

ナノポアシーケンス受託サービス

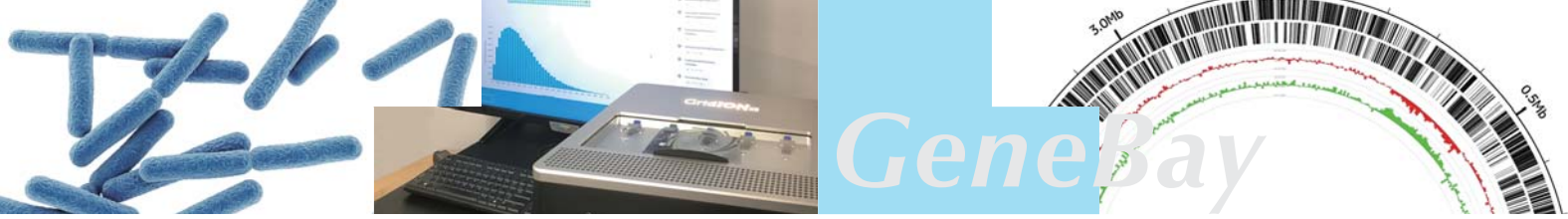
株式会社ジーンベイでは、Oxford Nanopore Technologies 社の GridION X5 システムでの受託解析サービスを開始いたしました。

- サービス内容 ・細菌、真菌、植物、動物等の全ゲノムシーケンス
 ナノポアシーケンサーでは長い配列が得られることから特に de novo 解析に適しています。
 ご依頼の際には使用するフローセルの枚数または取得するデータ量をお選び頂きます。
 その他の解析に関しても承ることが可能です。



完全長細菌ゲノム解析パッケージ	
Nanopore シーケンサーと Illumina シーケンサーを併用した完全長グレードのゲノム配列決定	
価格	25 万円 / 1 サンプル
ご提供頂くサンプル	<ul style="list-style-type: none"> 菌体ペレット (推奨) 輸送手続きは事前にご相談ください 抽出済みゲノム DNA 抽出方法は事前にご相談ください <p>上記いずれかのサンプルをご提出いただけます</p>
解析内容	<p>(1) サンプル QC</p> <p>(2) ライブラリー調整およびシーケンス解析</p> <ul style="list-style-type: none"> Nanopore シーケンス Nanopore の一分子シーケンスによりロングリード配列を取得します Illumina シーケンス Illumina の高精度ペアエンド・ショートリード配列を取得します <p>(3) アセンブリ解析</p> <ul style="list-style-type: none"> ロングリードを用いたアセンブリ+配列補正 (ロングリードとショートリード使用) ロングリードとショートリードを用いたハイブリッドアセンブリ 環状化 <p>(4) アノテーション解析 (オプション +5 万円)</p> <ul style="list-style-type: none"> 遺伝子予測およびアノテーション 染色体遺伝子地図描画
納品データ	<ul style="list-style-type: none"> シーケンス配列データ (fastq) ゲノム配列データ (fasta) 遺伝子予測データ (fasta, genbank) ※アノテーション解析実施の場合 染色体遺伝子地図画像データ ※アノテーション解析実施の場合
納期	・ 40 営業日～

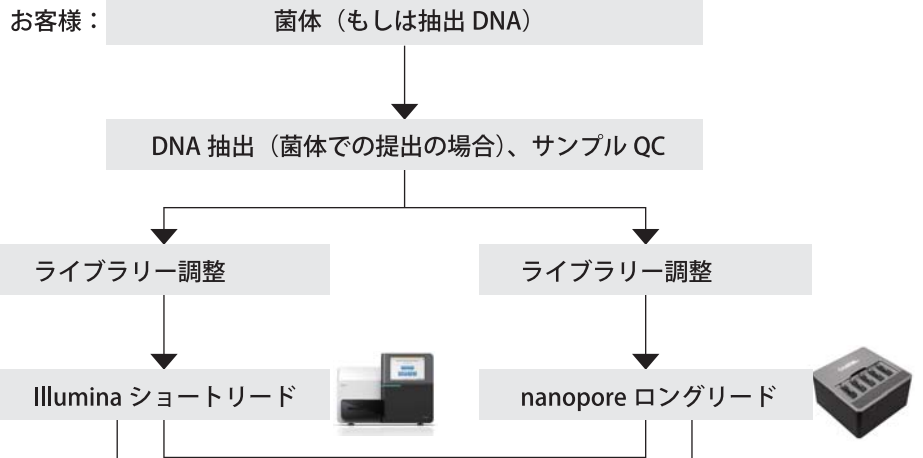
- データ解析でお困りの方：お客様ご自身で MinION シーケンサーを使用して取得したデータの受託解析や、ご自身でデータ解析するためのデータ解析環境の提供もご致しますので、お気軽にお問い合わせください。



解析例：バクテリアゲノムのアセンブリ解析

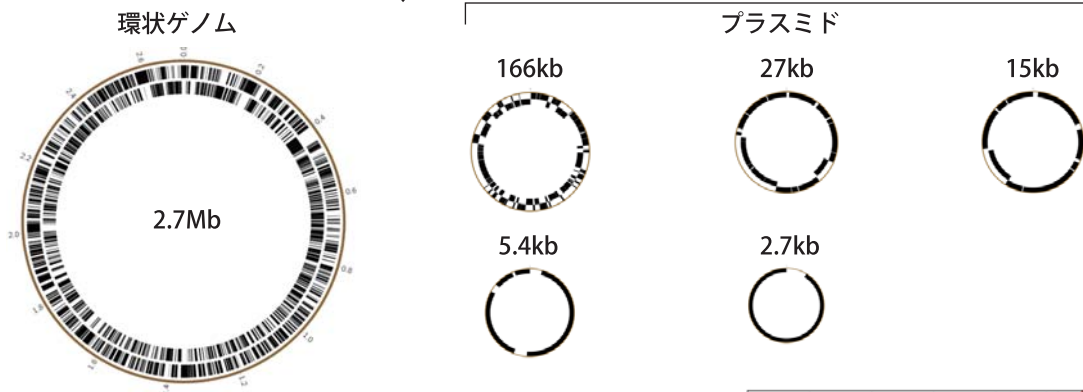
解析内容

1. DNA 抽出
2. ライブラリー調整
3. シーケンシング
(nanopore & Illumina)
4. アセンブリ解析
 - ・ショートリードのみ
 - ・ロングリードのみ
 - ・ショートリードとロングリードのハイブリッドアセンブリ
5. アノテーションと染色体遺伝子地図



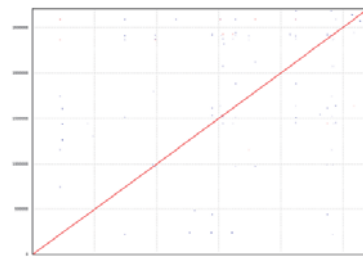
	ショートリードのみ	ハイブリッドアセンブリ	ロングリードのみ
コンティグ数 (≥1kb)	92	10	4 (*)
コンティグ最大長	243,659	2,709,388	2,699,978
N50	88,250 (10)	2,709,388 (1)	2,699,978(1)
環状コンティグ	0	6	1

* プラスミドの配列は出力されなかった。
(アセンブリプログラムによる)



リファレンス配列とアセンブリした環状ゲノム配列とのドットプロット解析

アセンブリ配列



ナノポアと Illumina のシーケンスデータを用いることで、ほとんどエラーのない完全長グレードの細菌ゲノム解析が可能です！