

DNBSEQ(MGISEQ)シーケンス 受託サービス



新しいショートリード次世代シーケンサーである MGI Tech 社の DNBSEQ-G400RS (MGISEQ-2000RS) を用いたシーケンス受託サービスを提供いたします。

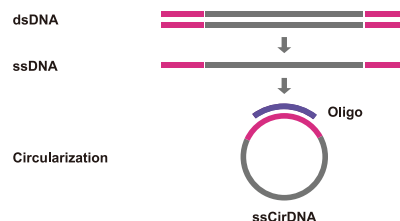
DNBSEQ(MGISEQ) は環状化された一本鎖 DNA をテンプレートとし、ローリングサークル増幅 (RCA) によって調整されたライブラリーをシーケンスします。従来のシーケンスプラットフォームで課題となっていた、ライブラリー増幅時の PCR エラー蓄積や増幅バイアス、PCR 重複やインデックスホッピングといった問題を低減します。

DNBSEQ(MGISEQ) の原理

一本鎖 DNA の環状化

末端にアダプター配列を持つ二本鎖 DNA を加熱して変性させ、一本鎖 DNA にします。5' および 3' の両末端のアダプター配列に相補的な配列を持つオリゴヌクレオチドをハイブリダイズさせ、ニックを修復することにより、環状一本鎖を調整します。

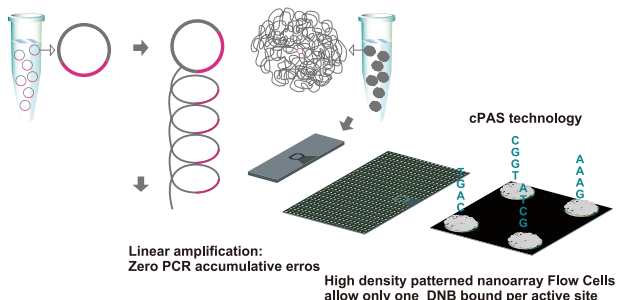
ライブラリー調整



DNA ナノボール

環状化した一本鎖 DNA をテンプレートとしてローリングサークル増幅することにより、約 100 ~ 1000 コピーの配列がつながった DNA ナノボールを形成します。増幅される DNA は毎回同じ環状化一本鎖 DNA をテンプレートとするため、約 100 ~ 1000 コピーの全てに同じ位置でエラーが入ることが抑止可能となります。

シーケンシング原理

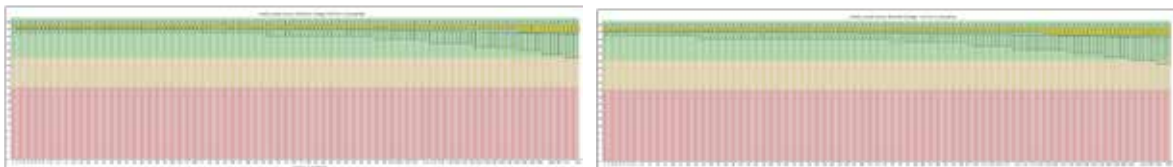




シーケンシング

DNA ナノボールは、酸性条件では負の電荷を帯びます。シリコンチップの表面にパターン化された結合サイトは正の電荷を帯びており、この負と正の相互作用により、DNA ナノボールがスライド表面にロードされます。シーケンシングはライブラリーキットやアプリケーションにより、シングルエンド 50bp、400bp、ペアエンド 100bp、150bp、200bp に対応しています（2020年3月時点）。

ペアエンド解析のリード1（下図左）とリード2（下図右）の各塩基位置における QV スコアの分布を確認すると、3' 末端に向かってスコアがあまり低下せず、高品質で安定したリード配列が得られることがわかります。



データ形式

シーケンスデータは業界標準の FASTQ 形式で出力されるため、既存のシーケンスプラットフォーム用に構築されたデータ解析パイプラインは、多くの場合そのまま動作します。

サービス内容

下記に示すさまざまなアプリケーションを提供します。

1. **全ゲノムシーケンス (WGS)** gDNA サンプルを提出いただき、サンプル QC、ライブラリー調整 (PCR-Free 対応可)、シーケンシング (PE150) を行います。解読塩基数はご要望に応じます。
2. **RNA シーケンス (stranded mRNA-seq)** Total RNA サンプルを提出いただき、サンプル QC、polyA 濃縮、ライブラリー調整、シーケンシング (PE100) を行います。解析リード数は 10M リードペアより提供可能です。
3. **stLFR (single tube Long Fragment Read) シーケンス** 分子バーコード技術により、同じ分子 DNA から得られた複数のライブラリー断片に共通のバーコード配列を付加します。これにより高精度なショートリード配列で long range の解析を行うことが可能になるため、*de novo* アセンブリーだけでなく、フェージングや構造変異解析にも有効なデータを得ることができます。
4. **ライブラリー提出によるレーンシーケンス** お客様が調整したライブラリーを提出いただき、シーケンシングのみを提供いたします。10X Chromium によるシングルセル RNA-seq ライブラリー (scRNA-seq) にも対応しています。