600円
		10日	297,000円
	データ量 約1GB	30日	2,640円
		13日	4,620円
ライブラリQC	BioAnalyzer/qPCRなど	2日	6,160円

ライブラリ調製からシーケンシング(解析別)	仕様(標準納期) ; 1サンプルあたり	価格(税込)
ヒトエクソームシーケンシング	100x カバレッジ相当; データ量12GB	104,500円
全ゲノムシーケンシング(例: 150Mbゲノム)	30x カバレッジ相当; データ量4.5GB	50,600円
RNA-Seq(高等動物植物、poly-A選択)	2,000万PEリード相当; データ量6GB	66,000円

解析済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(税込)
ヒト全ゲノムシーケンシング	30xカバレッジ相当; データ量90GB; SNV/INDEL解析込み	217,800円
RNA-Seq(poly-A選択)	2,000万PEリード相当; 発現量比較、オントロジー解析他込み	99,000円
16S rRNA細菌叢解析	4-5万PEリード; 標準解析込み	16,500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ケンシングまでで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。
 ❖ 1 Gb単位の相乗りシーケンシングは最低データ量6 Gbからとなります。
 ❖ 弊社海外ラボで実施の場合、サンプル輸送に追加で5営業日程度を要します。

➢ 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
 ➢ お見積り依頼からご注文までの流れ: 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、新規スプライシング様式の検出
- 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

業界最速クラスの納期



- シーケンシングのみ(レーン専有 約100GB)
 - ❖ 10営業日 特急
- シーケンシングのみ(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
 ・ シーケ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

©2021 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。表示価格は税込価格です。記載の内容は、2021年5月現在のものです。

日本ジーンウィズ株式会社

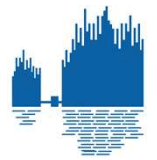
〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9番15号
NFパークビルディング 4階
TEL. 03-6628-2950 FAX. 03-6628-2951
E-mail. NGS.Japan@genewiz.com

取扱店・代理店 記入欄

NGS003BR-R1-2105TC



日本ジーンウィズの 次世代シーケンシング 受託サービス



豊富なアプリケーション

遺伝子多型の同定 (SNV/InDel, SV, CNV) <ul style="list-style-type: none"> 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 <ul style="list-style-type: none"> 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 <ul style="list-style-type: none"> 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 	エピジェネティクス <ul style="list-style-type: none"> 全ゲノムバイサルファイトSeq (DNAメチル化解析) ATAC-Seq ChIP-Seq / RIP-Seq
細菌叢、真菌、微生物群集の解析 <ul style="list-style-type: none"> 16S/18S/ITS rRNA 解析 16S全長解析 全メタゲノムス メタトランスクリプトーム 	シングルセル解析(10x Genomics Chromium) <ul style="list-style-type: none"> Single Cell RNA-Seq: 遺伝子発現解析 CITE-Seq: 細胞表面タンパク質同定 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
CRISPRゲノム編集アプリケーション <ul style="list-style-type: none"> sgRNAライブラリスクリーニング CRISPRジェノタイプピング CRISPRオフターゲット解析 	応用解析 <ul style="list-style-type: none"> 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

Platform	出力モード	データ量(フローセル単位)	リード数 / データ量	平均 / 最大リード長
Illumina NovaSeq 6000	2x 150 bp (S2/S4)	1.2 TB (S2) / 3.0 TB (S4)	3.5億 PEリード / 106 GB	10 Kb / 約60 Kb
		2.6億 PEリード / 78 GB	10 Kb / 約60 Kb	
Illumina HiSeq X Ten	2x 150 bp (高出力)	3.5億 PEリード / 106 GB	10 Kb / 約60 Kb	10 Kb / 約60 Kb
		2.6億 PEリード / 78 GB	10 Kb / 約60 Kb	
Illumina HiSeq4000	2x 150 bp (高出力)	2.6億 PEリード / 78 GB	10 Kb / 約60 Kb	10 Kb / 約60 Kb
		2.6億 PEリード / 78 GB	10 Kb / 約60 Kb	
Illumina HiSeq2500	2x 250 bp (高速)	2.6億 PEリード / 52 GB	10 Kb / 約60 Kb	10 Kb / 約60 Kb
		2.6億 PEリード / 52 GB	10 Kb / 約60 Kb	
Illumina MiSeq	2x 300 bp	2.5億 PEリード / 15 GB	10 Kb / 約60 Kb	10 Kb / 約60 Kb
		1,600万 PEリード / 8.0 GB	10 Kb / 約60 Kb	
PacBio Sequel	最大50万リード / 5-8 GB	1,500万 PEリード / 4.5 GB	10 Kb / 約60 Kb	10 Kb / 約60 Kb
		1,500万 PEリード / 4.5 GB	10 Kb / 約60 Kb	

* 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。



* 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)
- 標準的多型同定には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がない場合、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

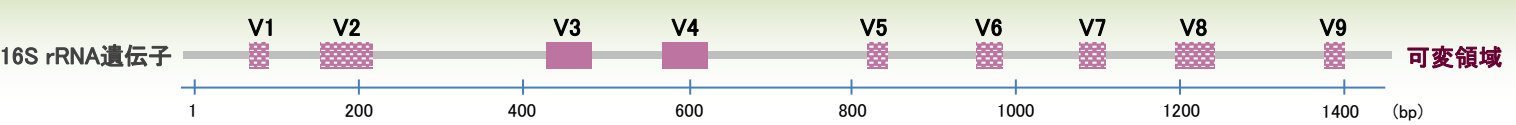
カスタム遺伝子パネル — 特定の遺伝領域のリシーケンシング

- 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、配列の豊富度 (頻度) を検出

細菌・微生物叢解析

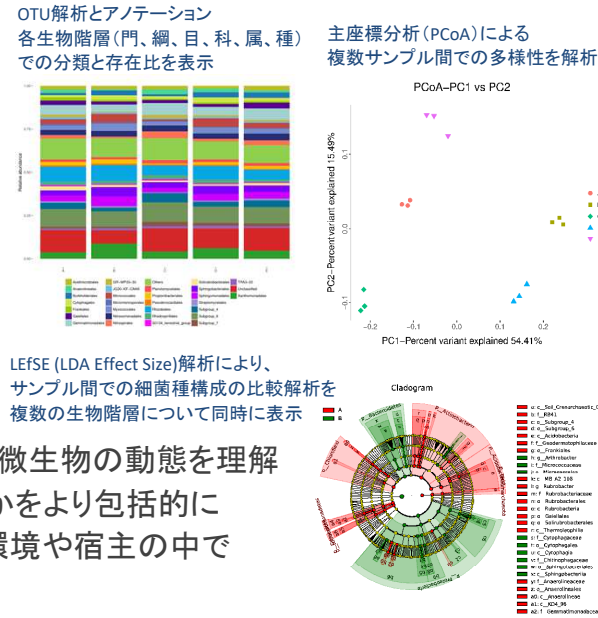


特長:

- 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)
 - α/β 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、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・微生物叢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:

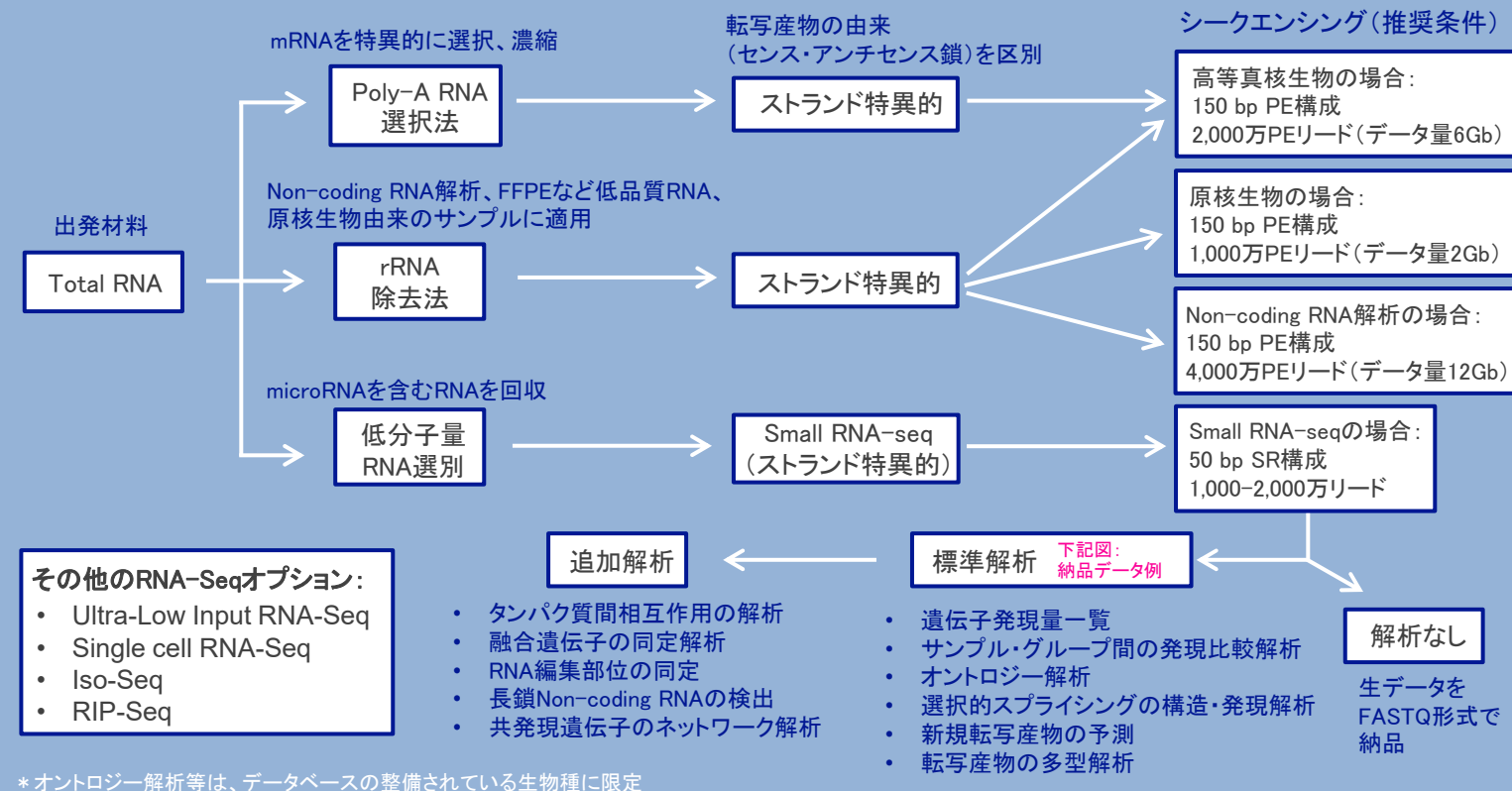
- 各種検体中に存在する細菌群・真菌類の種類と比率を同定
- 腸内細菌叢と体質・生活習慣病との関連、環境サンプル中での微生物の動態を理解
- 全メタゲノミクス解析では、“どのような”微生物が存在しているかをより包括的に同定・解析、メタトランスクリプトーム解析では、微生物集団が環境や宿主の中で“どのように”機能しているかを解析



RNA-Seq 遺伝子発現解析

- 国内実施、サンプル品質確認も迅速
- 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

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

