GENEWIZ®

ジーンウィズの 次世代シークエンシング 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
- 全ゲノムseq
- エクソームseq
- TargetGxOne™パネル
- カスタムアンプリコンseq
- ロングリードシークエンシング

✓ 新規ゲノムの解読
- 全ゲノムシークエンシングによる新規ゲノムアセンブリ
- ロングリードシークエンシングを利用したゲノムアセンブリ

✓ 遺伝子発現解析
✓ 新規転写産物の同定
- ストランド特異的RNA-seq
- 標準RNA-seq
- Small RNA-seq
- Non-coding RNA-seq

✓ 遺伝子制御機構の解明
- バイサルファイトseq （DNAシトシンメチル化解析）
- ChIP-seq / RIP-seq （タンパク質とDNA/RNAの相互作用、ヒストン修飾の解析）

✓ がん関連遺伝子の変異の同定
- 全ゲノムseq
- 全エクソームseq
- がんパネル
- がんアンプリコンseq

✓ 極微量のRNAあるいは少数細胞からの発現解析
- Ultra-Low Input RNA-seq

✓ 1細胞レベルでのハイスループットな遺伝子発現解析
- Single Cell RNA-seq

✓ 抗体スクリーニング
✓ レパトア解析
✓ トランスジーン挿入部位の同定
✓ CRISPRジェノタイピング： GenoTYPER-NEXT™

✓ 微生物、真菌、細菌叢の解析
- 16S rRNA MetaVx™
- 18S/ITS rRNAアンプリコンseq
- 全ゲノム解析によるメタゲノミクス
- メタトランスクリプトーム

目的に応じて選べる最新鋭のプラットフォーム

Illumina HiSeq X Ten	出力モード	2x 150 bp（高出力）		
	リード数 / データ量	3.5億 PEリード / 106 GB		
	用途例	大規模な全ゲノム解析		
Illumina HiSeq4000	出力モード	2x 150 bp（高出力）		
	リード数 / データ量	2.6億 PEリード / 78 GB		
	用途例	RNA-seqなど		
Illumina HiSeq2500	出力モード	2x 250 bp（高速）	2x 100 bp（高出力）	1x 50 bp（高速）
	リード数 / データ量	1.5億 PEリード / 75 GB	2.6億 PEリード / 52 GB	1.5億 SR / 7.5 GB
	用途例	全ゲノム解析など	RNA-seqなど	Small RNA-seqなど
Illumina MiSeq	出力モード	2x 300 bp	2x 250 bp	2x 150 bp
	リード数 / データ量	2,500万 PEリード / 15 GB	1,600万 PEリード / 8.0 GB	1,500万 PEリード / 4.5 GB
	用途例	微生物などゲノムサイズの小さい生物種、アンプリコンシークエンシング		
PacBio Sequel	リード数 / データ量	最大50万リード / 5-8 GB	平均 / 最大リード長	10 Kb / 約60 Kb
	用途例	ロングリードを生かした新規の全ゲノム配列同定、構造多型の検出		
10x Genomics Chromium	特長	最大10,000細胞に個別のインデックスを付加、各細胞ごとにライブラリーを調製。 1細胞レベルの解像度でDNA、RNAの解析が可能に。		

Illuina HiSeq X Ten

New!

PacBio Sequel

New!

10x Genomics Chromium

＊ 上記リード数およびデータ量は、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クエ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。

illumina CSPro CERTIFIED SERVICE PROVIDER

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、目的に応じて解析領域を選択できます。

全ゲノム（3 Gb） → 全エクソーム（60 Mb） → カスタムパネル → アンプリコン（500 bp）

ターゲットリシークエンシング

＊ 括弧内数値は、ヒトを例にした場合のシークエンシング対象領域のサイズ

❑ 各オプションの特長、使用例および推奨プラットフォーム

➢ 全ゲノムシークエンシング（リファレンス配列が利用できる場合）

- 従来の遺伝的マッピングによる突然変異箇所の同定作業を加速。
- 近縁種間や交配種での有用形質と遺伝子多型の相関を探索。
- 体質や疾患に関連する遺伝子の大規模な研究に。
- HiSeq X Ten 150 bpペアエンド構成、30xのカバレッジ（シークエンシング深度）を推奨。

➢ 全エクソームシークエンシング（ヒト、マウスなど）

- 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）のみをシークエンシング。
- 全ゲノムシークエ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。
- ヒトの疾患に関連する変異の85%は、エクソームに存在。
  そのため、対費用効果的かつ効率的に変異や多型を同定することが可能。
- 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。
- 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。

➢ TargetGxOneカスタム遺伝子パネル ― 特定の遺伝領域のリシークエンシング

- ご希望の領域、例えば、ある疾患関連の遺伝子群のみシークエンシング。
- がん疾患についてはすでに整備済み、すぐにご利用が可能（下記参照）。
- 特定領域の濃縮にはAgilent社のSureSelect Target Enrichment Kitを使用。

➢ アンプリコンシークエンシング ― 特定の変異部位の解析

- 特定領域のPCRによる増幅産物（アンプリコン）をシークエンシング。
- 変異や多型のホットスポットでの、塩基置換や数bpの挿入欠失を同定。
- Illumina MiSeq推奨（標的領域のサイズにより、150-300 bpのペアエンド構成を選択）。

OncoGxOne Discoveryがんパネル ― GENEWIZ独自開発のがんパネル

対象となるがん関連遺伝子の数	150-400
対応しているがんの種類	19種類
標的となる領域	エクソン、イントロン、非翻訳領域 （5.4 Mb）
検出できる変異の種類	・点変異 ・挿入欠失 ・構造変異 ・コピー数多型
標的領域の濃縮方法	Agilent SureSelectXTによる濃縮
必要なDNA量	50ng（FFPEにも対応）

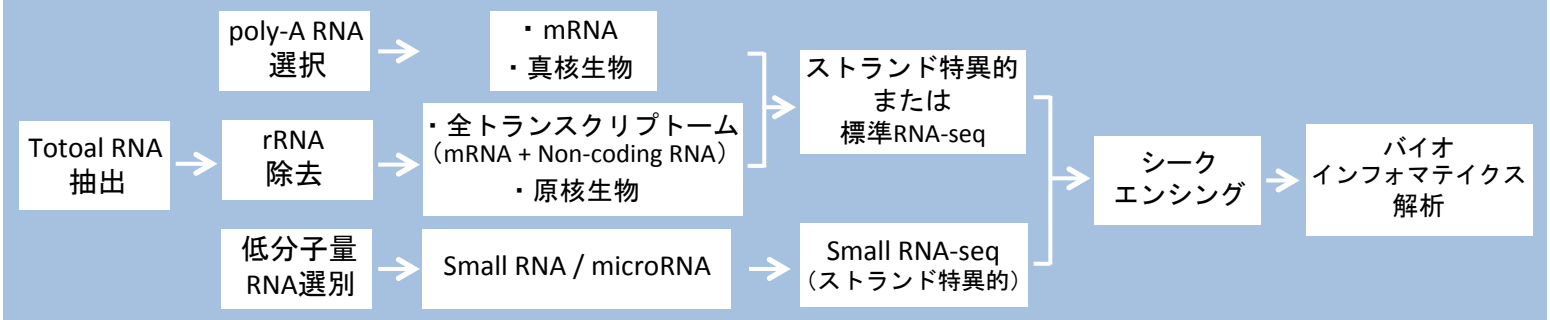
がんの種類に応じて個別のパネルをご用意

膀胱がん	脳腫瘍	乳がん
子宮頸がん	結腸直腸がん	子宮内膜がん
食道がん	胃がん	頭頸部がん
腎臓がん	白血病	肝臓がん
肺がん	リンパ腫	黒色腫
卵巣がん	膵臓がん	前立腺がん
甲状腺がん	カスタムで追加も可能です！	

特定部位の多型検出には、PCRアンプリコンを用いたIllumina TruSeq Ampliconがんパネルもご利用可能です。

RNA-seq ― 遺伝子発現解析から新規転写産物の同定まで

― 目的に応じたライブラリー調製 ―

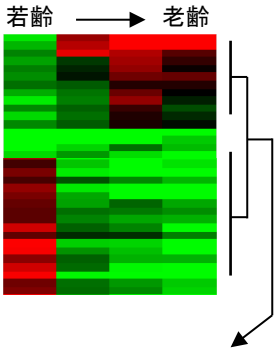


＊Non-coding RNAには、Long Non-Coding RNA (lncRNA)およびcircular RNA (circRNA)を含みます。

❑ 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違を調べることで、原因遺伝子の生物学的機能と下流の遺伝経路を推定。
- 近縁種間およびその交配種での遺伝子発現を比較することにより、例えば、栽培品種としての有用性に関わる遺伝子を同定。
- 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、投薬による効果を分子レベルで解明。

加齢に伴い発現量の変化する遺伝子群のクラスタリング解析



発現量が上昇、減少する遺伝子群について、遺伝子オントロジー解析を実行。
老化に関わる代謝やストレス応答遺伝子、および関連する遺伝子回路を体系的に同定。

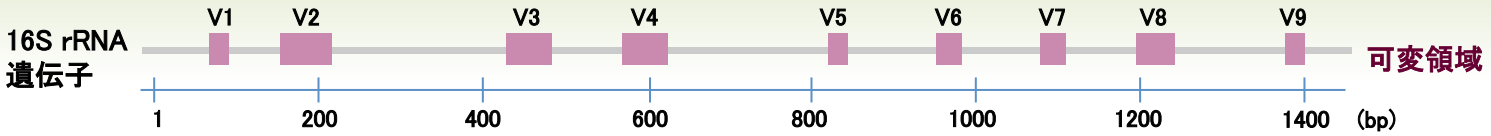
❑ マイクロアレイとの違い

- 新規転写産物やアイソフォームの同定が可能。
- ごく微量から高発現量の遺伝子まで、より定量的な解析が可能。

❑ 推奨シークエンシング条件

- 高等真核生物の遺伝子発現解析を目的にしたRNA-Seqでは、1サンプルあたり2,000万PEリードを推奨。

16S rRNA MetaVx™ ― アンプリコンシークエンシングによる細菌叢解析



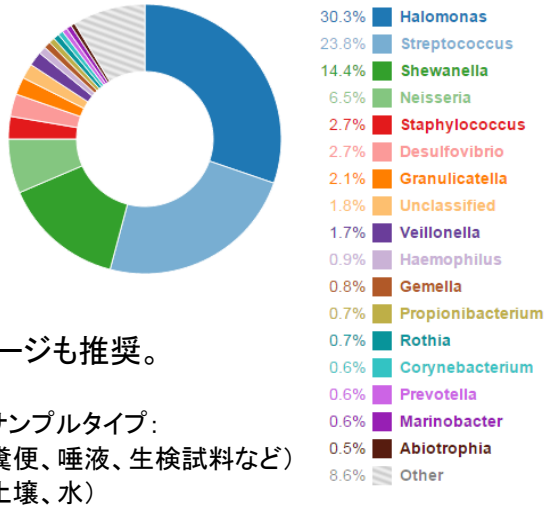
❑ 特長：

16S rRNA遺伝子のV4可変領域に加え、V3領域を同時解析。
検出できる細菌種が以前の4倍に。

❑ 使用例：

- 各種検体中に存在する細菌群の相対的な割合を解析。
- 腸内細菌叢と体質や生活習慣病との関連、また環境検査や食品衛生検査にもご利用が可能。
- カビなど真菌類の検出には、18S/ITS rRNA遺伝子領域に特化したアンプリコンシークエンシングもご利用可能。
- より包括的な微生物・細菌叢の理解には、53,000以上のゲノムを解析対象にした、全メタゲノミクス解析パッケージも推奨。

サンプル中における各細菌種の相対的割合（下記図）や複数のサンプル間での相違を解析データとして納品



❑ 推奨プラットフォーム：

Illumina MiSeq 300 bp ペアエンド構成

ご提出可能なサンプルタイプ：

- 生物検体（糞便、唾液、生検試料など）
- 環境検体（土壌、水）
- その他検体についてはお問い合わせください。

❑ 参考文献：

Checinska A et al., *Microbiome* (2015)

プロジェクトのご相談

核酸抽出 QC

ライブラリー調製

シークエンシング

データ解析

アフターサポート

- 一貫したサービス
- Ph.D.レベルの日本人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）

1サンプルあるいは1レーンからだけでなく、
データ量単位でもご注文いただけます
（HiSeq 150 bp PE構成のシークエンシングのみ）

シークエンシングのみ		
HiSeq X Ten 150 bp PE 構成	1レーン（約106 GB）	216,000円
	データ量1 GB	2,400円
ライブラリー調製とシークエンシング		
ヒト全ゲノムseq（BI解析込み）	1サンプル（30xカバレッジ；データ量90 GB）	188,000円
ヒト全エクソームseq（BI解析別）	1サンプル（2,000万PEリード；データ量6 GB）	80,000円
RNA-seq （poly-A選択、BI解析別）	1サンプル（2,000万PEリード；データ量6 GB）	60,000円
16S rRNA 細菌叢解析（BI解析込み）	1サンプル（標準3万PEリード）	15,000円
バイオインフォマティクス（BI）解析		
ヒト全エクソームseq	1サンプル（遺伝子多型の一覧表示など）	20,000円
RNA-seq	1サンプル（発現量、新規転写物及びGO解析）	30,000円

- 上記の価格例は、税別の参考価格です。ご注文数、解析のオプションなどによって価格は変動します。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。
- ライブラリー調製からシークエンシングまでの納期は通常4–6週間、また解析に2–3週間を要します。

New!

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

- ロングリードシークエンシングは、逆位、転座など大規模な構造改変を伴う多型の解析のほか、完全長cDNAの同定や新規転写産物、アイソフォームの検出にも有効。

New!

10x Genomics Chromium

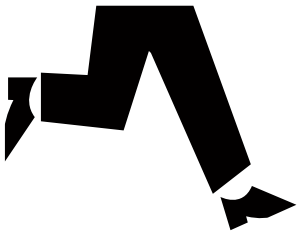
1細胞レベルの解像度で高出力な解析

- ガンの引き金となる体細胞変異の同定に
- 免疫細胞の高解像度なレパトア解析に
- 細胞集団での細胞毎の遺伝子発現解析に

サンプル提出要件の概要：
- 単離細胞 >25,000 cells/ 500ul (最小要件)
- 培地あるいは凍結保存液に懸濁

業界最速、最短5日！

FAST



- **5日間、超特急シークエンス解析**
  — シークエンシングのみ（下記予定表を参照）、360,000円
- **10日間、特急シークエンス解析**
  — シークエンシングのみ（いつでも受け付け）、270,000円
- **12日間、全ゲノムシークエンス解析**
  — ライブラリー調製からシークエンシングまで、405,000円

日曜日	月曜日	火曜日	水曜日	木曜日	金曜日	土曜日
			ご注文依頼（午前中）	サンプル発送		サンプル到着
	シークエンス解析開始	→			シークエンス完了、納品	

- Illumina HiSeq 2x 150 bp、1レーン単位でのご提供 （インデックスライブラリーはあらかじめプールして送付）。
- 短納期を実現するため、弊社中国蘇州のラボで解析を実施。
- 上記の価格は、送料込みの、税抜き表示です。
- シークエンシングのみのサービスには別途、品質確認の費用（1レーンあたり3,600円）がかかります。

日本ジーンウィズ株式会社

〒333-0844 埼玉県川口市上青木3–12–18
埼玉県産業技術総合センター内 508号室（オフィス）・553号室（ラボ）

お問い合わせ先：
電話：048-483-4980 Eメール： Business.Japan@genewiz.com

グローバルを生かした最先端の技術
Ph.D.レベルの日本人スタッフによる安心のサポート
高い品質と短い納期

DNAシークエンス解析（国内ラボで、土曜も実施！）
人工遺伝子合成サービスも好評です。