

# オプティカルゲノムマッピング解析受託サービス

## 全ゲノムイメージングにより ゲノム解析の幅が広がります

米国Bionano Genomics社のSaphyr® Systemによる  
オプティカルゲノムマッピング解析を行います。

従来の制限酵素地図の作成に対し、特定配列の蛍光標識を  
指標にしたゲノムマッピング手法です。

従来の技術では困難であった1 Mbレベルの長鎖DNAフラグメントの  
解析を実現しており、ゲノム中に存在する挿入・欠失・転座・逆位・  
重複といった大きな構造変化を検出できます。

さらに次世代シーケンサー(NGS)データと組み合わせる  
Hybrid Scaffoldingによるゲノムアセンブリに対応し、  
NGSデータのアセンブリを染色体レベルまで改善した例もあります。

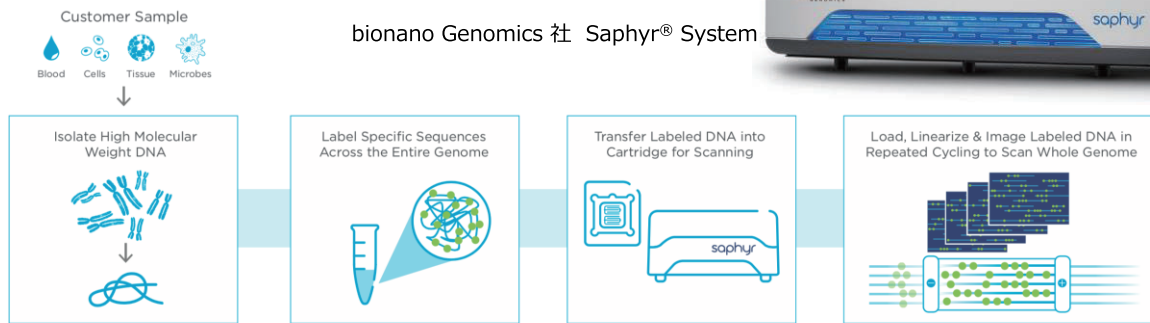
オプティカルゲノムマッピングにより、配列レベルからゲノム構造・  
染色体レベルまでゲノム解析の幅が広がります。

Point①

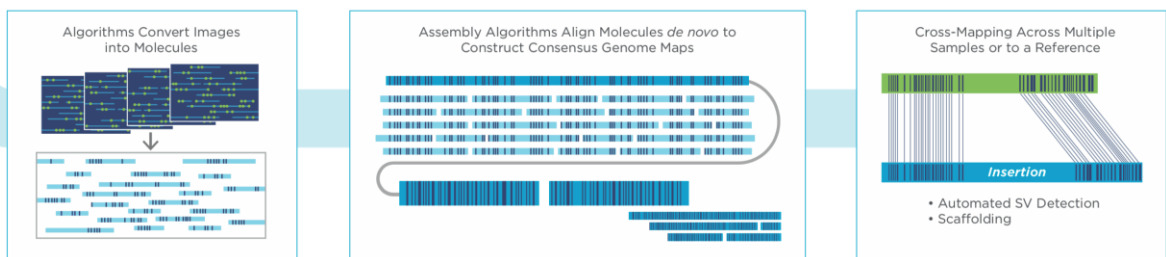
3サンプルまで同時解析可能  
3フローセルで効率的に解析結果を取得

Point②

最大5Tb/フローセルの  
データを取得  
ヒトの場合、1%アレルの変異も検出可能に



### HIGH-THROUGHPUT, HIGH-RESOLUTION IMAGING OF MEGABASE LENGTH MOLECULES



#### ■対象サンプル

- ヒト : 培養細胞、血液(感染がないもの)
- 動物 : 培養細胞、組織(メラニン等を含むもの等、解析できない場合があります)
- 植物 : 幼若葉が望ましい(含まれる二次代謝産物によって解析できない場合があります)
- 微生物 : ご相談ください

※ 本サービスは基礎研究用途限定です。診断にはご使用いただけません。

※ 対象サンプルについては、予告なく変更する場合があります。

※ ヒト生体試料を提供いただく場合は、下記事項をご確認ください。

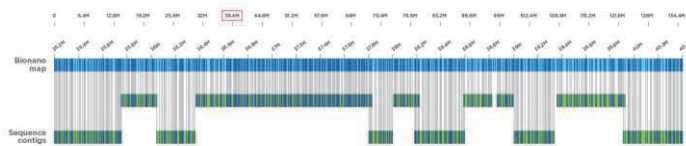
- (1) お客様の所属機関の倫理委員会等で承認された研究内容・サンプルに限定します。
- (2) 研究サンプルは、匿名化されたものを提供ください。

Saphyr® System によるオプティカルゲノムマッピング解析 ワークフロー

## ■ アプリケーション

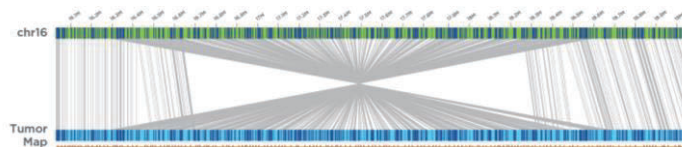
### ① ゲノムアセンブリ

- Saphyr®で得たゲノムマップをNGSデータと統合させることで、Contigの方向やギャップ領域の正確な長さ情報を含んだscaffoldingを行います。ミスアセンブリの検出・修復が可能です。



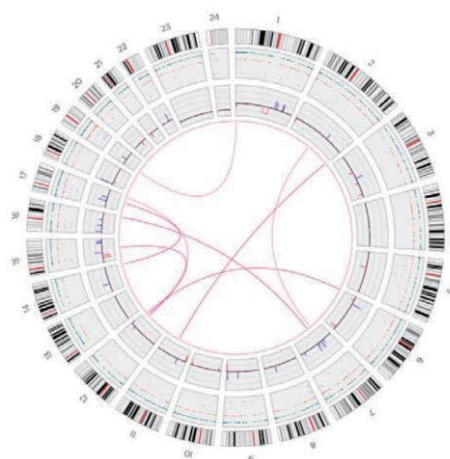
### ② ゲノム構造解析 (Structural Variation解析)

- 逆位・欠失・転座・重複などの染色体上の大きな構造変化を正確かつ迅速に捉えます。
- レファレンスと比較してゲノム構造解析(SV)をハプロイド別に検出することも可能です。



### ③ Cytogeneticsへの応用

- 細胞遺伝学解析の新しいプラットフォームの提案です。ヒト検体では、検出したtranslocationやCNVをCircosプロット上に表示することが可能です。



この他のアプリケーションの詳細はこちら  
(Bionano社HP)でもご確認いただけます。

## ■ 参考価格・納期

項目	価格 (税抜)	納期
オプティカルゲノムマッピング解析※1 (ゲノム抽出・調製※2、基本データ解析を含む)	¥600,000~/ 1検体 (ヒトの場合)	約1~2ヶ月 (サンプルやアプリケーションによって都度打ち合わせ)

※1. ゲノムDNA抽出後の状態が解析に向かない場合でも、抽出までの実費が必要となります。

※2. Bionano社の抽出・調製キットを使用します。

 **アズワン株式会社**

■ 殿町ソリューションリサーチラボ  
〒210-0821 神奈川県川崎市川崎区殿町3-25-22  
ライフインノベーションセンター219

■ お問い合わせ窓口

E-Mail [as1-tonomachi-jutaku@so.as-1.co.jp](mailto:as1-tonomachi-jutaku@so.as-1.co.jp)

URL <https://axel.as-1.co.jp/contents/bio/jutaku>

TEL 044-577-7210

FAX 044-577-7211