

株式会社ジーンベイの 次世代シーケンス解析サービス

すべてのシーケンサー機種に対応し、
お客様の目的とご予算に適したサービスをご提案いたします。

ジーンベイの強み

- ・産官学における 200 以上の顧客に対する受注実績
- ・医療分野から環境分野まで広範に及ぶ顧客層にサービスを提供
- ・ライフサイエンス分野で 10 年以上の経験と実績を持つ専門家集団
- ・生命科学、情報科学、IT 技術、ソフトウェア開発における高度な専門知識と技術
- ・ウェット実験からドライ解析まで、トータルソリューションの提案コンサル

ジーンベイの顧客の主な事業／研究領域



医療



製薬



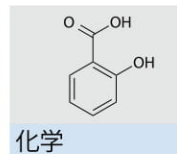
食品



エネルギー



環境



化学



農学

取扱製品・サービス

シーケンシング

国内外 5 社のサービスプロバイダーと提携し、お客様のニーズに最適なプロバイダーを起用

提供機種

Illumina
MiSeq, HiSeq, HiSeq X,
NovaSeq,
10X Genomics
MGISEQ(DNBSEQ)
PacBio RSII,
Sequel, Sequel II
GridION X5
PromethION



データ解析

多種多様な解析目的、シーケンサーに対応し、カスタム解析も提供可能

提供解析例

アセンブリー
変異解析
発現解析
メタ 16S 解析
メタゲノム解析
メタトランスクリプトーム解析
遺伝子アノテーション解析
ジェノタイピング解析

DeNovaMAGIC™

解析システム

ビューワー環境から解析サーバー、DB システムまで豊富なラインナップ

- ・ゲノムビューワーシステムの構築



- ・ゲノムデータベースシステム

ゲノムデータ
GIGS ベースプラットフォーム

GiNeS NGS 解析データクラウド

ストレージ型
NGS 解析システム

ナノポアシーケンス受託サービス 全ゲノムシーケンス解析

Oxford Nanopore Technologies 社の最新ナノポアシーケンサーを用いた全ゲノムシーケンス解析を提供します。



■ 解析用途

- ・新規ゲノム配列決定
- ・構造変異解析
- ・SNV/Indel フェージング解析
- ・メチル化解析

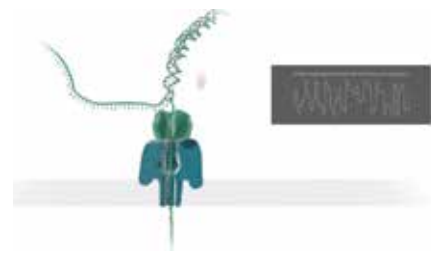
■ 選択できるライブラリー調製法と必要 DNA 量

キット名	必要 DNA 量	リード長	スループット
Ligation Sequencing Kit	1 μ g (推奨 3 μ g)	++	+++
Rapid sequencing Kit	400ng (推奨 1.2 μ g)	+	+
Ultra-Long DNA Sequencing Kit	40 μ g	+++	++

※ リード長やスループットは、DNAの品質等により異なります。

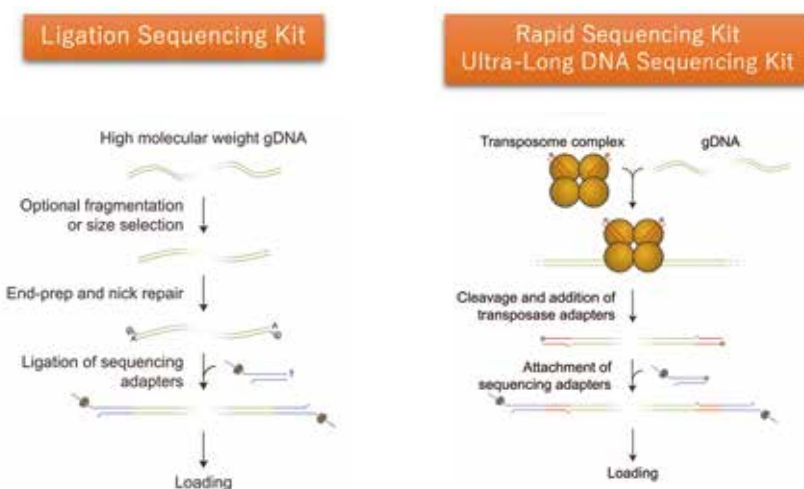
■ ナノポアシーケンサーの原理

Oxford Nanopore Technologies 社が提供するシーケンサーは、DNA 分子や RNA 分子がポリマー製の膜に埋め込まれたタンパク質ポアを通過する際に起こる電位の変化を計測することで、塩基配列を同定します。既存のシーケンサーで使用されていた蛍光色素や DNA ポリメラーゼを使用しないことから、装置の小型化に成功するとともに、比較的少量のサンプルから非常に長い配列が得られることが特徴です。



■ ライブラリー調製

解析目的と DNA 量およびご予算に合わせて、ライブラリー調製法を選択いただけます。



■ 受託可能サンプル

- ・抽出済み DNA
- ・PCR 増幅産物
- ・細胞 / 血液 / 組織検体
- ・調製済ナノポアライブラリー

■ 受託可能解析単位

- ・セル単位シーケンス
- ・Gb 単位シーケンス

■ 納品物

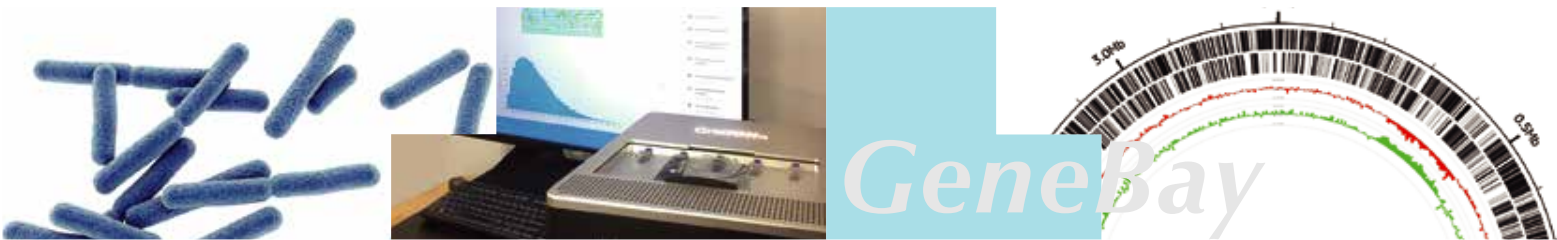
- ・報告書
- ・解析データ
FASTQ ファイル
FAST5 ファイル

■ 納期

3~8 週間

お問い合わせ：customerservice@genebay.co.jp
株式会社ジーンベイ 〒222-0033 神奈川県横浜市港北区新横浜 3-8-8 日総第 16 ビル 401
TEL : 045-534-7647

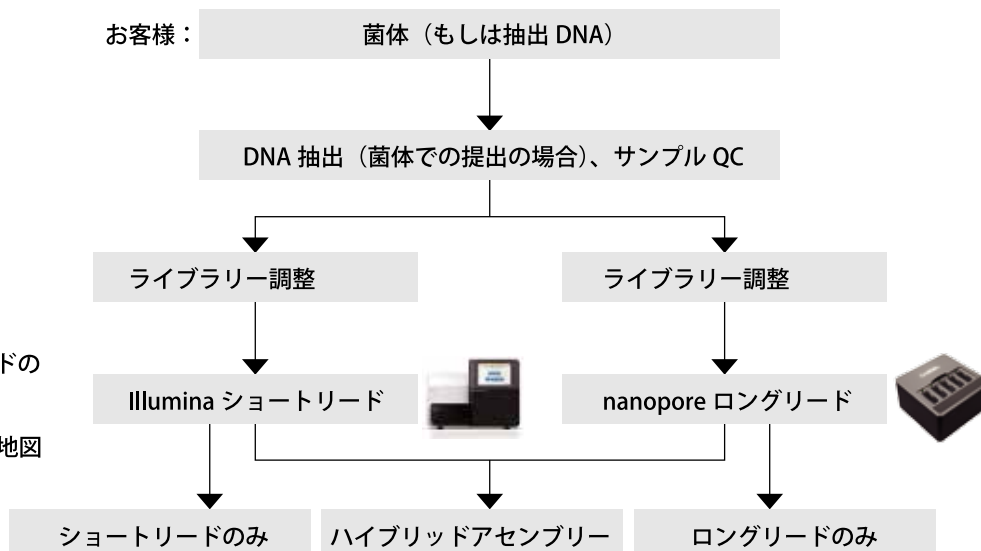




解析例：バクテリアゲノムのアセンブリ解析

解析内容

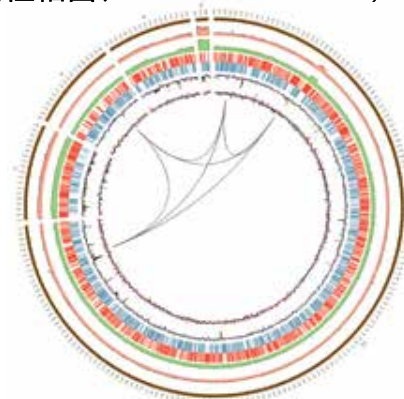
1. DNA 抽出
2. ライブラリー調整
3. シーケンシング
(nanopore & Illumina)
4. アセンブリ解析
 - ・ショートリードのみ
 - ・ロングリードのみ
 - ・ショートリードとロングリードのハイブリッドアセンブリ
5. アノテーションと染色体遺伝子地図



事例 1 : Deinococcus 属細菌 (グラム陽性細菌、GC content : 70%)

アセンブリ結果

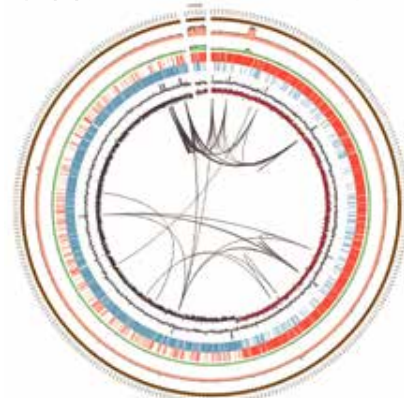
配列名	環状化	コンティグ長
1	✓	3,328,890
2	✓	368,846
3	✓	346,815
4	✓	327,992
5	✓	47,405



事例 2 : Clostridium 属細菌 (グラム陽性細菌、GC content : 30%)

アセンブリ結果

配列名	環状化	コンティグ長
1	✓	6,118,478
2	✓	100,929



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！