

ヒト全エクソーム解析

高いオンターゲット率と低い重複率により、
少ないデータ量でも効果的にバリエントを同定

国内ラボ実施

TWISTパネル
+
DNBSEQ



44,550円~/サンプル (生データ納品)

72,050円~/サンプル (解析込み)

* いずれも4サンプル以上でのご依頼の場合

プロモーションコード : DNBTWESN21

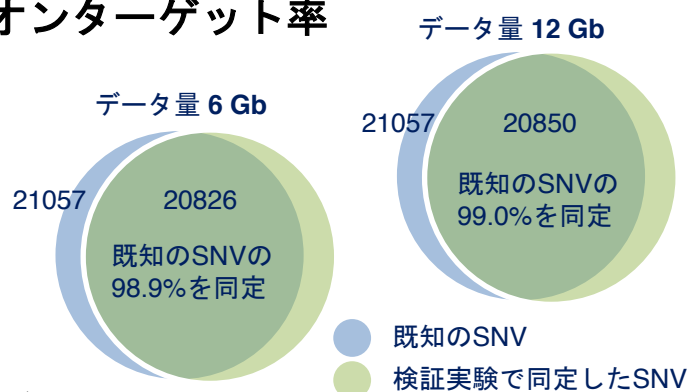
ProLab認定記念キャンペーン

2021年12月末のご注文確定分まで

■ データ量6 Gbで>20xカバレッジ97%のオンターゲット率

ヒト標準DNA試料NA12878を用いた弊社検証実験
少ないデータ量でも既知のバリエントの大部分を同定

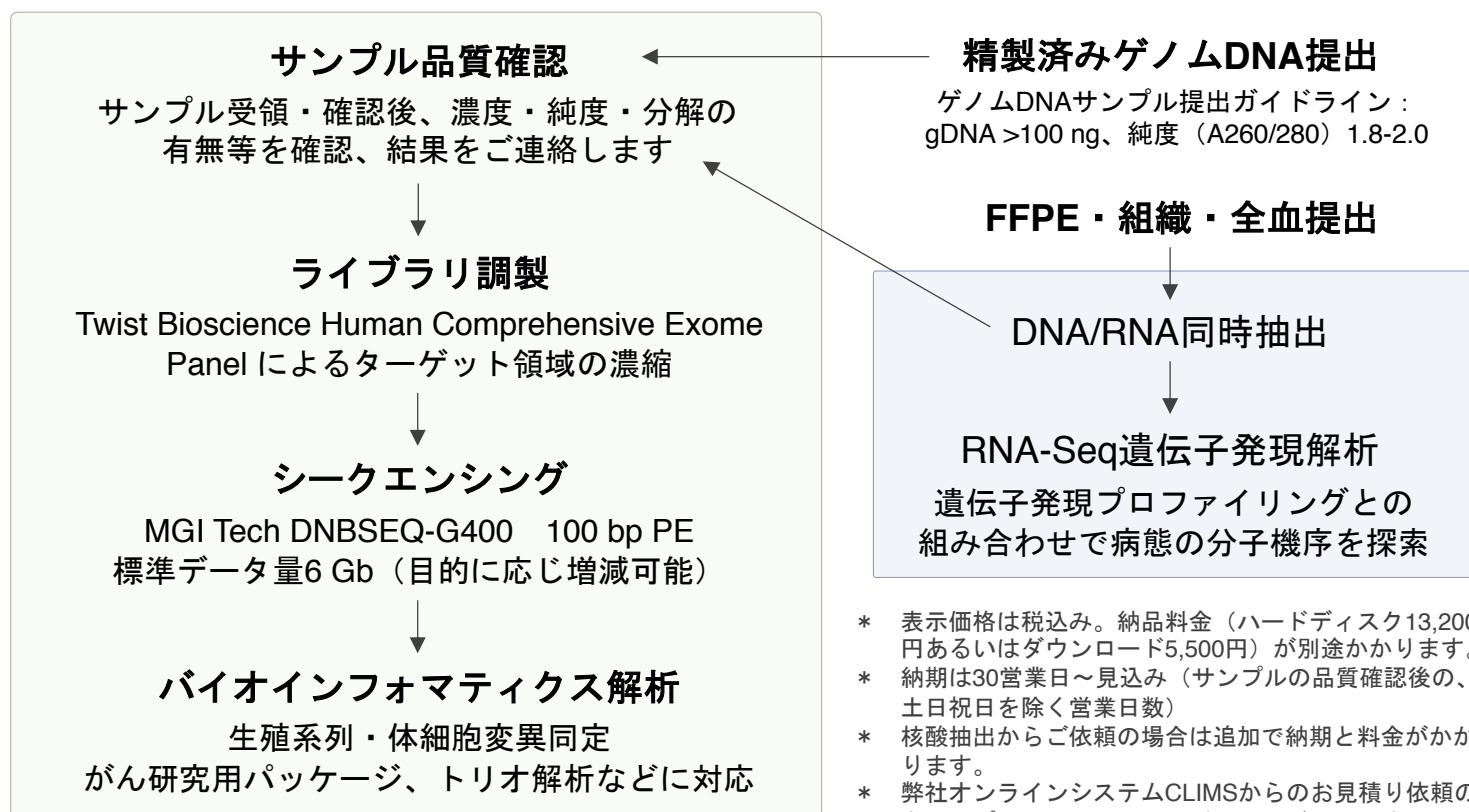
データ量(塩基数)	6 Gb	12 Gb
重複率	1.7%	3.4%
カバレッジ(中央値)	78.7	157.2
>20xカバレッジの塩基の割合	97.0%	97.9%
>100xカバレッジの塩基の割合	24.0%	80.9%



* データ量6 Gbは、12 Gbの結果をデータ量のみダウンサンプリングしたものと見なします。

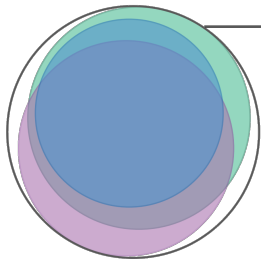
* 652の既知のInDelについては、97.1% (データ量6Gb) 、98.5% (データ量12 Gb) の高精度で検出。

■ 安心のジーンウィズ国内ラボWES解析サービス



- * 表示価格は税込み。納品料金 (ハードディスク13,200円あるいはダウンロード5,500円) が別途かかります。
- * 納期は30営業日~見込み (サンプルの品質確認後の、土日祝日を除く営業日数)
- * 核酸抽出からご依頼の場合は追加で納期と料金がかかります。
- * 弊社オンラインシステムCLIMSからのお見積り依頼の際に、プロモーションコードの入力が必須です。

Human Comprehensive Exome Panel

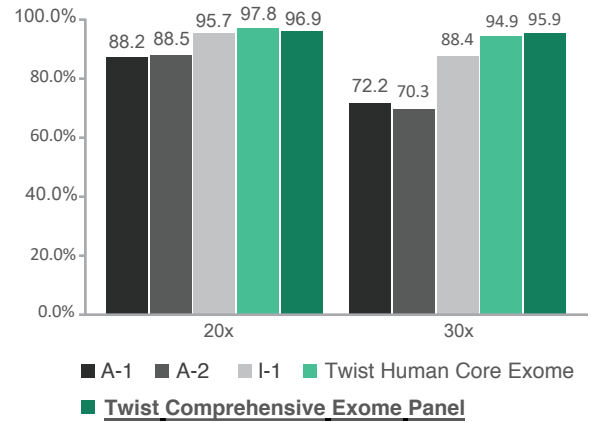


- **Twist Comprehensive Exome**
Most comprehensive content that combines targets from CCDS, RefSeq and GENCODE databases.
- **CCDS**
 - 343, 880 exons
 - 33.2 Mb
 - All included in RefSeq
 - 0.007 Mb not in GENCODE v28
- **RefSeq**
 - All cds
 - 1,362,515 exons
 - 36.0 Mb
- **GENCODE**
 - V28 basic
 - 555,401 exons
 - 34.8 Mb
 - 0.6 Mb unique relative to RefSeq

Twist Comprehensive Exome Panelは、36.8 Mbのヒトタンパク質コード遺伝子をターゲットとし、RefSeq、CCDS、GENCODEデータベースの99%以上をカバーしています。プローブ設計とワークフローの最適化により、他社製品と比較してより高いターゲットカバレッジ率を誇ります。

www.twistbioscience.com/resources/product-sheet/twist-comprehensive-exome より引用改変

TARGET COVERAGE



All Samples subsampled to 150x raw sequencing coverage.

ジーンウィズ ヒト全エクソーム解析フローの概要



マッピング
低品質リード等を除いたクリーンデータをヒトリファレンスゲノムにマッピング、カバレッジ率やオンターゲット率などの統計値を表示します。

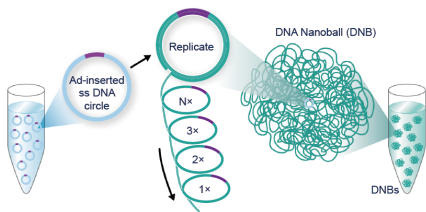
生殖系列多型の同定
一塩基多型 (SNV)、挿入欠失 (InDel) およびコピー数多系 (CNV) をコール。家系情報を利用できるサンプルでは、優性・劣性遺伝、新規変異によるフィルタリングを行います (一部追加解析)。

体細胞多型の同定
がん研究を目的とした、同一個体由来の正常部位 対 腫瘍部位の比較では、正常・腫瘍部位に共通する生殖系列変異を除外、体細胞変異を検出します。

フィルタリング アノテーション
1000Gプロジェクトなどのゲノム多型カタログでの観察頻度やアミノ酸配列への影響などをもとに疾患への関連のより強い多型を抽出。各種疾患データベースや病原性評価データを用いて、各多型に注釈付けを行います。

Cancer Driver Gene Analysis、Mutational Signature Analysisなどの追加解析もございます。ご相談ください。

MGI tech DNBSEQ-G400



一本鎖環状DNAライブラリからローリングサークル増幅によりDNAナノボールを生成。常に元の分子をテンプレートとして増幅することでエラーの蓄積を軽減。標準出力はFASTQ形式のため、基本的に既存のパイプラインで解析が可能です。



弊社国内ラボでは2020年より導入、サービス開始。

これまでにRNA-Seqのほか、全ゲノム解析、10x Genomicsシングルセル解析およびVisiumライブラリのシーケンシングを実施。その品質と費用対効果で大好評をいただいております。

標準仕様*	リード数/レーン**	データ量/レーン**	品質 (Q30) **
150 bp PE	3.5~4.5億PEリード	105~135 Gb	>85%

* Twist Panelを用いた弊社WES解析サービスでは、100 bp PEの条件で最適化しているため、100 bp PEにトリミングした上で生データ納品あるいは解析を実施します。

** データ出力・品質はライブラリの特長により影響されるため、目安となります。保証するものではありません。

日本ジーンウィズ株式会社

〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9番15号 NFパークビルディング 4F
TEL. 03-6628-2950 FAX. 03-6628-2951
E-mail. NGS.Japan@genewiz.com

www.genewiz.com/ja-JP

取扱店・代理店記入欄

NGS027FL-R0-2108TC