

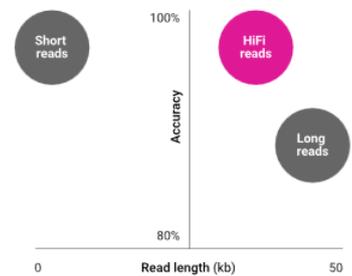
# ロングリード解析 サービス PacBio® Sequel IIe System

## CCS mode (Circular Consensus Sequencing)

- ・インサート領域を複数 pass することで高精度のリードを取得
- ・~20kb ものロングリードかつ高精度の HiFi リードを生成

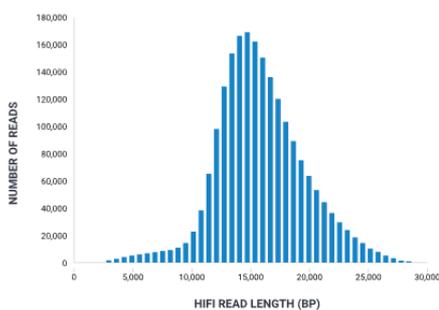
## CLR mode (Continuous Long Read)

- ・数十 kb 以上のロングリードデータを取得可能



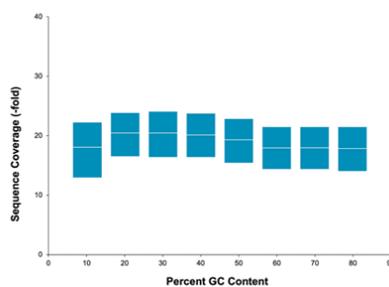
### ■ ロングリード

数十kb のリード長により  
ゲノムアセンブルを容易にし、  
完全長 cDNA の  
シーケンスが可能となります。



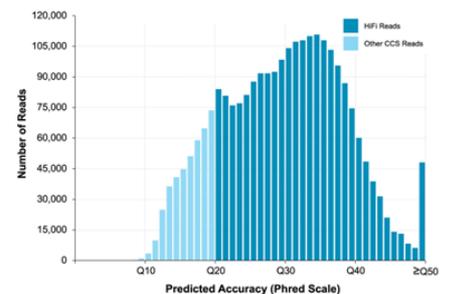
### ■ 均一なカバレッジ

GC 含量の偏りによる影響を受けにくく、  
カバレッジが一定となります。  
リピートやホモポリマー配列の  
シーケンスにも有効です。



### ■ 高精度

CCSを用いて99.9%以上の精度を  
持つHiFiリードを生成します。



※ データ量やリード長は、サンプル品質・アプリケーション等により異なります  
Pacific Biosciences Sequel long-read system webpage を基に作成

業界トップランナーによる技術監修の下で丁寧に対応

#### ゲノム編集

標的遺伝子の特定後の  
ゲノム編集にも対応

取締役CTO  
山本卓



#### バイオDX

実験系の設計力や  
豊富な解析ノウハウ

科学技術顧問  
坊農秀雅

## サービス概要

取組 事項	<ul style="list-style-type: none"><li>■ <i>de novo</i> ゲノムシーケンス<ul style="list-style-type: none"><li>— お客様からDNAサンプルを送付頂き、SMRTbell ライブラリを作製</li><li>— 塩基配列データを取得して HiFi 配列を構築</li></ul></li><li>■ Iso-Seq (完全長 cDNA・アイソフォームプロファイリング)<ul style="list-style-type: none"><li>— お客様からRNAサンプルを送付頂き、mRNAを分類するためのタグを付与したライブラリを作製</li><li>— 塩基配列データを取得して CCS 配列を構築</li></ul></li><li>■ その他のアプリケーションについてはお問い合わせください。</li></ul>	
	納期	■ 1~2ヶ月 (サンプルの品質/数量に応じて変動)
	価格	■ 70万円/セル~ <ul style="list-style-type: none"><li>— CCS/HiFi mode: データの目安量は 10~30Gb/セル</li><li>— CLR mode: データの目安量は 80Gb/セル</li><li>— DNA/RNA 抽出も依頼される場合は追加で3万円/サンプル</li></ul>

※サンプル品質に依存するため、データ保証はできません

## オプション

アSEMBル ・ アノテーション	■ 取得HiFi/CCSリードを統合後、目的の機能と遺伝子を紐付けます。	料金は お問い合わせ ください
コンサルティング	■ データの取得・解析の方法から、研究開発や事業化の戦略までご相談ください。	

コンサルティング面談  
2回分無料!

## 【ご依頼の流れ】

まずは、お見積もりをご依頼ください。  
解析内容等についてもお気軽にお問い合わせください。



プラチナバイオ株式会社  
サービス担当

E-mail : service@pt-bio.com  
弊社HPの問い合わせフォームからも  
受け付けております

プラチナバイオ株式会社



“ゲノム編集とバイオDXでミライを拓く”をビジョンに掲げ  
▶産業利用に最適な「ゲノム編集」技術  
▶生物機能を最大限引き出す「バイオDX」技術を駆使して、  
人類が直面する社会課題を解決する革新的な製品・サービスを開発・提供します。