

# 微生物シーケンス解析サービス

あなたの微生物研究の加速・深化のためのトータルサポート

国内ラボでDNA抽出～解析まで含めたパッケージ



核酸抽出



シーケンス



基本データ解析

1 リーズナブルな微生物ゲノム解析

単離菌株ゲノムシーケンス解析

1検体(300Mb) **¥30,000** (税別)

2 細菌も真菌も微生物叢の解析は全てお任せ

菌叢解析 (16S/18S/ITS rRNA各種)

1検体 **¥15,000** (税別)

3 菌組成も機能遺伝子もまとめて解析

ショットガンメタゲノム解析

1検体(5Gb) **¥40,000** (税別)

4 マイクロバイオームを1細胞レベルで解析

微生物シングルセルゲノム解析

1解析 **¥450,000** (税別)

## 基本データ解析内容

	アセンブリ・ゲノム構築	生物系統推定	遺伝子推定	菌叢プロファイル	多様性解析
単離菌株ゲノムシーケンス解析	○	○	○	-	-
16S/18S/ITS rRNA アンプリコンシーケンス解析	-	-	-	○	○
ショットガンメタゲノム解析	○(MAG解析)	○	○	○	-
微生物シングルセルゲノム解析	○	○	○	-	-

微生物シングルセルゲノム解析

解析メニュー	解析内容	データ量	単価(税別)	納期	送付サンプル例
お試しコース	検体処理、 droplet封入、 シーケンシング、 基本データ解析	1プレート：20Gb	¥450,000	6週間 (30営業日)	糞便、皮膚、唾液、プラーク 土壌、温泉、海水、汚泥、 メタン発酵液、細菌懸濁液  その他のサンプル種も ご相談ください
推奨コース		1プレート：30Gb	¥580,000		
増し増しコース		3プレート：100Gb	¥1,000,000 (初回)		

単離菌株ゲノムシーケンス解析/ショットガンメタゲノム解析

解析メニュー	解析内容	解析データ量/検体	単価(税別)	納期	送付サンプル例 <small>※微量サンプルの場合もご相談ください</small>
ショートリード	DNA抽出、 シーケンシング、 基本データ解析	300Mb	¥30,000	6週間 (30営業日)	○単離菌株ゲノムシーケンス 細菌、古細菌、真菌など  例：培養サンプル ( $1 \times 10^9 \sim 5 \times 10^9$ cells、 湿重量 20~100 mg程度)  例：DNAサンプル ( $\geq 30$ ng/ $\mu$ lを20 $\mu$ l以上)  ○ショットガンメタゲノム 土壌、糞便、汚泥、唾液など
		1Gb	¥35,000		
		5Gb	¥40,000		
		10Gb	¥70,000		
		20Gb~	¥100,000~		
ロングリード (PacBio / Nanopore)	DNA抽出、 シーケンシング、データ解析	お問い合わせください			

菌叢解析 (16S/18S/ITS rRNA各種)

解析メニュー	解析内容	解析データ量/検体	単価(税別)	納期	送付サンプル例
16S /18S /ITS rRNA アンプリコンシーケンス解析 <sup>(※)</sup>	DNA抽出、 シーケンシング、 基本データ解析	3万~6万リードペア	¥15,000	6週間 (30営業日)	糞便、唾液、土壌など各種 ご相談ください
全長16S rRNA アンプリコンシーケンス解析			¥50,000	8週間 (40営業日)	

※全長16S以外のアンプリコン解析は8検体からの発注になります

その他、バイオインフォマティクスの解析サポートも承ります。ご相談ください。

シーケンスデータ再解析

お手持ちのシーケンスデータの再解析から、解釈に向けた解析相談、仕様書作成も含めてサポートします。

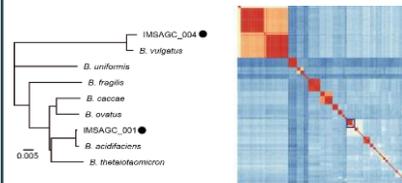


カスタマイズ追加解析(例)



- ・ 生合成遺伝子解析
- ・ 代謝パスウェイ解析
- ・ 遺伝子発現解析
- ・ SNP/InDel解析
- ・ データベース構築
- ・ 群間比較解析など

Figure作成・描画



bitBiome株式会社

E-mail: [service@bitbiome.co.jp](mailto:service@bitbiome.co.jp)

Web: <https://www.bitbiome.co.jp/>

〒162-0041

東京都新宿区早稲田鶴巻町513

早稲田大学121号館 415号室



お問合せ先

代理店

# PacBio Revio™

## ロングリードシーケンス受託解析サービス

### PacBio HiFi-readの特徴

- レファレンス品質の完全長ゲノムの構築やメタゲノムサンプルからの高品質ゲノムの獲得
- 99.9%以上の読み取り精度でのシーケンシング
- GC含量に左右されない、均一なデータカバレッジ

サービス概要：国内のラボで実施、「DNA抽出、データ解析」もついています

▶取得データ量の目安は推定ゲノムサイズの約2-30倍程度を推奨します。

単離株ゲノムシーケンス解析/ロングリード・メタゲノム解析		
解析メニュー※1	作業内容	解析単価(税別)
300Mb(原核生物向け)	1. DNA抽出※2 2. ライブラリ調製 3. シーケンシング 4. 基本データ解析(下記参照)	¥ 150,000
1Gb		¥ 210,000
5Gb		¥ 505,000
10Gb		¥ 570,000
20Gb		¥ 655,000
30Gb		¥ 700,000
データ解析(株ゲノム)		アセンブリ、ゲノム構築、生物系統・遺伝子アノテーション
データ解析(メタゲノム)	アセンブリ、菌叢プロファイリング、遺伝子アノテーション、MAG解析(ビニング、生物系統推定)	

※1 シーケンスデータ量はDNA品質・サンプルにより変わるため、データ量の保証は行っておりません

※2 サンプル種によっては応相談になります。

菌叢解析 (全長16S rRNA遺伝子アンプリコンシーケンス)		
解析メニュー	作業内容	解析単価(税別)
全長16S rRNA遺伝子アンプリコンシーケンス	DNA抽出、ライブラリ調製 シーケンシング、菌叢プロファイリング	¥ 50,000

24検体以上でVolume discountも適用可能です！

1セル買い切りシーケンスプラン		
解析メニュー	作業内容	解析単価(税別)
ライブラリシーケンス (1セルあたり：50~90Gb)	ライブラリ調製(1検体分※3)、シーケンシングまで	¥ 700,000
追加データ解析	アセンブル・生物系統推定・変異解析など	お問い合わせください

※3 複数サンプルを1セルにシーケンスする場合は、追加検体ごとのライブラリ調製費用をいただきます

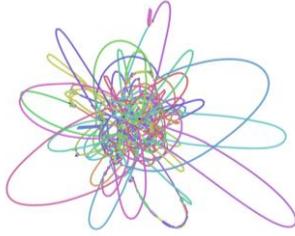
# HiFi-readが実現する高精度解析

## ✓ 完全長ゲノムの獲得

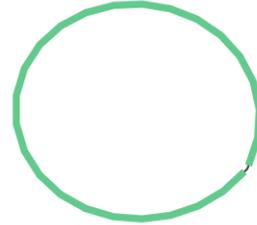
*Parasutterella gallistercoris* (腸内細菌の1種)のゲノム解析比較

Short-read : 平均リード長: 150 bp

PacBio HiFi-read : 平均リード長: 9,207 bp



Contig数: 289

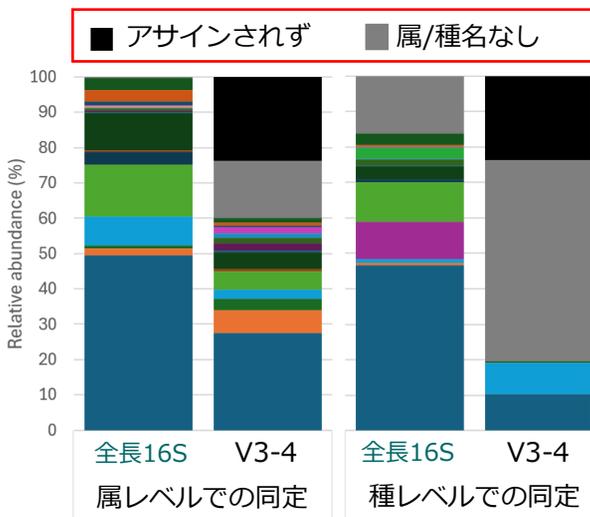


Contig数: 1 (完全長ゲノム)

従来のショートリードシーケンスによるアSEMBルでは多数のContigとギャップ(隙間)ができていますが、HiFi-readではショートリードと同程度のデータ量で完全長のゲノムが構築されました。完全長ゲノム配列獲得を目指す上でHi-Fi readは非常に有効なツールになります。

## ✓ 全長16S rRNA領域の細菌叢解析

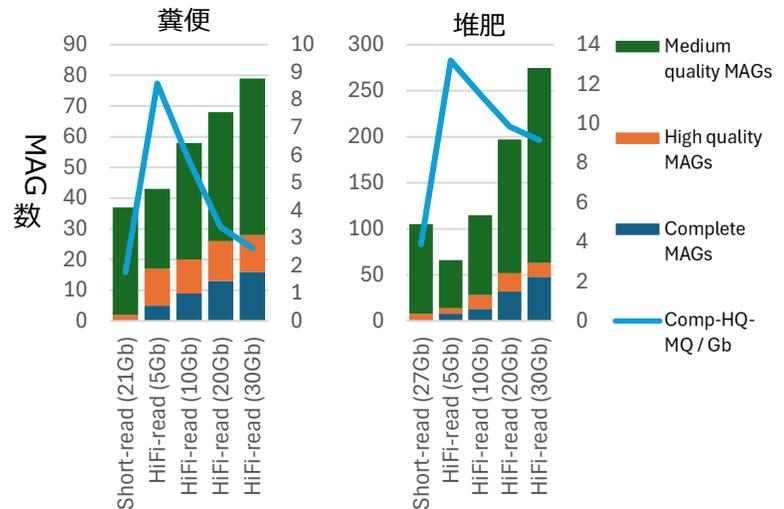
糞便検体を用いた全長16SとV3-4領域の菌叢解析比較



## ✓ ロングリードメタゲノムによる高精度解析

ショートリードとHiFi-readのMAG解析の比較

MAG: Metagenome-Assembled Genome



全長16S rRNAの細菌叢解析はショートリードを用いた従来の16S rRNAではアノテーションがつかない細菌や種レベルでの高解像度での解析を実現します。

HiFi-readによるロングリードメタゲノム解析は従来のショートリードのメタゲノム解析を凌駕する高効率なMAG獲得を実現します。

提供サンプル		
	サンプル量	濃度
ゲノムDNA※1	3 µg以上※2	30 ng/µL以上
細菌単離株	細胞数 : 5 × 10 <sup>9</sup> cells以上が目安です。菌種は事前にご相談ください。	
糞便、土壌、海水、温泉などメタゲノム用のサンプルや、その他真核生物についてもご相談ください		

※1 推奨バッファーは10mM Tris-HCl pH8.0です。EDTA濃度は0.1 mM以下としてください。

※2 要件量よりDNA量が少ないサンプルでもご相談ください！

### bitBiome株式会社

E-mail: [service@bitbiome.co.jp](mailto:service@bitbiome.co.jp)

Web: <https://www.bitbiome.co.jp/>

〒162-0041

東京都新宿区早稲田鶴巻町513

早稲田大学121号館 415号室



お問合せ先

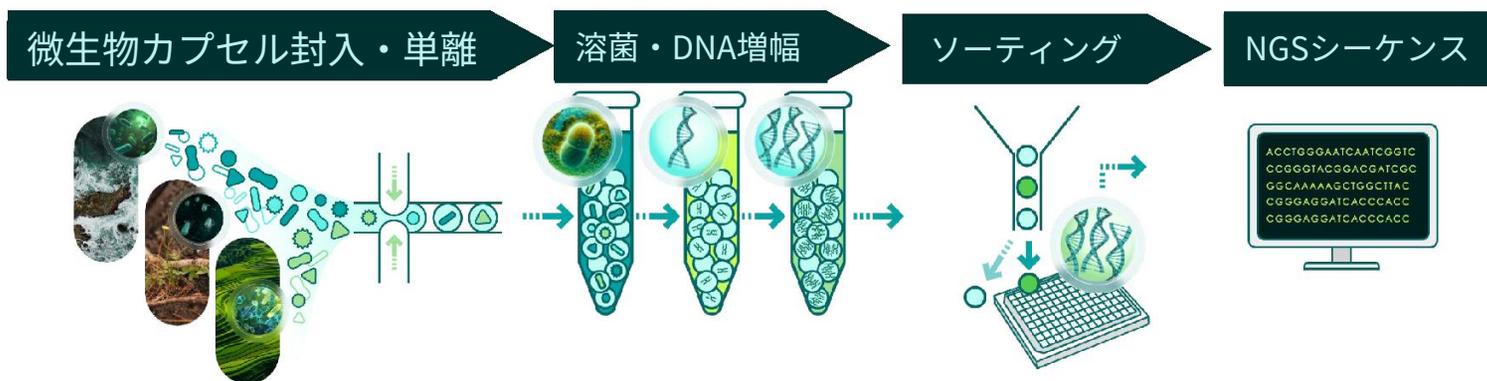
代理店

# 微生物シングルセル ゲノム解析

マイクロバイームを  
1細胞レベルで理解する  
次世代技術



## シングルセルゲノム解析フロー



マイクロ流路で、検体から個々の微生物をゲルカプセルに封入し単離

チューブに集めた数万個のカプセル内で、溶菌・ゲノム増幅を実施

ゲノム増幅された個々のカプセルをFACSで384-ウェルプレート上に分取し、NGSで各々の全ゲノム配列を解析

環境微生物、腸内細菌、病原微生物、薬剤耐性菌も  
従来法では培養・解析困難な細菌の高精度な機能解析を実現

解析メニュー	データ量	納期	単価(税別)
1プレート (384-well plate)	20 Gb	6週間	¥ 450,000
	30 Gb		¥ 580,000
3プレート	100 Gb		¥ 1,000,000 (初回)

## サービスの流れ

検体を送るだけで検体調製～データ解析まで一式実施します

### お打ち合わせ・サンプル送付

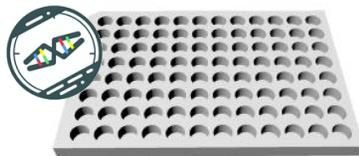


#### ◆サンプル解析例

糞便、皮膚、唾液、口腔内プラーク、  
土壌、汚泥、温泉、海水、メタン発酵液  
検体そのまま、または細菌懸濁液で受入

### 微生物シングルセルゲノム解析

384-wellプレート上に分取した  
細菌ゲノムをシーケンス・解析



### 納品物

- ・シーケンスデータ(Fastq)
- ・遺伝子推定結果
- ・アミノ酸・ゲノム配列等
- ・データ解析レポート

解析レポート例  
(腸内細菌)



## シングルセルゲノム解析の特徴



### 培養不要なプロセス

これまで培養条件検討に時間がかかっていた微生物や発育が遅い微生物など、  
難培養性微生物の高精度な機能解析が可能になります。



### 解析困難なサンプルにも適用

DNA量が少ない、人由来などの宿主DNAのコンタミが多いといった従来のメタゲ  
ノム解析では解析が難しい検体も解析可能です。多様な検体で高精度なゲノム解析  
や、新規微生物の探索が実現できます。



### 株レベルの高解像度解析

従来のメタゲノム解析では属・種レベルまでしか得られない情報もシングルセル  
ゲノム解析が株レベルの解像度で実現できます。菌叢中のプラスミド/ファージと  
宿主との紐づけも可能になります。

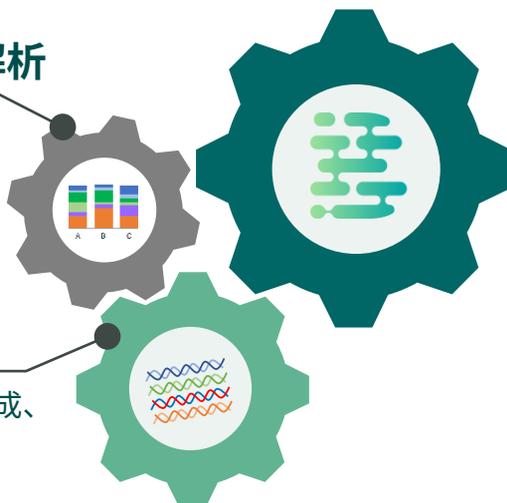
bitBiomeが研究目的に応じた最適な解析サービスをご提案します

### 16S rRNAアンプリコン解析

- ・微生物叢に含まれる菌の組成を  
手早く知る

### ショットガン メタゲノム解析

- ・微生物叢全体の菌叢・遺伝子組成、  
機能を知る



### 微生物シングルセル ゲノム解析

- ・微生物叢の個々の菌が持つ機  
能を知る
- ・メタゲノムで解析が困難な  
近縁種も解析
- ・個々の微生物のプラスミド・  
ファージ配列も精緻に解析

難しそうなサンプル種の相談も、目的に応じた解析手法の相談も  
柔軟にお打ち合わせ可能です！まずはご相談ください！