

バクテリアゲノム配列決定

PacBioロングリードデータを用いた新規ゲノム配列解析 フルアノテーションパッケージ

お手持ちのバクテリアより抽出したゲノムDNAを対象に、PacBioのロングリードシーケンスシステムを利用した新規ゲノム配列決定を行います。

ロングリード情報を用いたアセンブルにより、**高確率で1本にまとめられた染色体レベルのゲノム配列情報**が得られますので、新規バクテリアのゲノム解読、ラボで保有するオリジナル菌株のリファレンスゲノム配列の決定、遺伝子データベースの構築等、幅広い用途でご利用いただけます。

活用事例)

- 新規に分離されたバクテリアのゲノム配列決定
- オリジナル保有菌株のリファレンス配列決定
- 各種DB登録用データ(ゲノム, アノテーション)の作成
- 薬剤耐性・病原性遺伝子の検索

解析仕様)

- 使用機器 : PacBio Sequel II / Sequel IIe / Revio ※1
 作業内容 : QC, ライブラリ作製, RAWデータ取得, 情報処理
 標準解析 : 1. *de novo*アセンブル
 2. アノテーション情報付与
 3. 薬剤耐性・病原性遺伝子検索

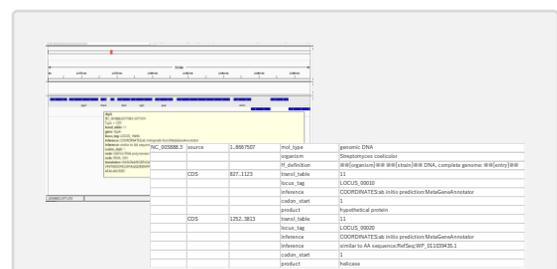
対応ゲノムサイズ : ~10 Mbase

サンプル必要量 : 10 ug以上 (50 ng/ul以上) ※2

- [要件]
- 260/230 ≧ 2.0, 260/280 ≧ 1.8
 - 電気泳動で20kb以上にメインバンド
 - スマア状のバンドが無い

※1 使用するシーケンサーは、解析条件に合わせて上記3機種の中から決定いたします。シーケンサーの指定はできません。

※2 ロングリード解析は、ご提供いただくゲノムDNAの品質が重要です。10kb以上の読み取り長に対応するよう、可能な限り分解の無い高分子DNAのご準備をお願いいたします。



オートアノテーションパイプラインによるアノテーション情報付与
DDBJ登録形式に対応したファイルの出力

Metrics	Value
Organism name	XXXXX
Genome size	2,050,867
GC ratio	51.99
# chromosomes	1
# plasmids	1
# contigs	0
# scaffolds	0
# rRNA genes	12
# tRNA genes	77
# ORFs	2,023
Method	PacBio Sequel IIe
Method reads	1,749
Method coverage	98.38
Assembler	Canu v2.2
Coverage	98.38
N50	2,041,665

Seq	Accession	Length	GC
1	CP000000.1	2,050,867	51.99
2	CP000000.2	1,000,000	51.99
3	CP000000.3	500,000	51.99
4	CP000000.4	250,000	51.99
5	CP000000.5	125,000	51.99
6	CP000000.6	62,500	51.99
7	CP000000.7	31,250	51.99
8	CP000000.8	15,625	51.99
9	CP000000.9	7,812	51.99
10	CP000000.10	3,906	51.99

ゲノム長、GC含量、カバレッジ情報等の統計情報、および、アノテーション情報の集計結果をまとめた General Report の出力

position	strand	gene	identity(%)	resistance
chromosome1:238810-239065	-	rox	78.76	RIFAMPIN
chromosome1:829910-831817	+	otr(A)	98.54	TETRACYCLINE
chromosome1:2543064-2544540	-	tcmA	75.03	TETRACENOMYCIN
chromosome1:3966835-3967929	-	vanS-Sc	100	VANCOMYCIN
chromosome1:6688705-6689961	+	mgf	100	MACROLIDE
chromosome1:8345074-8346167	+	cmIV	99.75	CHLORAMPHENICOL

ABRicateプログラムを利用した薬剤耐性遺伝子検索結果
使用DB [NCBI, ARG-ANNOT, ResFinder]

各種オプション作業についても対応しております。詳細は裏面をご確認ください。
(ゲノムDNA抽出、Illuminaショートリードデータの追加、カスタム解析)



オプションサービス

細菌ゲノム配列決定サービスに関連して、各種オプションサービスもご用意しております。ご研究の内容に合わせて、是非ご利用ください。

ロングリード解析用ゲノム抽出

培養済みの細菌サンプルをお預かりして、弊社にて高分子DNAの抽出に対応した市販キットを用いたゲノムDNA抽出を行います。

※ ゲノム抽出の菌体必要量の目安は 2×10^9 cell/回 以上です。菌種により収量にバラつきが出る場合もございますので、同等量のチューブを複数本ご提供ください。
(グラム陽性菌は、特に収量が低い傾向がございますので、多めの本数のご準備をお願いいたします。)

illuminaショートリードデータ取得、データ補正

ロングリードデータの取得と並行して、同じサンプルでilluminaショートリードデータを取得し、ロングリードのみで生成したコンティグのエラー補正を行います。アセンブルに最適なロングリードのデータと塩基単位の読み取り精度に優れるショートリードのデータを組み合わせることで、より精度の高いゲノム配列を構築することが可能です。

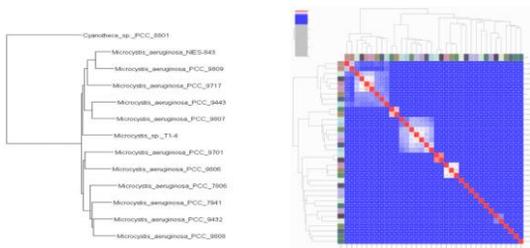
使用機器： illumina NovaSeq
必要サンプル量： PCR-Plusの場合 500 ng以上 (10 ng/ul以上)
PCR-Freeの場合 4 ug以上 (50 ng/ul以上)

カスタムデータ解析

標準解析で取得したゲノム配列情報を利用して、追加のデータ解析も承ります。

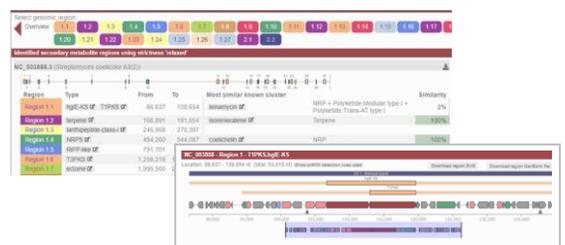
公共DBやお手持ちの既知ゲノム配列情報を利用したゲノム配列比較や変異領域解析、二次代謝産物クラスター解析、ANI (Average Nucleotide Identity)、複数のゲノム情報を投入した系統樹の作成 etc...

[ゲノム配列による系統樹の作成事例]



※ 近縁種のゲノム配列を入手後、配列相同性を算出して系統樹、ヒートマップを出力。ANI値による種同定も可能です。

[二次代謝産物クラスター解析事例]



※ antiSMASHプログラムを利用した二次代謝クラスター検索結果

お客様のご希望に合わせたカスタム解析に柔軟に対応いたします。お気軽にお問い合わせください。

代理店



北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 北海道札幌市北区新川西2条1丁目2-1

☎ 0120-613-190

TEL : 011-768-5901 FAX : 011-768-5951

Email : hss-ngs@hssnet.co.jp

URL : <https://www.hssnet.co.jp/>

※ 本サービスの仕様は、予告なく変更する場合がございます。