

サービス概要

動植物全ゲノムリシーケンス解析(WGRS)は植物や動物の全ゲノムをシーケンシングし、その配列をリファレンスゲノムの配列と比較分析を行います。植物や動物のゲノムシーケンスを再解析することで、SNPやIndelsなどの遺伝的変異を検出し、その生物種の他の遺伝的変異を発見することもできます。動植物WGRSによって機能遺伝子や形質マーカーを同定することができ、分子育種の促進や農業生産の保全と改善など目的で幅広く応用されています。

サービス特長

- Even coverage of reads
- Much less duplication
- True PCR-Free
- Index hopping free

サービス仕様

BGIの動植物全ゲノムリシーケンス解析サービスは、優れたデータ品質を実現できるcPASおよびDNA Nanoballs (DNB™)テクノロジーを備えたDNBSEQ™テクノロジーで実行されます。



- ライブラリー作成
- PE100/ PE150 が利用可能
- データストレージとバイオインフォマティクスアプリケーションが利用可能



- クオリティスコアQ20≥90%
- 個体研究では10X~30X、集団研究では5X~10Xのカバレッジを推奨



- QC合格から約4~5週間納品
- ラポートサービスが提供可能

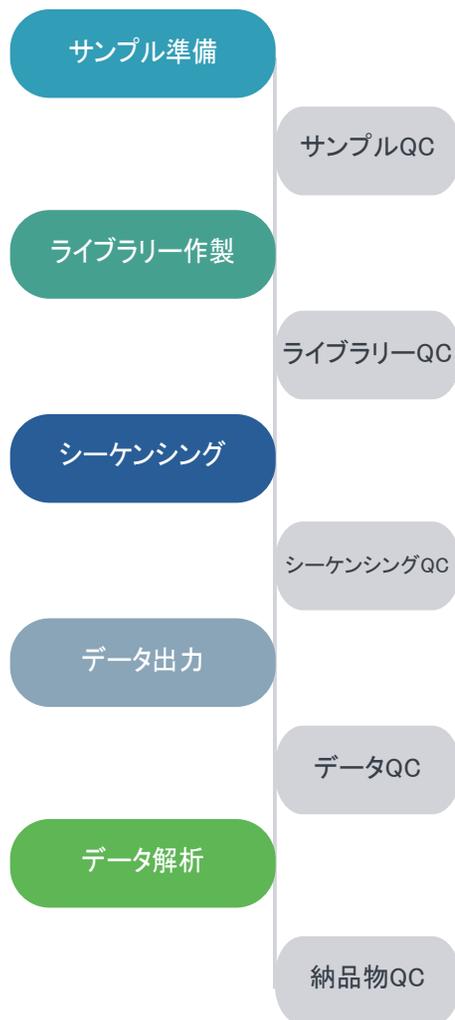
データ解析

お客様のプロジェクトに合わせたバイオインフォマティクス解析をカスタマイズすることができます。お気軽にお問い合わせください。

標準ファイル形式で納品: FASTQ、BAM、VCF、.xls、.png

ワークフロー

検体のQCからデータ解析・納品まで、BGIは責任を持って行います。今まで蓄積した様々な技術やノウハウを生かし、高いクオリティのデータをお客様にお届けします。



標準データ解析	高度なデータ解析
<ul style="list-style-type: none"> • データフィルタリング • アラインメント • SNP/InDel/SV/CNVコーリング、アノテーションおよび統計 	<ul style="list-style-type: none"> • 集団進化解析 • 点変異の検出(野生型と変異型) • リンケージマップの構築とQTLマッピング • GWAS解析

高品質データ
 短納期
 低コスト



サンプル要件

DNAサンプル	ライブラリタイプ	量	濃度	インテグリティ (AGE)	サンプル純度
レギュラーサンプル	PCR	≥200ng (≥400ngを推奨)	≥8ng/μL	ゲル電気泳動で示されるバンドは分解が少ないか、またはフラグメントサイズが20kb以上	RNA、タンパク質、塩イオンの混入がない； 無色透明； べたつかない
	PCR-free	≥1μg (≥2μgを推奨)	≥12.5ng/μL		
ローインプット/ FFPEサンプル	PCR	≥50ng	≥2.5ng/μL	フラグメントサイズが500bp以上	

データパフォーマンス

大豆1サンプルとマウス1サンプルを用いてDNBSEQシーケンシング技術を検証しました。各サンプルの2つのテクニカルレプリケートからDNBSEQシーケンシングデータを取得し、Illumina HiSeq4000プラットフォームのデータと比較しました。ライブラリーはメーカーのプロトコルに従って作製しました。

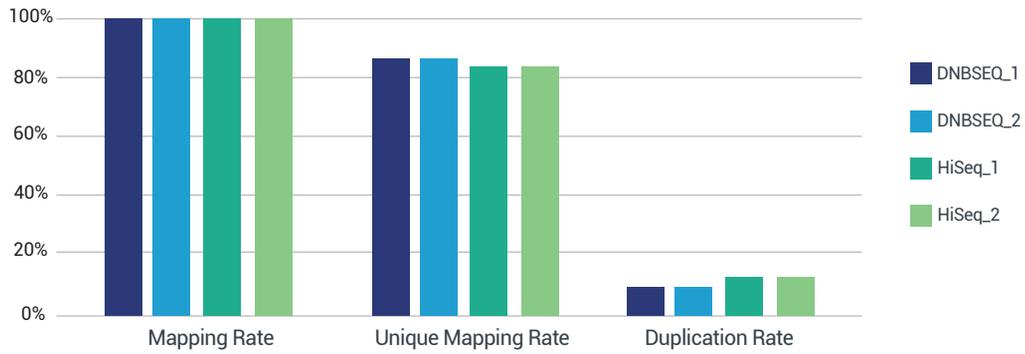
DNBSEQシーケンステクノロジーで、HiSeq4000に匹敵する高品質のPE100データを取得できました(表1)。両プラットフォーム間で各生物種のシーケンス解析を行った場合、95%以上の塩基がQ20以上のスコアを示し、DNBSEQデータとHiSeqデータのゲノムマッピング率およびユニークマッピング率は同等なレベルであることが分かりました。注目すべきは、すべてのDNBSEQでのクリーンデータ率がHiSeqでのクリーンデータ率よりも高く、下流の解析に使用できるハイクオリティ塩基がより多く取得できることが示されています。さらに、両種のDNBSEQリードのデュプリケート率はHiSeqリードのデュプリケート率より低いです。下流の遺伝子変異解析ではデュプリケートリードは通常スキップされるため、同等量のシーケンスデータを取得した場合、HiSeq4000よりDNBSEQは遺伝子変異解析に有効なデータを多く取得することが示されています。

サンプル種	大豆		マウス	
	DNBSEQ	HiSeq	DNBSEQ	HiSeq
生データ量 (Gb)	33.12	30.56	70.09	70.33
クリーンデータ量 (Gb)	31.20	26.69	65.50	57.40
クリーン率 (%)	94.19	87.34	93.45	81.62
クリーンリードQ20 (%)	96.59	97.81	96.16	97.66
マッピング率 (%)	99.53	99.77	99.76	99.92
ユニークマッピング率 (%)	82.90	82.61	86.57	83.97
重複率 (%)	3.64	6.42	7.85	11.21
不一致率 (%)	0.95	0.68	0.68	0.39
平均シーケンス深度	29	26	22	18
カバレッジ (%)	95.48	94.59	93.51	93.26
カバレッジ≥4X (%)	94.15	92.78	92.93	92.36
カバレッジ≥10X (%)	92.05	89.32	91.00	87.72
カバレッジ≥20X (%)	81.20	67.11	66.05	44.72

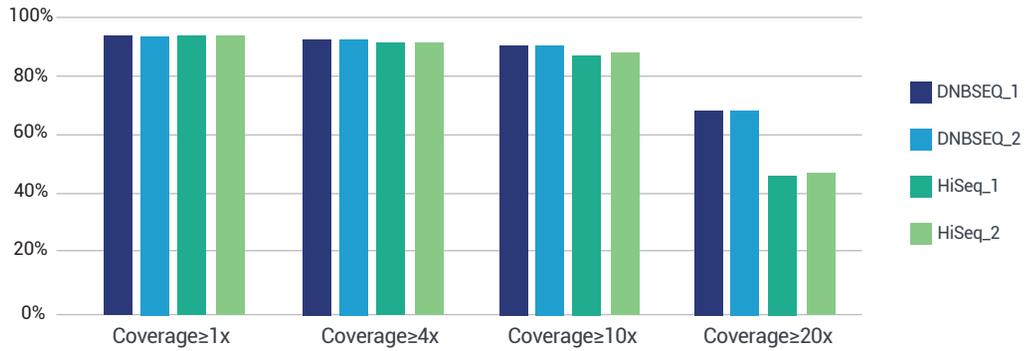
▲ 表1. 大豆とマウスサンプルのデータ品質 (2回のテクニカルレプリケートによる平均値)

マウスサンプルデータのパフォーマンス

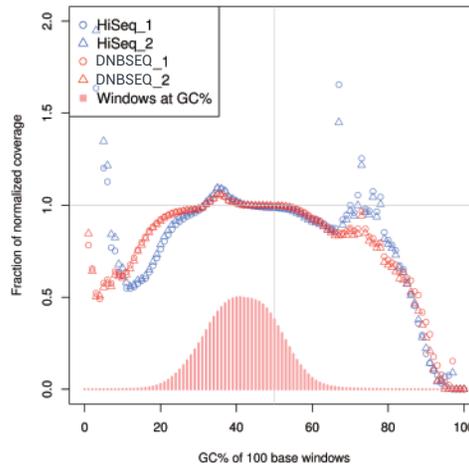
1つのマウス肝臓DNAサンプルをDNBSEQとHiSeq4000システムの両方でシーケンス解析を行いました。実験において、DNBSEQの2つのテクニカルレプリケート、HiSeqの2つのテクニカルレプリケートが解析されました。DNBSEQとHiSeqのデータは両方とも高いマッピング率を示した一方、GC含量の低いDNBSEQデータセットのリード分布には偏りが少ないことがわかりました(図1、2、3)。さらに、DNBSEQのデュプリケート率は著しく低く(図1)、これはDNBSEQのローリングサークルレプリケーションによるPCRバイアスが少ない原因であり、その結果、遺伝子変異解析のためのリード分布がより均一になります。



▲ 図1. 2つのDNBSEQデータセットと2つのHiSeqデータセットのマッピング率とデュプリケート率、同じ70G程度のデータ産出

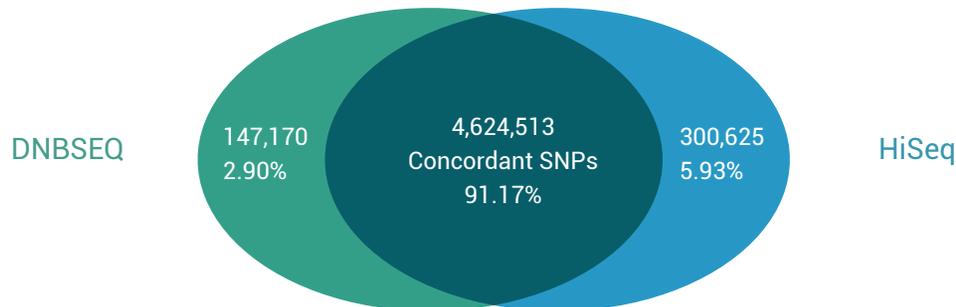


▲ 図2. 2つのDNBSEQデータセットと2つのHiSeqデータセットのシーケンスカバレッジ、同じ70G程度のデータ産出



▲ 図3 GC含有量による正規化されたリードカバレッジ(重複リードは除く)。HiSeqのリード分布と比較し、低GC含量でのDNBSEQのリード分布のバイアスが小さいことが示されています。

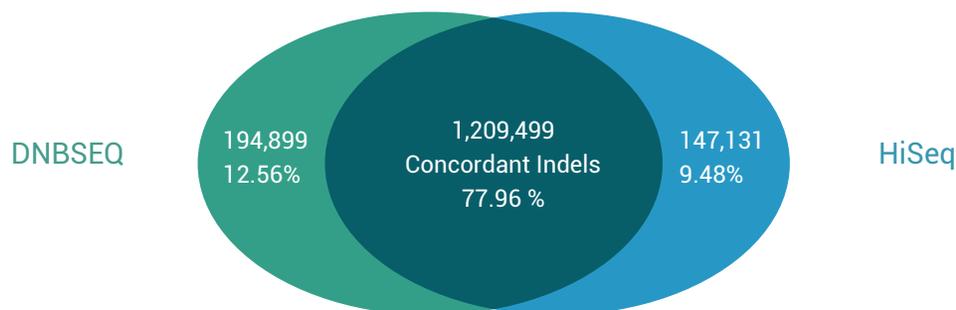
DNBSEQはHiSeqと同等の変異検出率の再現性を示しました。SNPおよびIndelの検出率はそれぞれ93.63%と76.64%で、プラットフォーム間で検出されたSNPおよびIndelの一致率はそれぞれ91.17%と77.96%でした(図4、図5)。



DNBSEQ	
DNBSEQ_1	4,639,014
DNBSEQ_2	4,639,471
DNBSEQ total SNPs	4,791,741
Reproducibility	93.63%

HiSeq	
HiSeq_1	4,772,466
HiSeq_2	4,785,071
HiSeq total SNPs	4,946,249
Reproducibility	93.23%

▲ 図4. 2つのDNBSEQ複製と2つのHiSeq複製から得られたSNP再現性とクロスプラットフォーム一貫性の統計



DNBSEQ	
DNBSEQ_1	1,299,372
DNBSEQ_2	1,307,108
DNBSEQ total Indels	1,477,897
Reproducibility	76.64%

HiSeq	
HiSeq_1	1,250,891
HiSeq_2	1,269,891
HiSeq total Indels	1,414,150
Reproducibility	78.25%

▲ 図5. 2つのDNBSEQ複製と2つのHiSeq複製から得られたIndel再現性とクロスプラットフォーム一貫性の統計

詳細については下記までお問い合わせください

BGI JAPAN 株式会社

〒650-0047

兵庫県神戸市中央区港島南町1-5-2

神戸キメックセンタービル8F

Tel: 078-599-6108 Fax: 078-599-6109

E-mail: bjjapan@genomics.cn

Web: <https://www.bgi.com/jp/>

本サービスは診療・診断など、研究目的以外に利用できません。(特に明記されない限り)。

Copyright©BGI2022.この資料で使用されているすべて商標の権利は、BGIまたはそれぞれの権利の所有者に帰属します。掲載されている内容には、幅広い対象者を対象としたサービスまたは製品に関する情報が含まれております。製品の詳細や、他の方法ではアクセスできない、またはお住まいの国では有効でない情報が含まれている可能性があります。お客様の出身国の法的手続き、規制、登録、使用法に準拠していない可能性のある情報にアクセスする場合、当社一切の責任を負わないものとします。DNBSEQ™プラットフォームに基づく受託サービスは米国および英国以外のBGIラボで実行されます。BGIは最終的な解釈の権利を留保します。



BGI Genomics



BGI_Genomics

