

最新鋭のシーケンシングプラットフォーム

アゼンタの特長・強み

- グローバルリソースを活用した最新鋭の機器・技術とバックアップ体制
- 国内ラボ設置のプラットフォーム=DNBSEQ-G400を用いた、国内ラボでの一貫したサービス提供体制
- 機器メーカーの規定値を凌駕する出力・品質
- 業界最速クラスの納期、高い品質、手頃な価格
- Ph.D.レベルのスタッフによる安心のサポート

MGI tech DNBSEQ-G400 =国内対応=

仕様：150 bp ペアエンド (PE)
出力：112.5~135 Gb (レーンあたり)



実質出力：105~135 Gb
3.5~4.5億PEリード (レーンあたり)

アゼンタ対応サービス・アプリケーション：

- ライブラリ調製からご依頼のRNA-Seq、WGS、WES、10x Genomicsシングルセルライブラリなど。
- お客様による調製済みライブラリは、現在、MGI準拠のキットで作成されたもの、10x Genomicsシングルセル/Visiumライブラリのみ受け入れ。裏面参照。
- 国内実施。4レーン相当の同時ご注文で、優先対応。

PacBio Sequel/Sequel II

仕様：Sequel II、HiFiモード
出力：~500万 平均有効リード
100万~400万 HiFiリード (>Q20)
(1 SMRT Cell 8Mあたり)



- インサートサイズ20 kbでの例：
HiFiリード~140万、HiFiデータ~30 Gb

仕様：Sequel II、CLRモード
出力：~80 Gb (1 SMRT Cell 8Mあたり)

アゼンタ対応サービス・アプリケーション：

- 完全長cDNA、アイソフォーム同定 (Iso-Seq)
- 16S rRNA全長解析によるメタゲノミクス
- WGS (ハプロタイプフェージング、構造解析)
- ショート+ロングリードによる新規ゲノム配列決定
- ロングアンプリコン解析 (500 bp~15 kb)

諸注意事項

- 『出力』は機器メーカーのカタログ値に基づきます。『実質出力』は弊社実績に基づく参考値でこれを保証するものではありません。
- シーケンシングの出力・品質はライブラリの特長・品質に影響を受けます。お客様調製のライブラリおよびガイドラインを満たしていないサンプルに由来するライブラリにつきましては、データ出力は目安となります。
- 相乗りシーケンシングは、Illumina準拠のキットで調製されたWGS、RNA-Seq等の塩基バランスの取れた標準的なライブラリのみが対象です。納期に時間を要することもあります。ライブラリタイプによってはレーン専有でのご対応となります。

Illumina NovaSeq 6000 =短納期対応=

仕様：150 bp ペアエンド (PE)
出力：~3,000 Gb、100億PEリード
(フローセルあたり)

実質出力：~3,200 Gb (フローセルあたり)
~800 Gb (レーンあたり)



アゼンタ対応サービス・アプリケーション：

- お客様による調製済みライブラリのシーケンシング。レーン専有あるいはGb単位での相乗りに対応。プロジェクト当たりの最低データ量：4 Gb
- シーケンシングのみの短納期サービス有り。
- ライブラリ調製からご依頼のRNA-Seq、全ゲノム解析 (WGS)、シングルセルRNA-Seqなど。

Illumina HiSeq X Ten =短納期対応=



仕様：150 bp ペアエンド (PE)
出力：106 Gb、3.5億PEリード (レーンあたり)

実質出力：120 Gb、4億PEリード (レーンあたり)

アゼンタ対応サービス・アプリケーション：

- お客様による調製済みライブラリのシーケンシング。レーン専有のみ。短納期サービス有り。
- 弊社にライブラリ調製からご依頼のWGSなど。

Illumina MiSeq

仕様：250 bp ペアエンド (PE)
出力：8 Gb、1,600万PEリード

仕様：300 bp ペアエンド (PE)
出力：15 Gb、2,500万PEリード
(いずれもランあたり)



アゼンタ対応サービス・アプリケーション：

- お客様による調製済みライブラリのシーケンシング。ラン専有あるいはGb単位での相乗りに対応。
- ライブラリ調製からご依頼の、メタゲノミクス解析、アンプリコンシーケンシングなど。



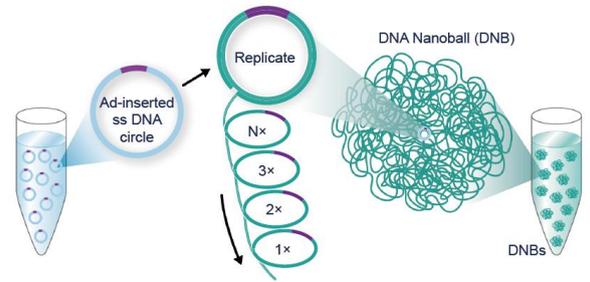
MGI tech DNBSEQ-G400とは

MGI techにより開発された次世代シーケンシングプラットフォームです。配列情報の取得は、Illuminaシーケンサーと同様、蛍光標識されたヌクレオチドを用い、合成と読み取りを一塩基ずつ行う手法に基づきます。一方、MGIシーケンサーでは、一本鎖環状DNA様式のライブラリからローリングサークル増幅(RCA)によりDNAナノボールを生成、これがシーケンシングのテンプレートになります。RCA反応では、PCRと異なり、常に元の分子を鋳型に増幅することで**エラーの蓄積を軽減**します。

また、増幅反応の完了したDNAナノボールをフローセルに充填するため、**重複率を低く抑える**ことができます。これにより、同じデータ量でもより多くの有効なデータを得ることができます。

また、WGS、RNA-Seqなどのライブラリ調製の手法・手順は、一般的なIlluminaのものと類似で、標準出力もFASTQ形式のため、基本的に既存のパイプラインで解析が可能です。

弊社国内ラボでは2020年より導入、その高い品質と優れた費用対効果で非常に高い評価をいただいております。



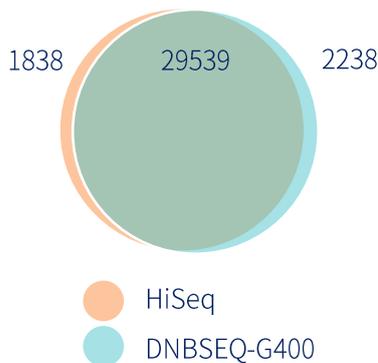
Illuminaシーケンシングプラットフォームとのデータ比較

同一ゲノムDNAサンプルを用いたヒト全ゲノム解析の結果（弊社検証）

プラットフォーム	DNBSEQ-G400	HiSeq
リード数(M)	780	726
データ量(Gbp)	101.37	94.37
マッピング率(%)	99.85	99.93
重複率(%)	8.61	12.26
既知の一塩基多型 / 挿入欠失(%)	98.5 / 93.7	97.9 / 89.7

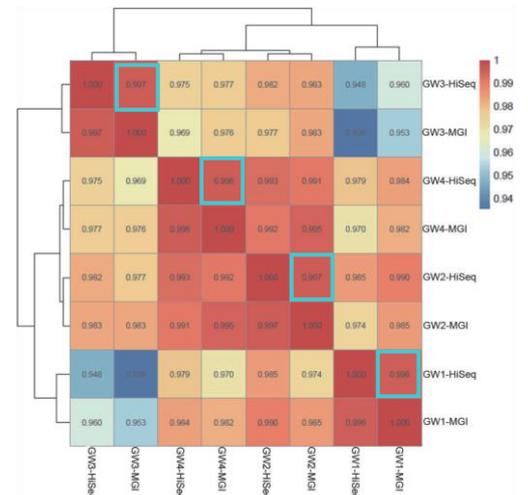
DNBSEQ-G400とHiSeqで同等のリード数・データ量が取得でき、また、DNBSEQ-G400ではHiSeqと比較し、重複率も有意に少ない結果が得られました。また、既知の多型・変異の検出についても高い再現性があることが示されました。

同一RNAサンプルを用いたRNA-Seqの結果（弊社検証）



4匹のマウスからそれぞれトータルRNAを抽出、ライブラリ調製を行い、DNBSEQ-G400とHiSeqでシーケンシング、遺伝子発現解析を実施。

発現の検出できた遺伝子の総数には、両プラットフォームで大きな差はなく、全遺伝子の94%以上が共通して確認できました（図左）。遺伝子発現についても高い相関を示しました（図右）。



アゼンタ国内ラボにてDNBSEQ-G400で提供中のサービス・アプリケーション

ライブラリ調製あるいは核酸抽出からご提供中のアプリケーション

- RNA-Seq遺伝子発現解析（poly-A選択法あるいはrRNA枯渇法；ストランド特異的ライブラリ調製）
- 全ゲノム解析（WGS; 標準およびPCR-freeライブラリ調製）
- ヒト全エクソーム解析（Twist Bioscience製パネル使用）

調製済みライブラリをご提出、シーケンシングのみあるいは解析までご提供中のサービス

- 10x Genomics 3'遺伝子発現およびVisium ライブラリ（キット・インデックスの仕様により、マルチプレックスライブラリはお受けできないものもあります）
- その他Illumina準拠の調製済みライブラリにつきましては、原則未対応となります。

©2021 Azenta Japan Corp. 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2021年11月現在のものです。