

サービス概要

Small RNAは、長さが200nt未満のノンコーディングRNA(ncRNA)の一種であり、遺伝子サイレンシング及び遺伝子発現の転写後調節に関与しています。Small RNAシーケンス解析は新規のsmall RNAを発見し、すべてのsmall RNAの差次的発現を調べ、1塩基の解像度をもとにした変異の特徴づけのために使用されます。

分子識別子(UMI)サービスオプション

分子識別子(UMI)を利用することで、単一分子に由来する望ましくないPCRのデュプリケートを除去することができます。PCR後、同一なUMIを保有する分子は、同じインプット分子に由来すると想定されます。そのため、UMIカウントはリードカウントより優れた結果を提供し、定量的なsmall RNA発現のより正確な推定につながります^[1]。UMIテクノロジーは、希少で貴重なサンプルや、エクソソームなどのようなRNA含有量が少ないサンプルを研究しているお客様にとって特に有益です。

BGIのDNBSEQ™によるSmall RNAシーケンスサービスはUMIテクノロジーを採用し、正確性を保ちながら、手頃な価格で高品質のシーケンスデータを提供し、学術および臨床研究アプリケーションをサポートします。

サービス仕様

DNBSEQ™による Small RNA-Seq 解析は優れたデータ品質^[2]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。



- SE50
- 1 サンプルあたり 2,000 万リード
- 高精度で定量化できる UMI テクノロジー
- シーケンシングデータとバイオインフォマティクス解析は標準ファイル形式 (FastQ) でご提供
- Dr.Tom システムによる高度な RNA データ可視化とデータマイニング



- クオリティスコア Q30≥80%



- QC 合格から約 6 週間納品
- レポートサービスが提供可能

High quality data (品質データ) | Short lead time (短納期) | Low cost (低コスト)

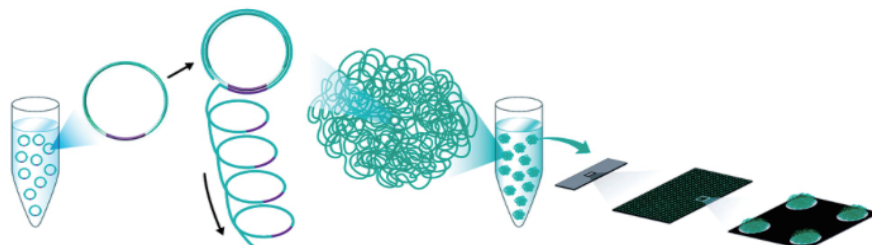
ワークフロー

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。



DNBSEQ™シーケンステクノロジー

DNBSEQ™はシリコンバレーにあるBGIの子会社Complete Genomicsが開発した独自のシーケンステクノロジーです。このシステムは結合的プローブ-アンカー合成(cPAS)、リニア等温ローリングサークル増幅、DNAナノボール(DNB™)テクノロジー及び高解像度デジタルイメージングシステムを搭載しております。



リニア増幅とDNB™テクノロジーの組み合わせにより、シーケンシングのエラー率を低減する一方でシグナルを向上します。DNBのサイズはDNBSEQ™フローセルの結合部位1カ所当たりDNBが1個のみ結合するようにコントロールされます。この高密度にパターン化されたアレイテクノロジーによりシーケンス解析の精度が改善され、フローセルの利用率が向上することができます。

データ解析

お客様のプロジェクトに合わせて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、Excel

標準データ解析

- ・データフィルタリング
- ・Small RNAの長さ分布解析
- ・選択したゲノムでのSmall RNA分布解析
- ・rRNA、tRNA、snRNA、snoRNAなどの同定
- ・Rfamデータベースによる相同性Small non-coding RNAの同定。
- ・エクソン/イントロンにアライメント可能なSmall RNA配列の同定
- ・リピート配列関連Small RNAの同定
- ・miRBaseによる既知miRNAの同定
- ・RNAcentralデータベースによる既知のnon-coding RNAの同定
- ・新規miRNAの予測、植物におけるphasiRNAの予測、動物における新規piRNAの予測
- ・既知および新規miRNAの発現パターン解析
- ・miRNAのターゲット遺伝子予測
- ・miRNAのターゲット遺伝子のGOアノテーションとKEGGパスウェイ解析
- ・既知および新規Small RNAの時間クラスタリング解析

Dr.Tomシステム分析

- ・miRNAの定量解析
- ・差次的発現miRNAの検出
- ・miRNAターゲット遺伝子解析
- ・ターゲット遺伝子のGOおよびパスウェイアノテーション
- ・miRNA-mRNA相互作用解析、lncRNA-mRNA相互作用解析
- ・タンパク質間相互作用(PPI)解析
- ・共発現相互作用ネットワーク解析

サンプル要件

	RNA量と濃度	ボリューム	定量的結果
Total RNA	量 $\geq 1\mu\text{g}$ 、濃度 $\geq 50\text{ng}/\mu\text{L}$	$\geq 15/\mu\text{L}$	RIN ≥ 6.5 (植物) RIN ≥ 8.0 (ヒト/動物)
FFPE RNA	量 $\geq 1\mu\text{g}$ 、濃度 $\geq 50\text{ng}/\mu\text{L}$	$\geq 15/\mu\text{L}$	RIN ≥ 2.0 DV ₂₀₀ $\geq 30\%$
血漿／血清／エクソソーム からのSmall RNA	量 $\geq 5\text{ng}$ 、濃度 $\geq 0.5\text{ng}/\mu\text{L}$	$\geq 10/\mu\text{L}$	N/A

データパフォーマンス

データ再現性^[3]

DNBSEQ™テクノロジープラットフォームの高い技術的再現性を実証するために、6つのヒト脳サンプル、2つの心臓サンプルおよび2つの血液サンプルのシーケンスを行いました。再現性は、ヒト脳サンプルの6つのテクニカルレプリケートを用いて評価しました(図1を参照)。6つのレプリケート間の相関係数の中央値は0.98であり、25%と75%の四分位数はそれぞれ0.98と0.99でした。

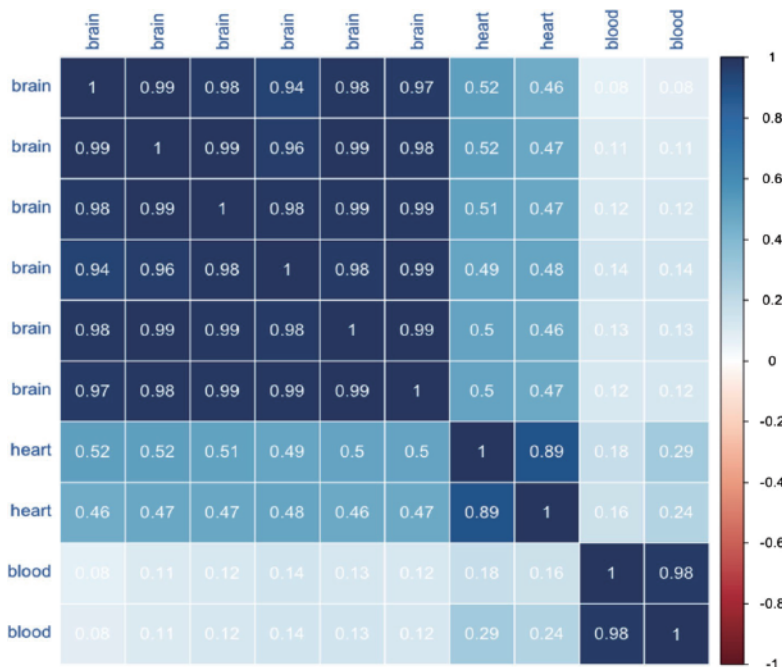


図1. DNBSEQシステムによってシーケンスされた脳(6つのテクニカルレプリケート)、心臓(2つのテクニカルレプリケート)および血液(2つの生物学的レプリケート)サンプルの相関マトリックス。

参考文献

- [1] Fu Y, Wu PH, Beane T, Zamore PD, Weng Z: Elimination of PCR duplicates in RNA-seq and small RNA-seq using unique molecular identifiers. BMC Genomics 2018;19:531.
- [2] Drmanac R, Sparks AB, Callow MJ, Halpern AL, Burns NL, Kermani BG, Carnevali P, Nazarenko I, Nilsen GB, Yeung G, Dahl F, Fernandez A, Staker B, Pant KP, Baccash J, Borcharding AP, Brownley A, Cedeno R, Chen L, Chernikoff D, Cheung A, Chirita R, Curson B, Ebert JC, Hacker CR, Hartlage R, Hauser B, Huang S, Jiang Y, Karpinchyk V, Koenig M, Kong C, Landers T, Le C, Liu J, McBride CE, Morenzoni M, Morey RE, Mutch K, Perazich H, Perry K, Peters BA, Peterson J, Pethiyagoda CL, Pothuraju K, Richter C, Rosenbaum AM, Roy S, Shafto J, Sharanhovich U, Shannon KW, Sheppy CG, Sun M, Thakuria JV, Tran A, Vu D, Zaraneek AW, Wu X, Drmanac S, Oliphant AR, Banyai WC, Martin B, Ballinger DG, Church GM, Reid CA: Human genome sequencing using unchained base reads on self-assembling DNA nanoarrays. Science 2010;327:78-81.
- [3] Fehlmann T, Reinheimer S, Geng C, Su X, Drmanac S, Alexeev A, Zhang C, Backes C, Ludwig N, Hart M, An D, Zhu Z, Xu C, Chen A, Ni M, Liu J, Li Y, Poulter M, Li Y, Stahler C, Drmanac R, Xu X, Meese E, Keller A: cPAS-based sequencing on the BGISEQ-500 to explore small non-coding RNAs. Clin Epigenetics 2016;8:123.

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

BGI

We Sequence, You Discover