

サービス
ご利用の流れ

お客様

ユーロフィン
ジェノミクス

お問合せ

見積書ご提案
依頼書ご案内依頼書送付
サンプル送付

受注・サンプル受領

QC結果をご確認

サンプルQC

解析

今後の方針をご相談
(サンプル再調整、解析中止など)

解析結果お受取

解析結果ご報告

※ 弊社サービスは販売代理店様を通して販売させていただきます。ご依頼の際は販売代理店様をご指定ください。

お問合せは
ホームページ
からユーロフィンジェノミクス株式会社
次世代シーケンスサービス

●お問い合わせ●

〒101-0065 東京都千代田区西神田3-8-1 千代田ファーストビル東館12F
TEL:03-6631-0106 E-mail: ngs-jp@eurofins.com

●サンプル送付先●

〒143-0003 東京都大田区京浜島 3-5-5 日通京浜島センター新棟2F

代理店

ユーロフィンジェノミクス株式会社
eurofinsgenomics.jp

Genomics



Genomics

次世代シーケンスサービス
アプリケーションのご紹介

お手頃なバリュープライス

初めてでも安心・丁寧なコンサルテーション

Webから簡単なお問合せ

Illumina NovaSeq 6000/
HiSeq X/NextSeq/MiSeq

Re-sequencing & Transcriptomes

16S Microbiome Testing

PacBio RS II/Sequel/Sequel II

GRAS-Di® Genotyping

Courtesy of Illumina, Inc.
Courtesy of Pacific Biosciences of California, Inc., Menlo Park, CA, USA

ユーロフィンジェノミクス株式会社

eurofinsgenomics.jp

GRAS-Di[®] 技術によるゲノム解析

GRAS-Di[®] 技術はトヨタ自動車株式会社にて開発されました

2回のPCR反応によりゲノムを一様にカバーしたアンプリコンを増幅後、
次世代シーケンサーにてシーケンスを行い、
独自に開発されたソフトでジェノタイピング解析を行います。

- ゲノムワイドなジェノタイピング
- コスト良く迅速に、マーカー探索、マーカー選抜、QTL解析、連鎖地図作成等をサポート

サービス内容

- GRAS-Di[®]ライブラリ調製
- NovaSeq6000によるシーケンス
- GRAS-Di[®]解析ソフトによるシーケンスデータの解析
(アンプリコンの有無をベースにしたジェノタイピング結果、
アンプリコンマーカーのマッピング)
- 〈オプション〉ゲノム情報が利用可能な生物種では、バイオ
インフォマティクスのご相談を承ります (SNP抽出)。

※解析可能な生物種についてはお問い合わせください。
(対応実績：120生物種以上、4万検体以上 2021年3月現在)

納品データ

- シーケンシング配列データ (fastq形式)
- GRAS-Di[®]解析ソフトによる解析結果 (Excelで閲覧可能な形式)
- 共優性マーカーの詳細情報 ※
- アンプリコンのマッピング位置情報 ※

※解析のご対応可能な場合に納品させていただきます。

サンプル条件

- gDNA:>30ng/ul,>20ulをお送りください。
- 濃度はUVを用いた吸光光度法により測定・ご確認ください。
- TEへ溶出したgDNAサンプルをご準備ください。
- 電気泳動法などを利用し、RNA のコンタミネーションがないこと、
gDNAが分解していないことをご確認ください。

① サンプルライブラリ調製

2回のPCR反応によりゲノムを一様にカバーしたアンプリコンを増幅

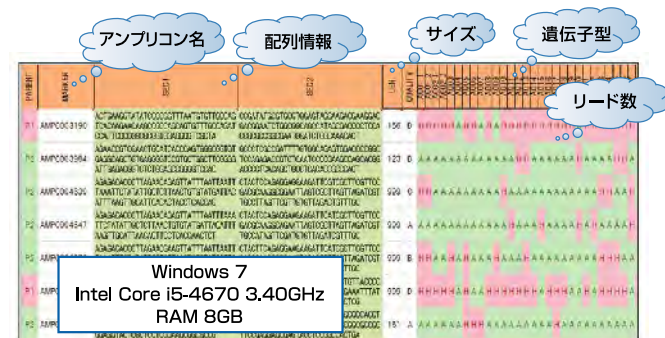
② シーケンス

次世代シーケンサーにて

③ 独自に開発されたソフトで解析

アンプリコンマーカー検出と検出したマーカーを用いたジェノタイピング

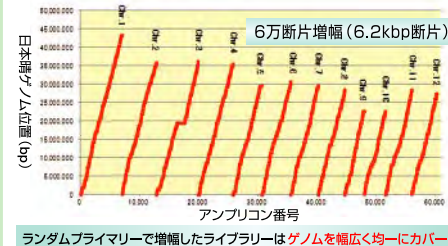
▽解析結果ファイルの内容



GRAS-Di[®] 技術によるイネ解析の例 (トヨタ自動車様発表資料より)

イネゲノムでのDNAライブラリー分布

▽イネ品種日本晴DNAライブラリーのリードデータ (MiSeq) を
リファレンス配列にマッピング



ランダムプライマーで増幅したライブラリーはゲノムを幅広く均一にカバー

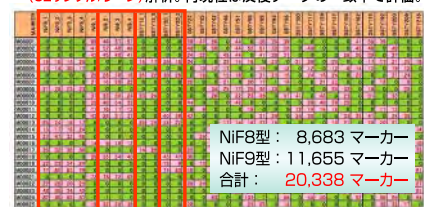
解析結果

試験	①	②	③
サンプル数/レーン	24	54	96
Gbp	166.1	72.0	38.0
マーカー数	7,931	4,257	3,438
欠測率	0.12%	0.12%	0.13%
再現性	99.975%	99.965%	—

高い再現性 (99.9%)・低い欠測率で数千SNPを検出

次世代シーケンサーHiSeq解析

▽サトウキビ品種NIF8とNIF9、後代22系統をHiSeq2500
(32サンプル/レーン)解析。再現性は反復データの一緻率で評価。



欠測値無、反復間の一緻率 99.96%

GRAS-Di (グラス ディーアイ) Genotyping by Random Amplicon Sequencing-Direct

GRAS-Di[®]はトヨタ自動車株式会社の登録商標です。
*特許登録済み「特開2018-42548」

※記載の価格は2021年4月現在の税込価格です。価格変更する場合がありますので予めご了承ください。

参考価格 (税込) ※96ウェルプレートでサンプルご提出の場合。

標準プラン (目安：96 サンプル程度)

仕 様	価 格	納 期
96サンプル、NovaSeq6000、500Mreads/total、 データ解析なしの場合	¥484,000 1サンプル約¥5,000	サンプルQC合格後 6～9週間
96サンプル、NovaSeq6000、500Mreads/total、 データ解析ありの場合	¥539,000 1サンプル約¥5,600	サンプルQC合格後 7～10 週間
オプション (バイオインフォマティクス)	ご 相 談	ご 相 談

NovaSeq6000による大規模解析サービス (目安：1000サンプル程度)

仕 様	価 格	納 期
1000サンプル、NovaSeq 6000 1レーン、データ解析なしの場合	ご 相 談	サンプルQC合格後 9～12週間
1000サンプル、NovaSeq 6000 1レーン、データ解析ありの場合	ご 相 談	ご 相 談
オプション (バイオインフォマティクス)	ご 相 談	ご 相 談

相乗りサービスによる小規模解析 (48サンプルからお受入れいたします)

仕 様	価 格	納 期
48サンプル、NovaSeq6000、250Mreads/total、 データ解析ありの場合	¥363,000 1サンプル約¥7,600	サンプルQC合格後 7～10 週間
オプション (バイオインフォマティクス)	ご 相 談	ご 相 談

※シングルチューブでサンプルご提出の場合の価格・納期はご相談ください。

GRAS-Di[®] 解析についてよくあるご質問 (FAQ)

Q1. GRAS-Di[®] 解析でできることは何ですか？

A1. ランダムプライマーによりゲノムワイドに増幅したアンプリコンのリード数に基づき、トヨタ自動車社のGRAS-Di[®]ソフトウェアにてジェノタイプの判定を行います。

Q2. 1サンプルあたり、1 SNPあたりの価格はいくらですか？

何サンプル、何レーンの解析になりますか？

アンプリコン・マーカーはどれくらい取れて来て、どれくらいゲノムをカバーできますか？

A2. 解析生物種のゲノムサイズや解析集団の種類 (家系集団、自然集団、など) によって解析結果 (マーカー数、SNP数) が変わってきます。詳細な解析がされたイネ、サトウキビの例をご参照いただき、まずは相乗りサービスで小規模な解析をお試し頂くことをお勧めいたします。

トランスクリプトーム解析

**NovaSeq
サービス!**

遺伝子配列リソースが充実した生物種において、
mRNA-Seqによるサンプル間の遺伝子発現量解析を行います。

● **rRNA枯渇にも対応**

サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- RNA精製 (ポリA精製 / rRNA枯渇処理)
- Strand-specific mRNAライブラリー調製
- NovaSeq6000 2x150bp

※ NovaSeq6000 1レーンの解析も承ります。

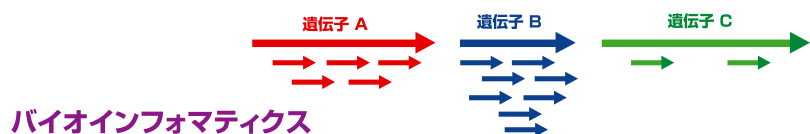
納品データ

- シーケンシング配列データ (fastq形式)
- マッピング結果データ (bam形式)
- 遺伝子発現量データ (Excelで閲覧可能な形式)

参考価格

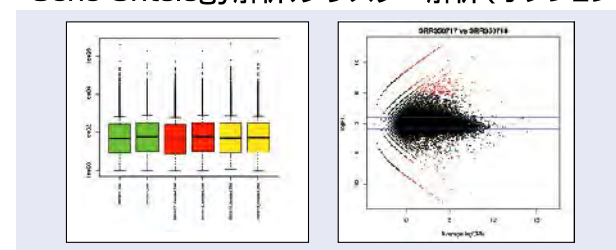
〈マルチプレックス (NovaSeq6000相乗り)、0.13億read~/sample、2Gb~/sampleの場合〉

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
1サンプル	¥33,000	+¥22,000
4サンプル	¥132,000	+¥88,000
10サンプル	¥330,000	+¥220,000



バイオインフォマティクス

- リファレンスへのマッピング
- マッピング解析、遺伝子発現量解析
- Gene Ontology解析、クラスター解析 (オプション)



〈1レーンの場合〉

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
NovaSeq 6000 40-50 億read/lane 40サンプル	ご 相 談	ご 相 談

その他の仕様についてはご相談ください。NovaSeq 相乗りの場合は、納品時に出荷費用 (USB の場合: +¥5,500、HDD の場合: +¥11,000) を頂戴いたします。

De novoトランスクリプトーム解析

遺伝子配列リソースを利用できない生物種において、
mRNA-Seq解析を行い、de novoアセンブルを行って遺伝子配列を構築します。

● **遺伝子発現量解析も対応可能**

サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- RNA精製 (ポリA精製 / rRNA枯渇処理)
- Strand-specific mRNAライブラリー調製
- NovaSeq6000 2x150bp

※ NovaSeq6000 1レーンの解析も承ります。

納品データ

- シーケンシング配列データ (fastq形式)
- コンティグ配列/トランスクリプト配列 (fasta形式)
- 遺伝子発現量データ (Excelで閲覧可能な形式)

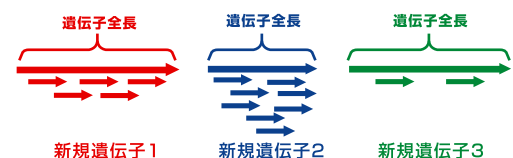
参考価格

〈マルチプレックス (NovaSeq6000相乗り)、0.13億read~/sample、2Gb~/sampleの場合〉

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
1サンプル	¥33,000	1生物種について+¥198,000
4サンプル	¥132,000	1生物種について+¥198,000
10サンプル	¥330,000	1生物種について+¥198,000

バイオインフォマティクス

- De novoアセンブル解析
- 遺伝子発現量解析 (オプション)



〈1レーンの場合〉

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
NovaSeq 6000 40-50 億read 40サンプル	ご 相 談	1生物種について +¥198,000

※記載の価格は2021年4月現在の税込価格です。価格変更する場合がありますので予めご了承ください。

ゲノム解析

**HiSeq X
サービス!**

ゲノム情報が利用可能な生物種の
変異・バリエーションの探索を目的とした、ゲノムリシーケンシング解析を行います。

● **カスタムサイズのライブラリー調製にも対応**

サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- ショットガンライブラリー調製
- HiSeq X, 2x150bp

※ HiSeq X 1レーン、NovaSeq 6000 1レーンの解析も承ります。

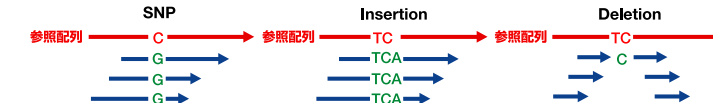
納品データ

- シーケンシング配列データ (fastq形式)
- マッピング結果データ (bam形式)
- 変異解析結果データ (vcf形式)

参考価格

〈マルチプレックス (HiSeq X相乗り)、10Gb~/totalの場合〉

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
1サンプル	¥70,400	+¥44,000
4サンプル	¥169,400	+¥132,000
8サンプル	¥301,400	+¥264,000



バイオインフォマティクス解析

- リファレンスへのマッピング
- SNP/In/Del候補抽出解析



〈1レーンの場合〉

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
HiSeq X 80-95Gb/lane, 最大120Gb/lane 4 サンプル	¥363,000	+¥132,000
NovaSeq 6000 600-750Gb/lane, 20サンプル	ご 相 談	ご 相 談

De novo ゲノム解析 (PacBio RSII/Sequel)

信頼性の高いPacBio シーケンサーによるロングリード技術を用いて
De novoゲノム解析を行います。

- 前処理のPCRを伴わない1分子によるリアルタイム (SMRT) 解析
- 高出力のSequelではゲノムサイズが大きな生物種にも対応!

サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- 20kbを目安に可能な限り大きいインサートサイズのSMRT Bellライブラリー調製
- PacBio Sequel v2 chemistry SMRT cellまたはPacBio RSII P6C4系 SMRT cell によりシーケンシング

バイオインフォマティクス

- De novoアセンブル解析

納品データ

〈PacBio RSII〉

- シーケンサー出力データ (bas.h5形式、bas.x5形式)
- シーケンシング配列データ (fasta/fastq形式)
- コンティグ配列データ (fasta形式)

〈PacBio Sequel〉

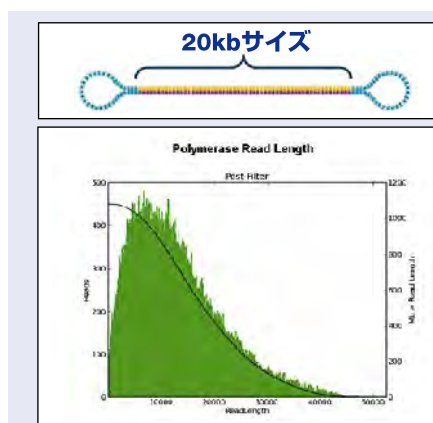
- シーケンサー出力データ (bam形式)
- コンティグ配列データ (fasta形式)

参考価格

	PacBio Sequel		PacBio RSII	
解析規模	目安解析量	価 格	目安解析量	価 格
1 SMRT Cell	3-5Gb	¥484,000	0.4-0.6Gb	¥242,000
2 SMRT Cell	6-10Gb	¥825,000	0.8-1.0Gb	¥374,000
3 SMRT Cell	9-15Gb	¥1,254,000	1.2-1.5Gb	¥572,000

最大リード長: 40kb以上、ライブラリサイズ: 20kb、バイオインフォマティクス: 無しの場合

PacBio Sequel II (目安データ量: 50Gb) のご依頼も承ります。詳しくはご相談ください。

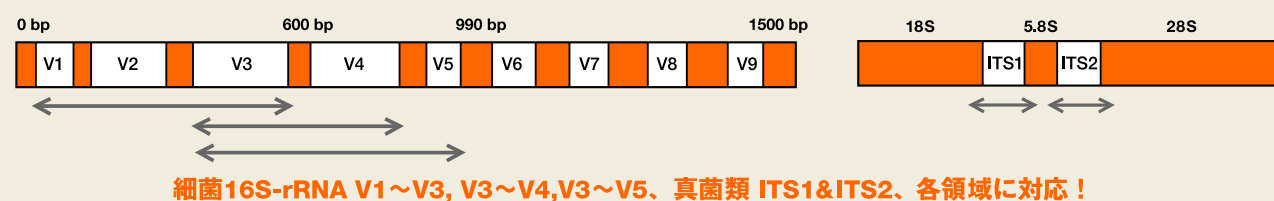


16Sメタゲノム解析

細菌叢内の16S-rRNAの系統的シーケンスを行います。
ゲノムDNAをサンプルとしてお預かりし、プライマー合成、アダプターPCR、
ライブラリプーリング、MiSeqシーケンシングまでのフルサポート解析を行います。

- 多様な領域に対応
- 種分類プロファイル解析
- ランダム配列を含む当社独自のアダプター

ランダム配列を含む当社独自のアダプターにより、クラスターパターンを最初に確定し、アプリコンシーケンシングで見られる、
Q値低下に対する改善を行っています。



サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- ご指定の領域をPCRにて増幅
- アダプター付加、ライブラリー調製
- MiSeq, 2x300bp シーケンシング

バイオインフォマティクス

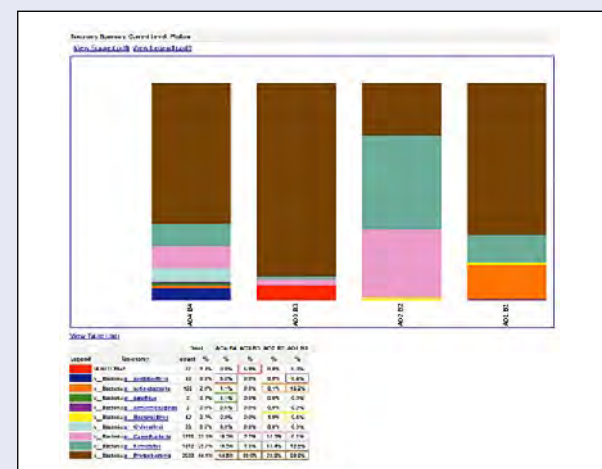
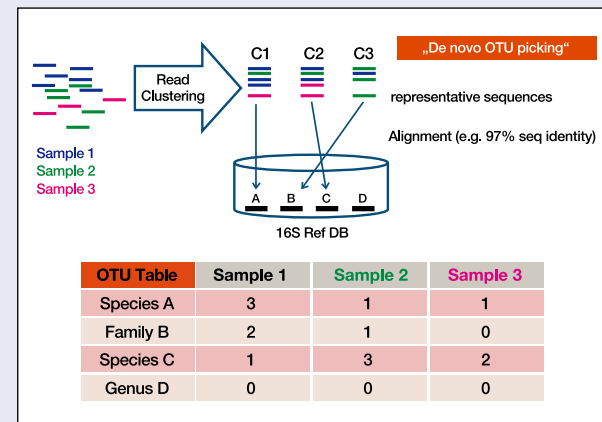
- 細菌叢のプロファイリング解析

納品データ

- シーケンス結果データ (fastq形式)
- リードのOTU (クラスタリング) 解析
- 各OTUについての種分類解析 (BLAST)
- 可視化データを含めた解析結果レポート

参考価格

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
6サンプル	¥198,000	+¥66,000
8サンプル	¥264,000	+¥88,000
12サンプル	¥396,000	+¥132,000



miRNA-Seq解析

QIAGEN社の信頼できるQIAseq miRNAを用いたライブラリ調製と、
Illumina社の次世代シーケンス技術を組み合わせた、miRNA解析サービスです。

- microRNAのシーケンス解析
- 安心の全作業国内解析！
- 無償のQIAGEN社クラウド解析環境を利用可能！

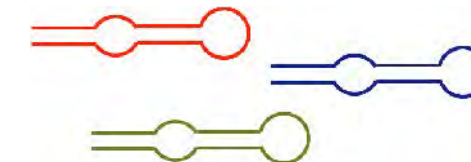
サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- QIAseq miRNA Library Kitを用いたライブラリ調製
- NextSeq 500/550, 1x75bp シーケンシング

バイオインフォマティクス解析

- QIAGEN社クラウド環境を使用したリード数の算出



参考価格

	シーケンス解析	バイオインフォマティクス解析
NextSeq 500/550, 1レーン 3.2億read/total 40サンプル	¥2,200,000 1サンプルあたり ¥55,000	+¥110,000

調製済みライブラリーシーケンス解析

お客様にて作製いただいたライブラリをシーケンス解析させていただきます。

- 多様な種類のシーケンサーに対応

サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- お客様調製済みライブラリーのシーケンシング(※)
- 対応機種：NovaSeq6000、HiSeq X、NextSeq、MiSeqなど

バイオインフォマティクス

- リファレンスへのマッピング
- SNP/In/Del候補抽出解析
- 遺伝子発現量解析 など

※お客様作製済みライブラリーのシーケンシングの場合は、
データ量の保証はできません。

価格についてはご相談ください。

バイオインフォマティクス解析

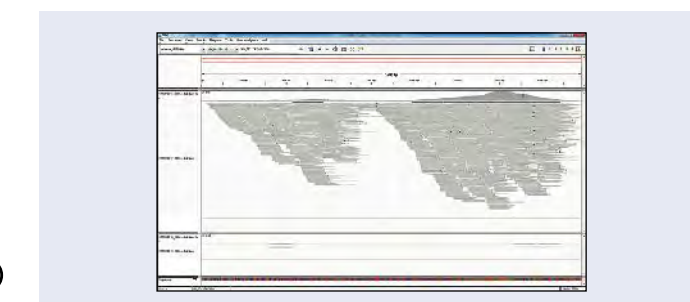
お客様のお手元にあるシーケンスデータについても
バイオインフォマティクスのご相談にのります。

- まずはご相談ください！

サービス内容

サンプルQC/シーケンス

- アダプタートリミング
- ゲノム解析 (マッピング、SNP/In/Del候補抽出)
- トランスクリプトーム解析 (マッピング、遺伝子発現量解析、
De novoアセンブル、Gene Ontology解析、クラスター解析)



価格についてはご相談ください。