

バクテリアゲノム配列決定

Illuminaショートリードデータを用いた 新規ゲノム配列解析パッケージ

お手持ちのバクテリアより抽出したゲノムDNAを対象に、ショートリードシーケンサー Illumina NovaSeq を利用した新規ゲノム配列決定を行います。

低コスト・高カバレッジのペアエンドリード情報を利用したアSEMBルにより、ゲノム全体をカバーする数十～数百本※程度のコンティグ情報が取得できます。

※ DNA品質、ゲノム配列構造により変動します。

活用事例)

- 新規に分離されたバクテリアのゲノム配列全体像の把握
- 変異解析用のリファレンス配列取得
- アノテーション情報の取得
- 各種遺伝子検索（注目遺伝子,薬剤耐性・病原性遺伝子等）

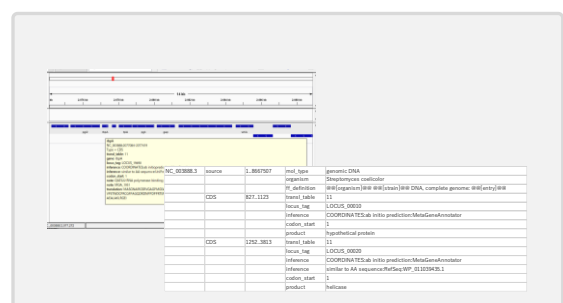
解析仕様)

- 使用機器 : Illumina NovaSeq
 読み取り : Paired-End法 (150 bp × 2)
 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SEMB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 : 500 ng以上 (10 ng/ul以上)

ロングリード解析と比較し、高分子で大量のDNAは必要としないため、限られた試料でも解析を進めやすいメリットがあります。
 得られるコンティグは断片的ですが、アノテーションや遺伝子検索、近縁種との配列比較等にお使いいただけます。



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	DB	Description	Y score	X1
Organism name	XXXXX				
Genome size	2,050,867				
GC ratio	54.59				
# chromosomes	1				
# plasmids	1				
# contigs	0				
# scaffolds	0				
# rRNA genes	12				
# tRNA genes	77				
# ORFs	2,021				
Method	Paired-End Sequel Ite				
Method reads	17,429				
Method coverage	98.38				
Assembler	Canu v2.2				
Coverage	98.38				
NSI	2,941,665				

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	TETRACOMYCIN
Chromosome1:3968835-3967929	-	vanS-Sc	100	VANCOMYCIN
Chromosome1:6688705-6689961	+	mgt	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。

○ショートリードとロングリードアセンブル結果比較

ショートリード解析は読み取り長が150 bpと短く、ペアエンド解析でもライブラリサイズが350~500 bp程度と限られるため、ゲノム配列上にリピート領域等が存在すると、アセンブルによる配列の連結が困難となり、コンティグが分かれて出力される傾向があります。下表は弊社実績に基づくショートリード、ロングリードのコンティグ本数の比較結果です。

生物種	ゲノムサイズ	コンティグ数	
		ロングリード解析	ショートリード解析
バクテリア	1~10Mb	1~5本	30~300本
真菌	10~100Mb	20~200本	200~4,000本

最終的に1本にまとまったゲノム配列を決定したい場合は、ロングリード解析が必須となりますが、ショートリード解析でもゲノム全体をカバーする数kb~数百kb程度の配列情報を得ることが可能です。断片的なコンティグ配列にはなりますが、低コストでの情報取得、高品質ゲノム調整が困難な場合には効果的です。

オプションサービス

バクテリア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。

ゲノムDNA抽出

培養済みのバクテリアサンプルをお預かりし、弊社にてゲノムDNA抽出を行います。

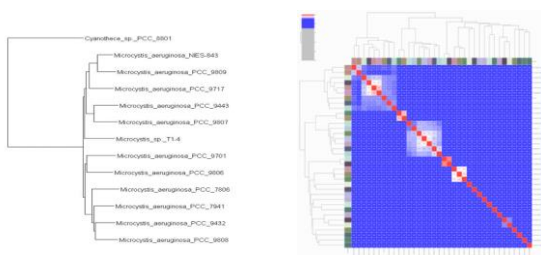
※ ゲノム抽出の菌体必要量の目安は 2×10^9 cell/回 以上です。菌種により収量にバラつき出る場合もございますので、同等量のチューブを複数本ご提供ください。

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。

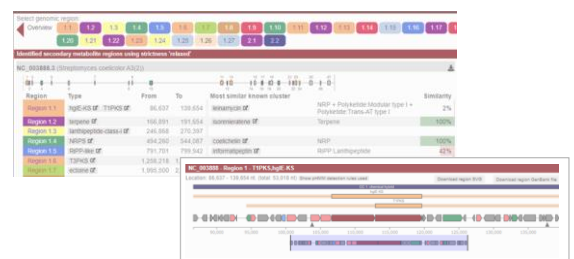
公共DBやお手持ちの既知ゲノム配列情報を利用したゲノム配列比較や変異領域解析、注目している遺伝子、薬剤耐性・病原性遺伝子の検索、ANI (Average Nucleotide Identity)による菌種同定、複数のゲノム情報を投入した系統樹の作成 etc...

[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。