トランスクリプトームの全長解析
Iso-seq解析

対象生物	真核生物のみ cDNA 合成に oligo dT を用いているので、polyA を持たない生物はライブラリー調製できず解析不可となります。
価格（税別）とデータ量	10 万リード 150,000 円 / サンプル 100 万リード 420,000 円 / サンプル 200 万リード 525,000 円 / サンプル 500 万リード程度（1 セル占有）※6 800,000 円 / セル 2025.05 お試しプラン♪ 10万リード 登場 取得データ量は全遺伝子数の 20-50 倍が目安です。
納期	30営業日　※3 セル以上の場合は要相談
作業内容	・送付サンプル（トータルRNA）の品質確認 ・オリゴdTプライマーでcDNA合成 ・シーケンスライブラリー作製 ・シーケンシング解析（PacBio Revio） ・データ解析 リードの振り分けおよびIndex配列の除去を行った後、完全長リードのノイズを除去します。Iso-Seq3を用いて、フィルタリングした完全長リードをクラスタリングします。 その後、参照配列がある場合は、pbmm2を用いてクラスタリングしたhq.fastaを参照配列にマッピングを行います。Iso-Seq3を用いて、固有のアイソフォームに分類します。参照gtfもある場合は、SQANTI3を用いて、統合したアイソフォームをアノテーションします。
ご提供サンプル	トータル RNA 1 ug 以上 /1 セル（＞50 ng/ul、＞20 ul） ※RNase-free water に溶解した状態で冷凍便を使用して送付ください。
納品物	以下のデータをDVDやUSB等の記録媒体に保存して納品します。 ・シーケンス生データ（fastq＆bam形式） ・クラスタリングの結果（エクセルファイルとfasta形式） ・DDBJのデータベース登録に必要なデータ → 参照配列がなければ納品物はこの 3 点のみです ・固有のアイソフォームの分類データ(gff形式など) ・Mappingの結果(bam形式) ・参照配列（fasta&fasta.fai形式） → 参照配列があるが、参照gtfがなければ、上記 3 点に加え、この 3 点も納品します ・Annotation結果（エクセルファイル） ・参照遺伝子アノテーション（gtf形式） → 参照配列とgtfともがあれば、上記6点に加え、この 2 点も納品します
ご依頼の流れ	まずは弊社HPのお問合せフォームからお見積りをご依頼ください。

※6　サンプルに依存するため、データ量の保証はできません。また、1 サンプル分のライブラリー調製費用は上記に含まれています。複数サンプルご依頼の場合は、2 サンプル目以降からライブラリー調製費用 100,000 円 / サンプルが別途必要です。

オプション（RNA抽出）

項目	備考	価格（税別）	追加納期
RNA抽出	QIAGEN社のRNeasy等を使用して、トータルRNAを抽出します。 ▼ご提供サンプル量の目安 細菌　細胞数 1×10^9程度、湿重量 20 mg程度 酵母　細胞数 5×10^7程度、湿重量 25 mg程度 植物（葉）　湿重量 50 mg程度、直径1.5cm 動物細胞　細胞数 1×10^7程度、湿重量 20 mg程度 動物組織　湿重量 20 mg程度 ▼保管温度 ◇ **核酸保存液を添加する場合** 核酸保存液を添加した後、一晩は冷蔵保管（4℃）し、翌日に冷凍保管（-20℃）。 ◇ **核酸保存液を添加しない場合** 採取後すぐに-80℃保管。	20,000円/サンプル	5営業日

ロングリードシーケンサーを用いた遺伝子解析の
ハードルを下げます！

これまでは、コスト的にも、DNA 量的にも高い壁を越えなければならなかった。

もっと気軽にロングリードの解析を！
ショートリードでは見えなかった世界が見えてくる。

生物技研の解析サービス
・ゲノム解析　→本チラシ
・Iso-seq 解析　→本チラシ裏面
・ロングアンプリコン解析　→別チラシ
・メチル化解析→別チラシ

コストを大幅ダウン

2023 年登場の最新機種 Revio を早速導入しました。Revio はランニングコストを抑えられるため、解析費用を下げることが可能になりました！

ゲノム解析に必要な DNA 量が 4 μg から 200 ng に！

PCR を行う微量 DNA 用のライブラリー調製方法が、生物技研のゲノム解析の標準になりました（2023 年 9 月より）。それまで微量 DNA 対応は有償のオプションでしたので、原核生物で 40,000 円、真核生物 50,000 円の追加費用が不要となり、実質的な大幅値下げです。
もちろん、PCR フリーの対応も可能です（追加料金不要、減額もありません）。

PacBio® Revio ゲノム解析の新価格

微量 DNA 用のライブラリー調製（PCR あり）が標準です！

解析対象の目安 or プラン		取得データ量	価格（税別）	納期	納品形態
原核生物	ゲノムサイズ 10 Mb 以下	200 Mb	1~3 サンプルご依頼の場合 120,000 円 / サンプル 4~7 サンプルご依頼の場合 110,000 円 / サンプル 8 サンプル以上ご依頼の場合 100,000 円 / サンプル	原核生物のゲノム解析のみアセンブルまで含まれます※1 35 営業日	ダウンロード（4GB を超える場合は記録媒体に変更となります）
真核生物	ゲノムサイズ 50 Mb 以下	1 Gb	150,000 円 / サンプル	35 営業日	記録媒体
	ゲノムサイズ 100 Mb 以下	2 Gb	225,000 円 / サンプル		
	ゲノムサイズ 100-300 Mb	6 Gb	375,000 円 / サンプル		
	ゲノムサイズ 300 Mb-1Gb	20 Gb	525,000 円 / サンプル		
1 セル占有プラン※2		50 Gb 程度※3	800,000 円 / セル	2 セルまで 35 営業日	

※1　取得データ量 1 Gb 以上でも適用されます。
※2　取得データ量は、ゲノムサイズの 20 倍が目安です。ゲノムサイズに応じて複数セルでのシーケンシング解析が必要になります。
※3　サンプルに依存するため、データ保証はできません。また、1 サンプル分のライブラリー調製費用は上記に含まれています。複数サンプルご依頼の場合は、2 サンプル目以降からライブラリー調製費用 70,000 円 / サンプルが別途必要です。

株式会社 生物技研
〒252-0154　神奈川県相模原市緑区長竹 657
TEL 042-780-8333　FAX 042-780-8334
＜見積り依頼・お問合せ＞ dna@gikenbio.com

HiFiリードを用いた ゲノム解析

ショートリードを用いた従来法に比べ、コンティグの数は圧倒的に少なく、ギャップが生まれにくいです。そのため、完全長ゲノム DNA を目指す場合に非常に有効な手段です。原核生物の場合、ほぼ環状化できています。

作業内容

・送付DNAの品質確認（蛍光法による2本鎖DNAの定量・吸光度によるDNAの定量・純度測定・電気泳動）
・シーケンスライブラリー作製（PCR増幅してライブラリー作製）
・シーケンシング解析（PacBio Revioを用いてHiFiリードを取得）
・アセンブル（オートアノテーション含む）※原核生物のゲノム解析の場合のみ

PCR フリーのライブラリー調製も可能です。お見積り依頼時にその旨お知らせください。

納品物

・報告書
・シーケンス生データ（fastq形式）
・DDBJのデータベース登録に必要なデータ
・アセンブルおよびオートアノテーションデータ ※原核生物のゲノム解析の場合のみ

納品形態はダウンロードまたは記録媒体です。表紙の表をご参照ください。

ご提供サンプル

1. DNA量

濃度 5 ng/ul 以上、総量 200 ng 以上

PCR フリーのライブラリー調製をご希望の場合は、濃度 50 ng/ul 以上、総量 4 ug 以上

※複数セル占有でご依頼の場合は、1 セルごとに 上記の DNA 量が必要です。

2. DNAの品質

受け入れ後の電気泳動装置（Fragment Analyzer）を用いた品質確認で以下すべてを満たすこと
・GQN が 5 以上
・平均長 15 kb 以上
・低分子が見られないこと

＜お客様で事前に確認する場合＞ A260/230 は 2.0 以上、A260/280 は 1.8 以上であること。また、電気泳動で 20 kb 以上にバンドが見えていることが望ましいです。

3.バッファー

ヌクレアーゼ活性を抑えて DNA 分解を抑えられる TE buffer がお勧めです。
TE buffer 以外を使用される場合は、吸光度による純度測定の際のブランク用に溶出バッファー 100 ul 程度をサンプルと一緒にご送付ください。

4.送付方法

保管時と同じ温度帯（冷蔵または冷凍）でお送りください。
また、輸送中の大きな揺れによる物理的なせん断を避けるために、梱包の際はサンプルチューブを緩衝材で包んでご送付ください。

長いリードを得るためには
断片化されていないDNAが
必要ってことらしい

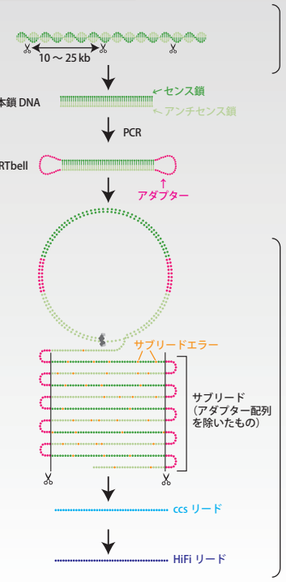
ご提供情報

まずはお見積りをご依頼ください。弊社HPにお見積り依頼フォームをご用意しています。

PacBioのゲノム解析はショートリードでの解析とどう違う？

ライブラリー調製とシーケンシング解析の流れ

① DNA を 10 ～ 25 kb に断片化する
② PCR で増幅する ※PCR ありの場合
③ アダプターを付加する
④ 環状構造になった SMRTbell の DNA 配列をシーケンシングで複数回読む
⑤ サブリード間のコンセンサスをとる
⑥ 平均品質値が 20 以上のリードを HiFi リードとする



Point! 01 長い！

最終的に 10-25 kb のリードが得られます。ショートリードシーケンサーの場合の解析長は最長 500 bp 程度なので、桁違いに長い！

Point! 02 リードの精度がよい！ イルミナ社の ショートリード以上

繰り返し読んだ配列を比較・補正して出力される HiFi リードの精度が高い。イルミナ社のショートリード以上の精度なので、ロングリードのみでアセンブルが可能！リードが長くて精度がよいから、驚くほど短時間でアセンブルが完了します。

HiFi は High Fidelity
（高忠実度、高再現性）
の略語だって

オプション（DNA抽出&データ解析）

	項目	備考	価格（税別）	追加納期
	DNA抽出（ロングリード用）	Genomic-tip（QIAGEN）等の長鎖 DNA 用抽出キットを用いて、DNA 抽出を行います。 ●菌体の場合 ご提供いただくサンプル量の目安は、細胞数 5×10^9 以上、湿重量 100 mg 以上です。ただし、菌種によっては DNA 抽出効率が悪いものもありますので、多めに送付していただくのがよいです。また、死菌が増えてくると DNA が断片化されてしまいますので、死菌の少ない対数増殖期に集菌をお願いします。菌体ペレットを -80℃保管後、ドライアイスを同梱して、冷凍便でお送りください。 ●菌体以外の場合 菌体と同様、多めにご送付ください。採取後速やかに -80℃保管後、ドライアイスを同梱して、冷凍便でお送り下さい。	30,000円/サンプル	5営業日
原核生物のゲノム解析	マニュアル アノテーション	オートアノテーションから得られた予測遺伝子をKEGGやGOデータベースに登録されている配列と比較することで、得られた予測遺伝子にKEGG_IDやGO_IDを対応させます。	50,000円/サンプル	5営業日
原核生物のゲノム解析	アノテーション解析（二次代謝）	antiSMASHを使ってゲノム配列から二次代謝系遺伝子のアノテーションを行います。	10,000円/サンプル	なし
原核生物のゲノム解析	アノテーション解析（抗生物質耐性）	AMRFinderPlusとResFinderを使ってゲノム配列から抗生物質耐性遺伝子のアノテーションを行います。	10,000円/サンプル	なし
原核生物のゲノム解析	ANI ※4 (Average nucleotide identity)	アセンブル後の配列同士をアライメントし、類似度を計算します。比較する菌株が同種であるか確認するのに有効な解析です。	10,000円/解析	なし
原核生物のゲノム解析	wgMLST※4 (Whole genome multilocus sequence typing)	アセンブル後の配列を使って、ゲノムワイドに遺伝子型の判定をします。	10サンプルまで一律 40,000円 11サンプル以上の場合、+2,000円/サンプル	5営業日
真核生物のゲノム解析	アセンブル	HiFiasmによるアセンブルを行います。その後、BUSCOを使ってeukaryotaをモデルにアセンブルされたゲノムデータの完全性を確認します。	30,000円/サンプル	5営業日
真核生物のゲノム解析	AUGUSTUSを用いた 遺伝子予測	アセンブル配列から遺伝子領域を予測し、アノテーションを行います。	20,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	5営業日
真核生物のゲノム解析	RNA-seqを用いた 遺伝子予測	サンプル送付時にトータルRNAも送付いただく必要があります。	40,000円/サンプル ※別途アセンブル費用が必要	5営業日
	SNP/InDel解析	SNPsと短いIndelを検出する解析です。DeepVariantを用いて検出された変異部位をvcf形式で納品します。gff形式(遺伝子位置情報)がある場合は、snpEffを用いて、vcfに対してアノテーションした結果も納品します。	20,000円/サンプル	5営業日 ※1サンプルあたりのデータ量が15 Gb超の場合は、15 Gbあたり+5営業日
	構造変異(Structural variant)解析	挿入や欠失、逆位、重複、転座を検出する解析です。 pbsvを用いて構造多型を検出したvcf形式で納品します。	20,000円/サンプル	
	ヒトタンデムリピート解析	HiFiリードとタンデムリピートジェノタイピングツール（TRGT）を用い、vcfとその情報をまとめた表を納品します。 ＊現在、ヒトゲノムの参照配列hg38のみ対応で、Y染色体の同定には対応してしません。ご依頼する際にサンプルの性別情報をご提供ください（標準は女性として解析を行います）。	20,000円/サンプル	5営業日
ショットガンメタゲノム解析	特定生物由来のリードの除去	取得したリードから特定の生物のリードを除去します。 例1）ヒト糞便サンプルから腸内細菌を解析する場合に、大量に含まれているヒト由来のリードを除去する 例2）植物サンプルから共生細菌を解析する場合に、大量に含まれている植物由来のリードを除去する	8サンプルまで一律 50,000円 9サンプル以上の場合、1サンプルあたり+6,250円	8サンプルまで 2営業日 9-20サンプル:3営業日 21-40サンプル:5営業日 41サンプル～:要相談
ショットガンメタゲノム解析	アセンブル・MAGの構築※5	metaMDBGよるアセンブルとポリッシングを行い、PacBio社が開発したHiFi-MAG-Pipelineを用いて、MAG(Metagenome Assembled Genome)を構築します。	8サンプルまで一律 100,000円 9サンプル以上の場合、1サンプルあたり+12,500円	8サンプルまで 10営業日 9-20サンプル:15営業日 21-40サンプル:20営業日 41サンプル～:要相談
ショットガンメタゲノム解析	アセンブル・MAGの構築・遺伝子予測・機能解析※5	構築されたMAGに対して、prokkaによるオートアノテーションを行います。KEGG解析を用いて、予測されたタンパク質の機能的分類を行います。	8サンプルまで一律 200,000円 9サンプル以上の場合、1サンプルあたり+25,000円	8サンプルまで 20営業日 9-20サンプル:30営業日 21-40サンプル:40営業日 41サンプル～:要相談
ショットガンメタゲノム解析	└ KEGG pathway classification chart	各サンプルに対して、分類されたKEGGカテゴリーに関連する遺伝子の割合を可視化します。また、機能pathwayの視点でサンプル間の違いを比較することができます。	10,000円	なし

※4　データベースに登録されているゲノム配列を含めて解析することが可能です。ご希望の場合は、配列のURLをお送りください。ANIは最大10配列までご指定可能です。wgMLSTはご指定配列数がサンプル数としてカウントされます。
※5　1サンプルあたり6 Gb以上のデータに対してのみ実施可能です。