

NGS 解析受託

概要

- DNA を冠した日本初の研究所 “かずさ DNA 研究所” による NGS 受託解析サービス
- 日本初の PacBio Sequel® の認証サービスプロバイダーによる Sequel® (ロングリード) シーケンシングサービス
- 日本の研究者にきめ細かい事前コンサルティングおよびアフターフォロー

イントロダクション

第3世代シーケンサーと呼ばれる PacBio Sequel® は、DNA 一分子をシーケンスします。連続した 60 kb 以上の塩基配列も読み取ることができ、全ゲノムシーケンス、アイソフォーム検出、完全長転写産物解読、融合遺伝子検出、ロングアンプリコン解析に用いられています。かずさ DNA 研究所は 2018 年 6 月に、PacBio Sequel® を用いた解析で高品質データを取得できる機関として、開発元のパシフィック・バイオサイエンス社から国内第一号の認証サービスプロバイダーの認定を受けました。

ロングリードシーケンスでゲノムのより深淵な秘密を解読

私たちは ORF クローンの分譲やベクターコンストラクション、質量分析などの受託解析から基礎医学発展のためのマーカー開発や機能性食品の開発などの共同研究まで幅広い研究支援を行っています。弊所の中心的技術である次世代シーケンシング (New Generation Sequencing、NGS) マシンについては、イルミナ社の NextSeq 2000、NextSeq 500、MiSeq に加え、MGI 社の DNBSQ-G400 を保有しており、これらを用いた受託解析サービスの提供を行っています。全ゲノムシーケンス、Exome-Seq、Target-Seq、MBD-Seq、RNA-Seq、miRNA-Seq など各種解析に対応しており、通常受託では難しい微量のサンプルや分解サンプルにも可能な限り対応します。さらに、10xGenomics 社の 1 細胞 RNA-Seq、1 細胞 TCR 解析についても受託を行なっております。

一方、2017 年 10 月にパシフィック・バイオサイエンス社の PacBio Sequel® を導入し、一分子シーケンスの受託解析を開始しました。2020 年 2 月に Sequel II、続いて 2021 年 1 月には Sequel IIe を導入しました。

PacBio を用いたロングリードと、他のショートリード解析との最大の違いはもちろんリード長が長いことですが、これまで NGS の主戦場であったショートリードではソフトウェアや解析手法の助けがあってもカバーできない不可能な解析も多々あり、一度に長く解読できるロングリードシーケンシングでより複雑な生命暗号をさらに深く解読できるようになります。2022 年 4 月には、T2T コンソーシアムにより、テロメアやセントロメアも含めたヒト完全長のゲノム解読が発表されましたが、その中で同社のロングリードシーケンサーは中心的な役割を果たしました。

ロングリードシーケンシングのできること：

- Iso-Seq (アイソフォームシーケンス) : スプライスされて生じる転写産物のアイソフォームは、ショートリードのデータから完全にカバーすることができません。
- 構造多型・変異の解析 : 様々な疾患の原因となるゲノムの構造多型や変異 (欠失・挿入・増幅・逆位・転座 etc.) の構造は、SNP (一塩基多型) よりもはるかに長く、複雑で、ショートリードで検出することが困難。
- ハプロタイプの解析 : SNP の場合も、それが相同染色体のうちのどちらに生じているか (フェーシング) は、ショートリードでは見分けられません。



PacBio Sequel®



公益財団法人
かずさ DNA 研究所
遺伝子分析チーム
チーム長
長谷川嘉則 先生

かずさ DNA 研究所は 1994 年に世界初の DNA 専門研究機関として千葉県の支援を受けスタートし、植物やヒトの遺伝子研究を中心に成果を上げて参りました。臨床オミックス解析グループ遺伝子分析チームは、開所以来 20 年余にわたり培った DNA シーケンシング技術 (DNA 塩基配列の読み取り技術) を中心とする各種ノウハウの継承ならびに、次々と公開される新しい技術の整備や独自の開発を担っています。そして、医療や農業を含めた幅広い分野に関わる産学官の皆様のご依頼に応じてこれらの技術を有償で提供することにより、サポート事業を継続的に維持する仕組みを作り上げています。

- リピート配列の解析 : ゲノムには、機能が未知のものも含め様々な高頻度反復配列があります。これらは、ショートリードではマッピングができず、解析結果から削除されてしまう対象です。
- リファレンス配列の存在しない未解析の生物、非モデル生物の新規ゲノム配列決定

ロングリードシーケンサーは様々な新発見をもたらす機器である一方、誰もが高品質のデータを取得できるわけではありません。この機器ではこれまで必要であったサンプル DNA の増幅は行わなくて済む代わりに、質の良い DNA、すなわちインタクトで不純物を含まない DNA がマイクログラム単位で必要になります。私たちは長年培われた “かずさ DNA 研究所メソッド” を活かし、厳密なサンプル調製からデータ解析を行い高品質なデータの取得が可能です。パシフィック・バイオサイエンス社は、シーケンス解析だけでなく各プロセスを厳格に評価し、高品質データを取得できる施設を認証サービスプロバイダーとして認定しており、我々認証サービスプロバイダーはパシフィック・バイオサイエンス社との強い結びつきにより最新かつ正確な情報を共有しており、ご依頼いただいた解析に反映させることができます。

さらに網羅的解析としてトランスクリプトーム解析 (発現解析 RNA-seq) とプロテオーム解析を組合わせたマルチオミックス解析も開始しました。

ショート & ロングシーケンスだけでなく所内プロテオーム解析チームと連動したマルチオミックス解析についてのご質問などいつでもお寄せください。



臨床オミックス解析グループ遺伝子分析チーム