

ノボジーン | キャンペーン

Revioロングリード受託解析一番乗り! ロングリードでも安定の**業界最安値!**

サンプル数量限定キャンペーン

ロングリード・先着100フローセル限定スペシャル価格

サービス名	備考	特価(税別)
Pacbio Revio 1 cell package	HiFi library and 1 SMRT cell (標準データ量90Gb) (ライブラリー作製とシーケンスのお得なセット)	業界最安値にコミット! 応相談
Pacbio Sequel IIe SMART Cell	フローセルシーケンス (別途ライブラリー作製費用70,000円(税別)が必要です)	444,000円
Nanopore Flow Cell (PromethION)	フローセルシーケンス (別途ライブラリー作製費用67,000円(税別)が必要です)	333,000円

キャンペーン提供条件: サンプルはヒト、動物、植物由来、あるいはメタゲノムシーケンス用であること。
その他の経費について: 上記の他に、データ返却費用(クラウド 100Gb毎4,300円 あるいは 1T HDD 12,000円等、税別)、データ解析費用(オプション)が生じます。サンプルの海外発送費用は本キャンペーンにつき無料です。

ISO-Seq・先着100サンプル限定スペシャル価格

サービス名	備考	特価(税別)
Iso seq 30Gb data/sample	10サンプル以下の場合の特価	51,400円
Iso seq 40Gb data/sample	10サンプル以下の場合の特価	68,800円
Iso seq 30Gb data/sample	11サンプル以上の特価	44,000円
Iso seq 40Gb data/sample	11サンプル以上の特価	59,800円

キャンペーン提供条件: 一度のご注文で485,000円以上のお買い上げであること。サンプルはヒト、動物、植物由来であること。
その他の経費について: 上記の他に、ライブラリー作製費用68,500円(税別)、データ返却費用(クラウド 100Gb毎4,300円 あるいは 1T HDD 12,000円等、税別)、データ解析費用(オプション)が生じます。サンプルの海外発送費用は本キャンペーンにつき無料です。

サンプル要件

ライブラリータイプ	サンプルタイプ	サンプル量	液量	濃度	純度
PacBio HiFi ライブラリー (DNA)	HMW Genomic DNA	≥ 9μg (セル毎に5μg追加)	≥ 50μL	≥ 70 ng/μL	OD260/280=1.75~2.0; OD260/230=1.5~2.6; NC/QC=1.00~2.20; 断片長 ≥ 30K
ISO-Seq (PacBio)	Total RNA	≥ 1.2μg	≥ 30μL	≥ 40 ng/μL	RIN ≥ 6.5; OD260/280=1.8~2.2; OD260/230=1.3~2.5; NC/QC ≤ 2.0
Nanopore PromethION DNA library	HWM* Genomics DNA (Human/ Plant/ Animal)	≥ 8.5μg	≥ 50μL	≥ 100 ng/μL	OD260/280=1.75~2.0; OD260/230=1.4~2.6; NC/QC**=0.95~3.00; 断片長 ≥ 30K

PacBio Revioロングリード受託解析開始 世界最速でバリレーションデータを公表!

ノボジーンにインストールされたRevioは、 最大で110Gb HiFiリード/SMRT Cellのデータ量をアウトプットしました

ノボジーンはPacBio社の最新型シーケンスシステム—Revioをインストールしました。このシステムは高いスループットとデータ品質において並外れたパフォーマンスを持っており、従来のSequel IIeシステムの15倍である1日あたり360GbのHiFiリードを産出することができます。ノボジーンはこのシステムを用いて、植物、動物、そしてヒト由来のサンプルからHiFiライブラリーを作り、バリレーションランを実施しました。その結果、PacBio社が公表している標準データ量である90Gbを遥かに超える110.5Gb/SMART Cellのデータアウトプットを得ることができました。この素晴らしいRevioシステムを用いて、ノボジーンは高出力HiFiリードシーケンスやメチレーション解析で幅広い研究分野をサポートします。

Revioシステムによるヒト全ゲノムシーケンスのデータ解析

ヒト全ゲノムのマッピング率は99.91%、全ゲノムのカバレッジは99.64%、平均シーケンスデプスは38Xを達成しました。

表4. Revioシステムでシーケンスしたヒトサンプルのマッピング統計値

Species	HiFi Yield (Gb)	Clean Reads	Mapped Reads	Mapping Rate (%)	1X Coverage Rate (%)	4X Coverage Rate (%)	10X Coverage Rate (%)	20X Coverage Rate (%)	Mean Depth
Human Sample	110.5G	5,555,691	5,550,504.00	99.91	99.64	99.26	98.67	94.37	38

1枚のSMART Cellを用いてヒトゲノムシーケンスを行い、110.5Gb (平均Q値31.3)のデータが得られました。これを解析したところ、Human Whole Genomeへのマッピング率は99.91%で、全ゲノムの実に99.64%がカバーされました。また、シーケンス・デプスの平均値は38でした。カバレッジ率はゲノムの94%以上のエリアで20倍を超えており、たった1枚のSMART Cellでも十分に高精度かつゲノムワイドなロングリードシーケンス解析が可能であることが示されました。

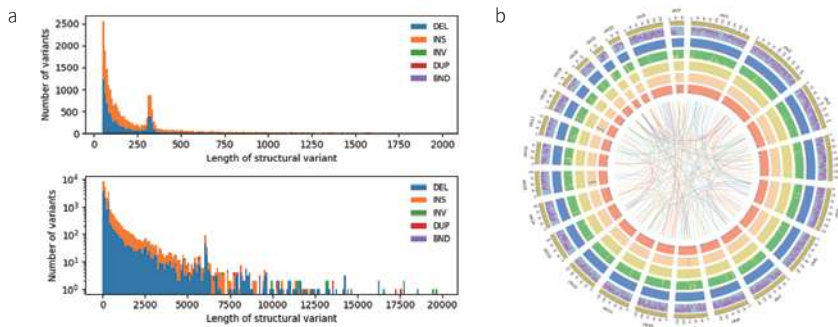
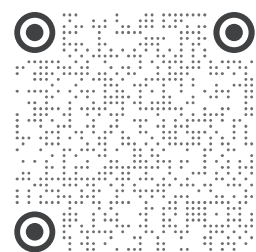


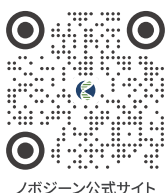
図1. ヒト全ゲノムリシーケンス (WGS) データの解析結果

図1. (a): 構造変異長の統計値。(b): circos plotは、転座、挿入、欠失、逆位、コピー数変異、ショートタンデムリピート、遺伝子、染色体を含む変異染色体の密度を示しています。

本実験の詳細は弊社ニュースリリース「Novogene's Revio Data: Achieving Maximum 110Gb HiFi Reads per SMRT Cell!」をご参照下さい。



<https://jp.novogene.com/about/news/novogenes-revio-data-achieving-maximum-110gb-hifi-reads-per-smrt-cell/>



ノボジーン株式会社

jp.novogene.com amea-jk-sales@novogene.com
[NovogeneAIT](https://www.linkedin.com/company/novogene) [NovogeneAMEA](https://www.facebook.com/novogeneamea) [NovogeneJapan](https://twitter.com/novogenejapan)
 〒103-0025 東京都中央区日本橋茅場町2-7-10茅場町第3長岡ビル7階

販売代理店



株式会社ASTRIDE

<http://www.astride.jp> | info@astride.jp