

次世代シーケンス 受託サービス キャンペーン

キャンペーン期間

2020 11.2 → 12.23

遺伝子発現解析

- RNA-Seq (RNAシーケンス)
- 微生物のRNA-Seq (リボゼロ処理)
- total RNA-Seq (リボゼロ処理)
- 微量サンプルのRNA-Seq (SMARTer®による増幅)
- Iso-Seq (PacBio®を利用)
- small RNA-Seq (miRNA-Seq)

ゲノム解析

- DNA-Seq (NovaSeq6000)
- エクソーム解析
- メチル化解析 (バイサルファイトシーケンス)

その他

- ChIPシーケンス
- メタゲノム解析 (16S rRNA 領域の細菌叢解析)
- PacBio® シーケンス

遺伝子発現解析

RNA-Seq (RNAシーケンス) は、次世代シーケンスを用いて取得したリードの情報 (生データ) から、遺伝子の発現量を解析する手法です。サンプルや目的によって最適な仕様を組み合わせたことができます。

まず、ライブラリ調製の手法がいくつかご提案できます。一般的な手法では、total RNA のご提供を頂き、polyA を利用して mRNA を回収しますが、polyA が無い生物種の場合には、リボソームRNAを除去する手法 (リボゼロ処理) を利用してサンプル調製を進めます。また、微量サンプルの場合には、SMART技術によりライブラリ調製を進める事が可能です。

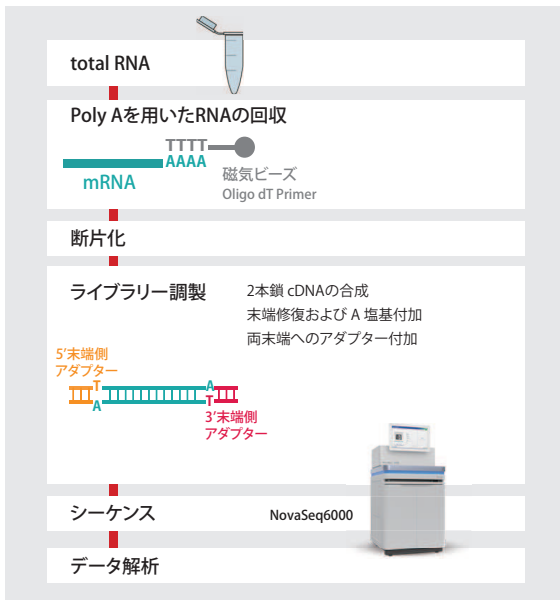
次に、解析においても、通常は公開されているリファレンス配列を利用してデータ解析を行います。リファレンス配列のない生物種の場合には、別途データ解析を行ってリファレンス配列を作成してから、遺伝子発現解析を実施するなどのご提案ができます。

このように、ライブラリ調製、シーケンス、データ解析等の仕様を選択することで、様々なアプリケーションが実現できますので、ご相談ください。

RNA-Seq (PolyA による回収)

お問い合わせはこちら

ヒト・マウスなどのpolyAを持つ mRNA を対象とした解析です。リファレンス配列の無い生物種である場合、得られたリードを de novo アセンブル・BLAST検索することで、リファレンス配列を作成して解析を進めることが可能です。



- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Stranded mRNA Library Prep
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (illumina)
 - ・ 4 Gb/サンプル, 100 bp, paired end

RNA-Seq (polyAによる回収)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 39,500
データ解析 マッピング, 発現値算出,	ヒト・マウス※ ¥ 15,500
発現変動比較解析	その他生物種 ¥ 40,000

※ヒト・マウスのデータ解析において、5比較以上の解析を希望される場合は追加費用が必要になります。詳しくはお問い合わせ下さい。

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

微生物のRNA-Seq (リボゼロ処理)

お問い合わせはこちら

polyAの無いmRNAを持つ微生物のRNA-Seqを実施する場合は、通常的手法ではサンプル調製ができないため、リボソームRNAを除去する手法でライブラリ調製を行います。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Stranded mRNA Library Prep (bacteria)
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (illumina)
 - ・ 4 Gb/サンプル, 100 bp, paired end

RNA-Seq (リボゼロ処理)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 46,000
データ解析 マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	¥ 40,000

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

total RNA-Seq (リボゼロ処理)

お問い合わせはこちら

ヒトやマウス由来のサンプルであっても、non-coding RNAやlncRNAと呼ばれるpolyAの無いRNAを対象にした解析を希望される場合に用いる手法です。total RNA からリボソーム RNA を除去してライブラリ調製を進めます。10 Gb/sample 程度のデータ取得をお勧めします。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Stranded total RNA Library Prep Kit with RiboZero kit
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (Illumina)
 - ・ 10Gb/サンプル, 100 bp, paired end

total RNA-Seq (リボゼロ処理)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 60,000
データ解析 マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	ヒト・マウス※ ¥ 15,500 その他生物種 ¥ 40,000

※ヒト・マウスのデータ解析において、5比較以上の解析を希望される場合は追加費用が必要になります。詳しくはお問い合わせ下さい。

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

微量サンプルのRNA-Seq (SMARTer® による増幅)

お問い合わせはこちら

微量サンプルの場合には、SMARTer® を用いた増幅を含む仕様でライブラリ調製を進めることが可能です。10 ng 程度の微量なサンプルからでもデータを取得できる可能性があります。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (0.01 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ SMARTer® Ultra low RNA Kit + TruSeq library construction
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : NovaSeq 6000 (Illumina)
 - ・ 4Gb/サンプル, 100 bp, paired end

微量サンプルのRNA-Seq (SMARTer® による増幅)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 59,000
データ解析 マッピング, 発現値算出, 発現変動比較解析	ヒト・マウス※ ¥ 15,500 その他生物種 ¥ 40,000

※ヒト・マウスのデータ解析において、5比較以上の解析を希望される場合は追加費用が必要になります。詳しくはお問い合わせ下さい。

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

Iso-Seq (PacBio® を利用)

お問い合わせはこちら

ショートリードのシーケンサーでは、アイソフォーム (スプライシングバリエーション) の判別が困難ですが、ロングリードのPacBio®シーケンスでは、1つのリードで mRNA 分子全体を網羅することができる (mRNAの全長を1リードでシーケンスできる) ため、多様なアイソフォームが混在する場合でも、それらを見分けることができ、アイソフォームごとの発現解析を実施することが可能です。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (3 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ Sequel Iso-Seq Library Construction
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : PacBio® Sequel
 - ・ 1 SMRT Cell (データ量の目安 20-25Gb)

Iso-Seq (PacBio® を利用)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製	¥ 56,500
シーケンス (1 SMART Cell)	¥ 226,000
データ解析 (クラスタリング、マッピング)	¥ 105,000
納品用ハードディスク	¥ 30,000

small RNA-Seq (miRNA-Seq)

お問い合わせはこちら

18~30塩基程度の small RNA の両端にアダプターを付加し、シーケンスを行うことで、small RNA の同定と発現量を解析するサービスです。検出できるダイナミックレンジが広いので、miRNA などの small RNA の発現量を調べたい場合に有効です。

- ▶ サンプル量条件
 - ・ total RNA (3 µg 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・ TruSeq Small RNA Library Prep Kit
- ▶ シーケンス条件
 - ・ 使用装置 : HiSeq 2500 (Illumina)
 - ・ 50bp, Single end, 1 lane/複数サンプル

small RNA-Seq (miRNA-Seq)

項目名	キャンペーン価格 (税別)
ライブラリ調製 (1サンプルあたり)	¥ 34,000
シーケンス (1レーンあたり)	¥ 157,000
データ解析 (1サンプルあたり)	¥ 40,000
納品用ハードディスク	¥ 30,000

6検体/1レーンの場合・・・	ライブラリ調製	¥ 34,000 × 6
	シーケンス	¥ 157,000 × 1
	データ解析	¥ 40,000 × 6
	ハードディスク	¥ 30,000 × 1

DNA-Seq (NovaSeq6000)

NovaSeq6000 (Illumina 社) を用いて、150bp, paired end の条件でシーケンスを行います。低コストに大量のデータを取得することが可能です。

ゲノム情報の無い生物種の場合には新規ゲノム構築(ゲノム de novo シーケンス)のご提案をさせていただきます。新規ゲノム構築の場合、推定ゲノムサイズの100倍以上のデータ取得が必要になります。目的や推定ゲノムサイズに応じて、本項でご紹介のNovaSeq6000 (Illumina 社) を用いたショートリードのシーケンスに加えて、p.7に掲載の PacBio® (Pacific Biosciences 社) を用いたロングリードのシーケンスのご提案が可能です。

ゲノム配列が既知の生物種については、お手元の個体や株について、ゲノム変異解析の実施が可能です。ゲノム変異解析の場合は、ゲノムサイズの30倍程度のデータを取得して、ご指定のリファレンスに対してマッピングを行い、SNPsや数塩基のInsertion/Deletion (small In/Del) の解析が可能です。ヒトのデータ解析の場合には、CNV (Copy Number Variation) およびSV (Structural Variation) の解析も可能です。



- ▶ サンプル量条件
 - ・ゲノムDNA (1 µg 以上)
- ▶ ライブラリー調製に使用するキット
 - ・TruSeq DNA PCR-free Library
 - ※ TruSeq DNA nano Kitの選択も可能です
- ▶ シーケンス条件
 - ・使用装置：NovaSeq6000 (Illumina)
 - ・150bp, paired end

DNA-Seq (NovaSeq6000)

項目名	キャンペーン価格(税別)	
4Gb/サンプル	¥ 45,000	
ライブラリー調製	45Gb/サンプル	¥ 86,500
シーケンス	90Gb/サンプル	¥ 122,500
	135Gb/サンプル	¥ 180,000
データ解析	ヒト (SNPs, small In/Del, CNV, SV)	¥ 20,000
	ヒト以外 (SNPs, small In/Del)	¥ 40,000
データ納品用ハードディスク	¥ 30,000	

納品物について

各種アプリケーションに適した解析データやワークフローの概略を直感的に見て頂きやすいグラフや図とともに納品いたします。

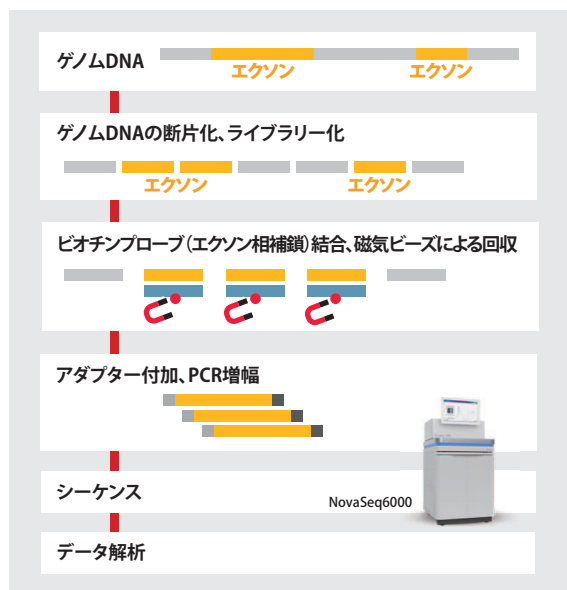


レポート例が必要な場合はお問い合わせフォームやメールよりご連絡ください！

エクソーム解析

[お問い合わせはこちら](#)

ゲノムDNAからシーケンス用のライブラリーを調製する際に、プローブを利用してエクソン領域を限定的に回収してサンプル調製を進める手法です。ホールゲノム解析よりも低コストにデータを取得することが可能です。ご希望に応じて、データ解析 (SNPs, small In/Del) の実施も可能です。



▶ サンプル量条件

- ・ゲノムDNA (1 µg 以上)

▶ ライブラリー調製に使用するキット

- ・ヒト : Agilent SureSelect Human v6 (UTR 無し)
 - ・マウス : Agilent SureSelect Mouse All Exon Kit
- ※上記以外のキットの使用を希望される場合には、ご相談ください。

▶ シーケンス条件

- ・使用装置 : NovaSeq6000 (Illumina)
- ・7 Gb/サンプル, 150bp, paired end

エクソーム解析

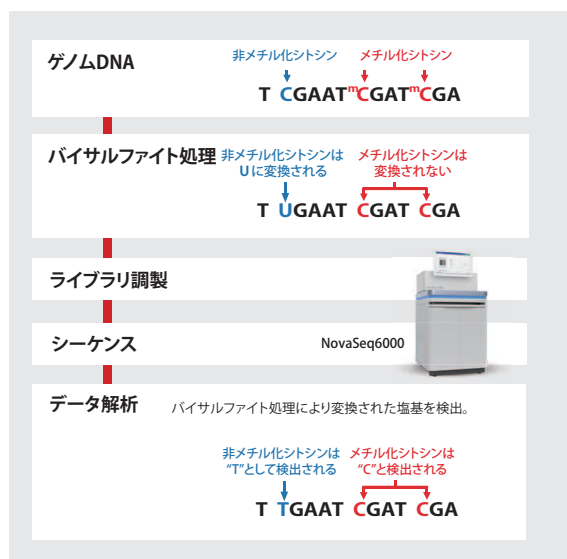
項目名		キャンペーン価格 (税別)
ライブラリー調製・シーケンス	ヒト	¥ 43,500
	マウス	¥ 48,000
データ解析 (SNPs, small In/Del)		¥ 15,000

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥ 30,000 (税別) が必要です。

メチル化解析 (バイサルファイトシーケンス)

[お問い合わせはこちら](#)

バイサルファイト処理をしたゲノムをシーケンスすることで、メチル化された塩基を解析できる手法です。ゲノムサイズの50~60倍程度のデータを取得することが推奨されます。ヒトの場合 (ゲノムサイズ約 3 Gb)、150 Gb/sample のデータを取得する事が推奨仕様です。



▶ サンプル量条件

- ・ゲノムDNA (0.3 µg 以上)

▶ ライブラリー調製に使用するキット

- ・EZ DNA Methylation-Gold Kit
- ・Accel-NGS Methyl-Seq DNA Library Kit

▶ シーケンス条件

- ・使用装置 : NovaSeq6000 (Illumina)
- ・150 Gb/サンプル, 150bp, paired end

メチル化解析 (バイサルファイトシーケンス)

項目名		キャンペーン価格 (税別)
ライブラリー調製・シーケンス (150Gb/サンプル)		¥ 212,000
データ解析		¥ 82,000
データ納品用ハードディスク		¥ 30,000

※ヒト以外の生物種の対応も可能です。推定ゲノムサイズをお知らせ下さい。
 ※データ解析の実施には、解析に使用するリファレンス配列のご指定をお願いします。
 ※サンプル間のメチル化比率の比較は、別途の費用での解析となります。

DNA メチル化

DNA メチル化は DNA 配列の変化を伴わずに、様々な生命現象の遺伝子発現や表現型に関わる制御機構です。DNA メチル化は CpG アイランドと呼ばれるシトシンの次にグアニンが現れるタイプの 2 塩基配列の部分などにメチル基が付加される化学反応であり、エピジェネティクスに深く関与しています。

この DNA のメチル化解析を、バイサルファイトシーケンスにより実施しています。

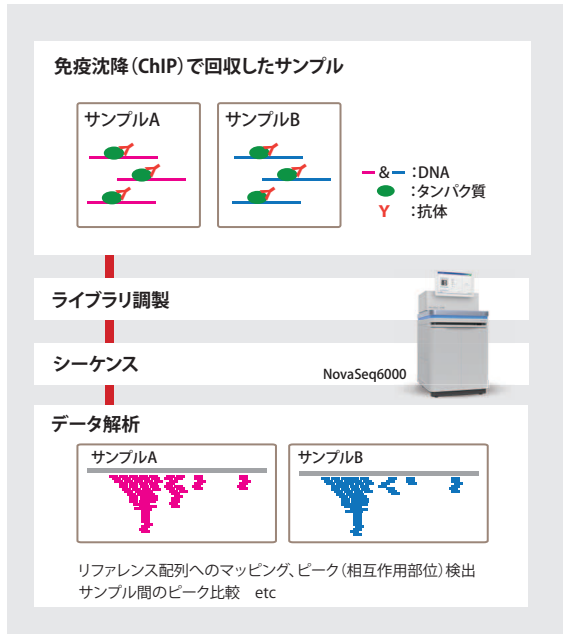
ゲノム DNA に対してバイサルファイト処理を行うと、メチル化シトシンは変換されず、非メチル化シトシンがウラシルに変換されます (シーケンス反応ではウラシルはチミンとして検出されます)。このようにメチル化シトシンが変換されないことを利用し、処理前後のシトシン/ウラシル (チミン) の配列差を見分けることで、塩基レベルでメチル化の有無や部位を精度良くゲノムワイドに解析します。また、各塩基におけるメチル化の有無の比率をリード数から算出することで、メチル化修飾率を定量的に解析することも可能です。

その他のアプリケーション

ChIPシーケンス

お問い合わせはこちら

クロマチン免疫沈降(Chromatin immunoprecipitation、略称 ChIP)は、抗体を用いて特定のタンパク質に結合(相互作用)するDNA領域を回収する手法です。ChIPシーケンスは、クロマチン免疫沈降(ChIP)と次世代シーケンスを組み合わせることによって、転写調節因子やクロマチン結合タンパク質とDNAの結合部位を解析する手法です。



- ▶ サンプル量条件
 - ・ChIPで回収したDNA(10 ng 以上)
- ▶ ライブラリ調製に使用するキット
 - ・TruSeq ChIP Library
- ▶ シーケンス条件
 - ・使用装置: NovaSeq6000 (Illumina)
 - ・6 Gb/サンプル, 150bp, paired end

ChIPシーケンス

項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 44,000
データ解析(マッピング、ピークコール)	¥ 40,000

納品はウェブからのダウンロードです。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途¥30,000(税別)が必要です。

※ChIPで回収したDNAのご提供を頂き、ライブラリ調製・シーケンスを行いますので、取得されるデータの保証はできません。

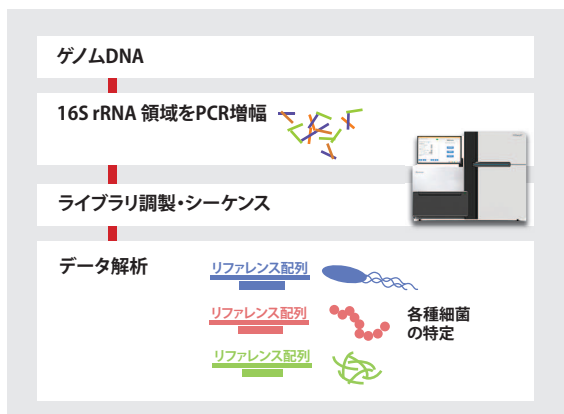
ChIP シーケンス

クロマチン免疫沈降により得られた ChIP 産物をシーケンスすることで得られたリード情報は、特定タンパク質の結合領域を指し示す配列情報の集合体です。リード情報をリファレンスに対してマッピングした場合、リードの集中する箇所が結合領域としてピーク状に検出されます。この領域情報、ピークコールなどの結果を納品します。

メタゲノム解析(16S rRNA領域の細菌叢解析)

お問い合わせはこちら

多様な微生物が含まれている微生物集団サンプルについて、16S rRNAをコードしているゲノムDNA領域を増幅したPCR産物(アンプリコン)のシーケンスを行います。得られた膨大なリードデータから16S rRNAデータベースに対して検索および系統解析を行い、菌叢解析を実施します。



- ▶ サンプル量条件
 - ・形態 : ゲノムDNA(精製済み)
 - ・必要量 : 60 ng以上
 - ・濃度 : 2 ng / μ l 以上
- ▶ シーケンス条件
 - ・使用装置 : Illumina MiSeq
 - ・データ量 : 約10万リード/サンプル, 300 bp, paired end

メタゲノム解析

項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製・シーケンス	¥ 15,000
データ解析(OTU解析)	¥ 78,000

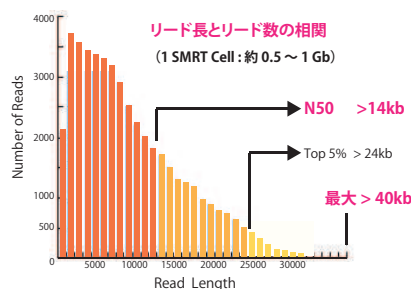
お問い合わせはこちら

PacBio® シーケンス解析

PacBio®解析の最大の特徴は、従来のシーケンサーに比べて圧倒的に長いリードを取得できる点です。

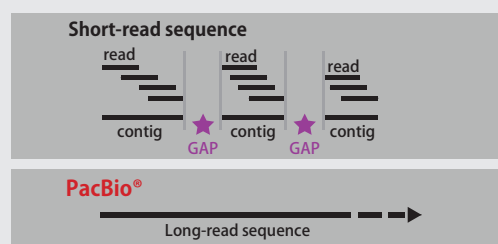
PacBio® RS II では、最大リード長40kb、平均リード長10kb以上でシーケンスが可能ですので、ゲノムサイズが数 Mb 程度のバクテリアのゲノム解析に最適です。

取得データ量の大きな PacBio®Sequel、PacBio®Sequel II を利用することで、スプライシングバリエントを解析する Iso-Seq や、リピート配列の解析、ドラフト配列のギャップクローリング等の解析が可能です。



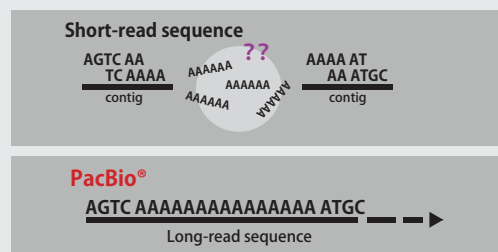
完全長ゲノムDNAの作成

ショートリードから作成したコンティグをつなげる従来法では埋まりきらないGAPが発生してしまいが、PacBio®解析では起こりにくい。



リピート配列のシーケンス

ショートリードだと長いリピート配列を繋げられないが、リードサイズが大きいPacBio®解析ではリピートエリア全体の配列決定が可能。



▶ サンプル量条件

- ゲノムDNA 8ug 以上
- ※ Sequel II (HiFi Read) の場合は16ug 以上

PacBio® RS II

項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製 (1ライブラリ: 8cell分)	¥ 55,000
シーケンス (700-800 Mb程度/ cell)	¥ 64,000

PacBio® Sequel

項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製 (1ライブラリ: 2cell分)	¥ 62,500
シーケンス (6-9 Gb程度/ cell)	¥ 238,500

PacBio® Sequel II

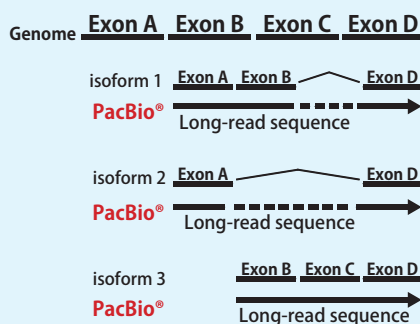
項目名	キャンペーン価格(税別)
ライブラリ調製 (1ライブラリ)	¥ 62,500
シーケンス: CLR Read (100 Gb程度/ cell)	¥ 528,000
シーケンス: HiFi Read (15-20 Gb程度/ cell)	¥ 528,000
データ納品用ハードディスク	¥ 30,000

- ※ 上記にはデータ解析の費用は含まれません。データ解析(アセンブル)には別途費用が必要です。
- ※ RS II およびSequelの場合、納品はウェブからのダウンロードとなります。ハードディスクでの納品を希望される場合には、別途 ¥30,000 (税別) が必要です。

mRNA アイソフォームのリストアップ (Iso-Seq)

ショートリードを繋げる従来の次世代シーケンサーを用いた RNA-Seq では、アイソフォーム (スプライシングバリエント) の判別が困難でした。

それに対し、超ロングリードの PacBio® シーケンスでは、1つのリードで mRNA 分子全体を網羅することができる (mRNA の全長を1リードでシーケンスできる) ため、多様なアイソフォームが混在する場合でも、それらを全て見分けることができ、アイソフォームごとの発現解析を高精度に実施することができます。



次世代シーケンス 受託サービス お問合せ

専用お問合せフォームからご検討内容をお知らせください。

営業担当または分析担当者より連絡させていただきます。



お客様の声をお聞かせください!

ご意見・ご感想、論文掲載情報、実施例等



株式会社アンテグラル
〒771-0360
徳島県鳴門市瀬戸町明神
字板屋島 124-4

<https://bio.integrale.co.jp/>

- Mail: bio@integrale.co.jp
- Tel: 088-683-7211
- Fax: 088-683-7212

[注意事項] 希望販売価格は参考であり、販売店からの販売価格ではありません。記載の希望販売価格は2020年11月1日現在の希望販売価格です。予告なしに改定される場合がありますので、ご注文の際にご確認ください。

販売店