

# 予算申請ウェビナー ウイルス、微生物編

イリミナ株式会社

マーケティング本部 プロダクトマーケティング部



© 2016 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, 24sure, BaseSpace, BeadArray, BlueFish, BlueFuse, BlueGnome, cBot, CSPRO, CytoChip, DesignStudio, Epicentre, ForenSeq, Genetic Energy, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, HiSeq X, Infinium, iScan, iSelect, MiniSeq, MiSeq, MiSeqDX, MiSeq FGx, NeoPrep, NextBio, Nextera, NextSeq, Powered by Illumina, SureMDA, TruGenome, TruSeq, TruSight, Understand Your Genome, UYG, VeraCode, verifi, VeriSeq, the pumpkin orange color, and the streaming bases design are trademarks of Illumina, Inc. and/or its affiliate(s) in the US and/or other countries. All other names, logos, and other trademarks are the property of their respective owners.

**illumina**<sup>®</sup>

# 本日の内容

- ▶ 次世代シーケンサーを活用する研究計画調書作成
- ▶ ウイルス・微生物アプリケーションの紹介
  - 微生物全ゲノム解析
  - ウイルスゲノム解析
  - メタゲノム解析
- ▶ 最適なNGSシステムの選び方

# 次世代シーケンサーを活用する研究計画調書作成



# 次世代シーケンサーを活用する研究計画調書作成

## ▶ 研究目的、研究方法など

- 研究の学術的背景、研究課題の核心をなす学術的「問い」
- 研究の目的および学術的独自性と創造性
- 研究で何をどのように、どこまで明らかにしようとするのか

## ▶ 研究経費とその必要性

- 設備備品の明細
- 消耗品費の明細
- 設備備品、消耗品費の必要性

# 次世代シーケンサーを活用する研究計画調書作成

## ▶ 研究目的、研究方法など

- 研究の目的： 疾患と関係する微生物の同定とメカニズムの理解
- どのように： メタゲノム解析による微生物のスクリーニング後、  
特定した原因菌の全ゲノム解析
- どこまで： 疾患を引き起こす遺伝子の特定

## ▶ 研究経費とその必要性

- 設備備品： 次世代シーケンサー（既存・新規）
- 消耗品費： シーケンス試薬、ライブラリー調製キット

研究計画調書作成に必要な情報をご提供

# ウイルス、微生物研究におけるNGSの活用例



## 生物学

有用微生物の同定  
機能遺伝子解析



## 公衆衛生

原因菌の同定  
感染経路の特定



## 医学

健康・治療  
との関連性  
メカニズムの解明



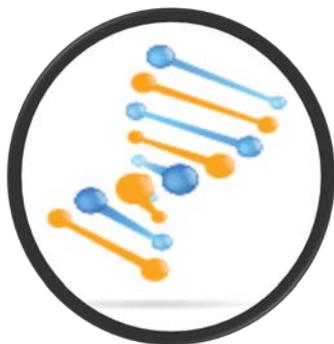
## 農学・環境

環境調査  
モニタリング

全ゲノム解析・メタゲノム解析

# NGSが活用されているアプリケーション

## 微生物ゲノム解析

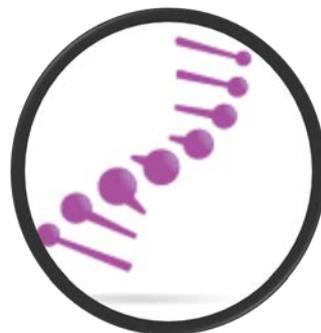


特定の微生物、ウイルスの解析

全ゲノムの配列情報  
遺伝子機能解析

分子系統樹の作成  
感染経路の特定  
病原性遺伝子の同定

## ウイルスゲノム解析



## メタゲノム解析

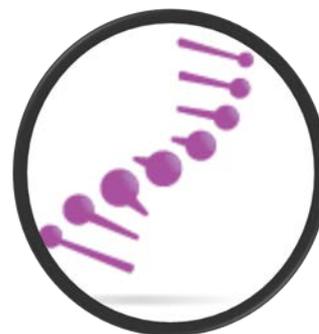
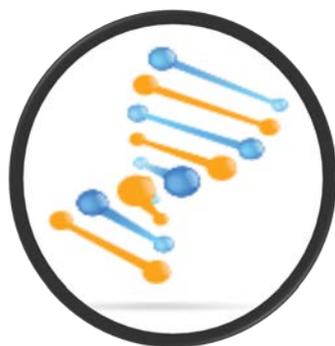


微生物群集の解析

微生物群の種類  
の同定  
存在比率の推定

特定微生物菌種の同定  
環境と微生物叢の  
関係性の解明  
バイオマーカーの発見

# 微生物向けアプリケーションに求められる条件



	微生物ゲノム解析	ウイルスゲノム解析	メタゲノム解析
ゲノムサイズ	数Mb	数Kb	-
単離培養	必要	必要/不要	不要
リード長	300bp以上	300bp以上	500bp以上
データ量	ゲノムサイズの 30~100倍	ゲノムサイズの 100倍以上	10万リード

アプリケーションに最適な装置、試薬を選択

# イルミナNGSを利用した微生物研究ワークフロー



最適なワークフローと機器、消耗品をご紹介します

# 本日の内容

- ▶ 次世代シーケンサーを活用する研究計画調書作成
- ▶ **ウイルス・微生物アプリケーションの紹介**
  - 微生物全ゲノム解析
  - ウイルスゲノム解析
  - メタゲノム解析
- ▶ 最適なNGSシステムの選び方

# 微生物全ゲノム解析



# 微生物に存在する特定の遺伝子を同定するには 全ゲノム解析から始めるのが近道



## ドラフトゲノム解析

- 複数株に対してNGSを用いて網羅的に全ゲノム解析を実施

## 分子系統樹解析

- 株同士のゲノム配列を比較して特異的な配列、遺伝子を同定

## 同定遺伝子をサブタイピング

- 同定した遺伝子に対するプライマー配列を設計しサブタイピングを実施

# 採択研究事例

腸管出血性大腸菌における志賀毒素高産生型ファージの分布解明とハイリスク系統の同定		研究課題
研究課題/領域番号	25460542	サマリー ▼
研究種目	基礎研究(C)	
配分区分	基金	
審査区分	一般	
研究分野	細菌学(含真菌学)	
研究機関	九州大学(2015) 宮崎大学(2013-2014)	
研究代表者	小椋 義俊 九州大学, 医学(系)研究科(研究院), 准教授 (40363585)	
研究期間(年度)	2013-04-01 - 2016-03-31	
研究課題ステータス	完了(2015年度)	
配分額 *注記	5,200千円(直接経費:4,000千円、間接経費:1,200千円) 2015年度:1,430千円(直接経費:1,100千円、間接経費:330千円) 2014年度:1,950千円(直接経費:1,500千円、間接経費:450千円) 2013年度:1,820千円(直接経費:1,400千円、間接経費:420千円)	
キーワード	腸管出血性大腸菌 / 志賀毒素 / O157 / ファージ / ゲノム / non-O157 EHEC	
研究成果の概要	EHECは、出血性大腸炎に加えて、溶血性尿毒毒症候群(HUS)や脳症などの重篤な合併症の原因となる。主要な病原因子は、強力な細胞致死性を示すStxである。stx遺伝子は、ファージにコードされており、Stx1とStx2が存在するが、Stx2が重症化に強く関与している。本研究では、Stx2ファージの多様性がStx2産生量を規定することを明らかにし、Stx2ファージが4つのサブタイプに分かれること、そのうちの2つがStx2高産生型ファージであることを見いだした。また、O157について、Stx2を高産生する株が含まれる3つのハイリスク系統を同定した。	

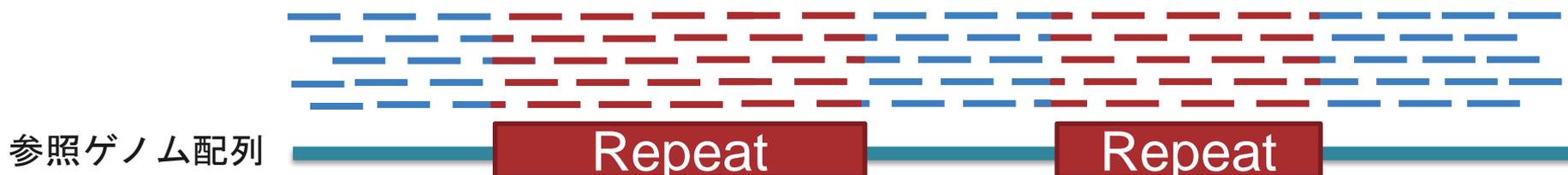
1. MiSeqとNextera XTを用いたドラフトゲノム配列の取得
2. 全ゲノム高解像度系統樹解析
3. Stx2ファージサブタイピング
4. Stx2産生量の定量

科学研究費助成事業データベース：九州大学大学院 医学研究院 細菌学分野 小椋 義俊 先生  
<https://kaken.nii.ac.jp/ja/grant/KAKENHI-PROJECT-25460542/>

# 解析目的に合わせて全ゲノム解析手法を選択

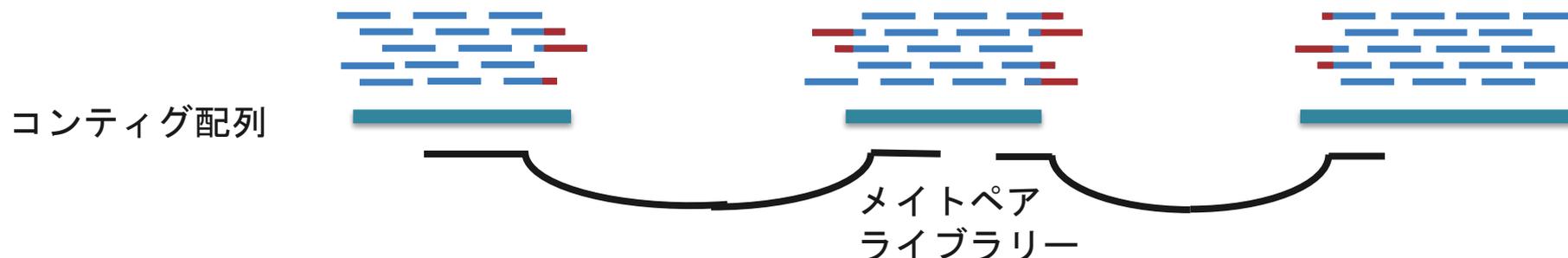
## 既知微生物種の変異解析

- **リシーケンス法** リードを参照ゲノム配列にアライメントする
- サンプルあたり30x以上を推奨



## 新規微生物種解読、既知微生物種に導入された遺伝子の探索

- **de novoアセンブリ法** リード同士の配列を繋ぎ合わせる
- サンプルあたり100x以上を推奨





# 微生物全ゲノム解析のワークフローとコスト

## 3Mbの生物種を想定した場合



### リシーケンス

サンプルあたりのデータ量 90Mb以上 (30x)

Nextera XT DNA  
Sample Prep Kit

1サンプル  
¥ 6,000

MiSeq Reagent Kit  
v2 (300 Cycle)

1サンプル  
¥ 3,938

MiSeq Reporter  
Resequencing  
(変異検出)

無償

MiSeq 1ラン  
(48サンプル)

1サンプル  
合計 ¥ 9,938\*

### de novoアセンブリ

サンプルあたりのデータ量 300Mb以上 (100x)

Nextera Mate-Pair  
Sample Prep

1サンプル  
¥ 15,625

MiSeq Reagent Kit  
v2 (300 Cycle)

1サンプル  
¥ 15,750

BaseSpaceアプリ  
Velvet de novo  
Assembly(10 iCredit)

1サンプル  
¥ 133

MiSeq 1ラン  
(12サンプル)

1サンプル  
合計 ¥ 31,375

# Prokka Genome Annotationでアノテーション



Prokka Genome Annotation v1.11.0

BaseSpace Labs

## Output

App Session Name: Prokka Genome Annotation 01/04/2017 1:42:12

Continue

Output project::

Select Project(s):  
20170104

## Input

FASTA file to annotate (bacterial assembly):

Select File(s):

Sequencing centre ID:

Basespace SEQUENCE HUB

DASHBOARD PREP RUNS PROJECTS APPS PUBLIC DATA

Engkong Tan | illumina

Locus tag prefix :

Run PROKKA in metagenome mode:

20170104 Prokka Genome Annotation  
01/04/2017 1:48:27

Download Analysis Rename Analysis Move to Trash Stop Analysis

## BaseSpace Labs Disclaimer

BaseSpace Labs:

ANALYSIS INFO

INPUTS

OUTPUT FILES

ANALYSIS REPORTS

Summary

## ANNOTATION SUMMARY <sup>i</sup>

Feature type	Number found
tRNAs	105
rRNAs	0
CRISPRs	1
CDS	5,124

## ASSEMBLY SUMMARY <sup>i</sup>

Assembly length	5,420,494
#contigs	348
Contig N50	146,830

# 微生物全ゲノム解析に必要な消耗品

カタログ番号	製品名	希望販売価格
リシーケンス		
ライブラリー調製キット		
FC-131-1096	Nextera XT DNA Sample Prep Kit (96 Samples)	546,000
FC-131-2001	Nextera XT Index Kit v2 Set A (96 Indices, 384 Samples)	179,000
シーケンス試薬キット		
MS-102-2002	MiSeq Reagent Kit v2 (300 Cycles)	189,000
FC-420-1004	MiniSeq Mid Output Kit (300 Cycles)	99,000

カタログ番号	製品名	希望販売価格
de novoアセンブリ		
ライブラリー調製キット		
FC-132-1001	Nextera Mate Pair Sample Prep Kit (48 Samples)	750,000
シーケンス試薬キット		
MS-102-2002	MiSeq Reagent Kit v2 (300 Cycles)	189,000
FC-420-1004	MiniSeq Mid Output Kit (300 Cycles)	99,000

# 微生物全ゲノム解析のまとめ

## ▶ 微生物の機能解析の方法

- 複数株に対してNGSを用いた全ゲノム解析を実施
- 複数株を用いて分子系統樹解析を実施
- 特異的な遺伝子または配列を同定

## ▶ 全ゲノム解析の方法は2種類

- 既知微生物種の変異解析にはリシーケンス法
- 新規微生物種解読、既知微生物種に導入された遺伝子の探索には*de novo*アセンブリ法

# ウイルスゲノム解析



# 単離培養の可否に応じて2つの解析手法を選択

- ▶ 単離培養が可能な場合
  - インフルエンザウイルスなど
- ▶ 解析方法
  - 単離培養したウイルスからRNAを抽出して、逆転写したcDNAを用いてゲノム解析を実施
- ▶ 単離培養が困難な場合
  - 臨床サンプル
  - ノロウイルスなど
- ▶ 解析方法
  - 臨床サンプルからTotal RNA抽出した後、宿主および細菌のrRNAを除去した残りのRNAをシーケンス
  - RNAウイルス配列だけを抽出して解析

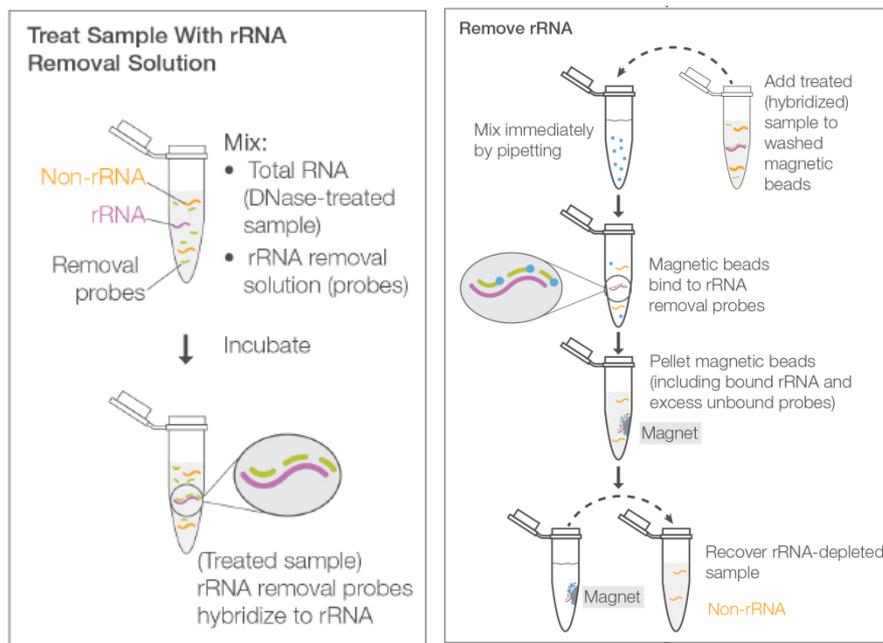
# 採択研究事例

網羅的解析による地域におけるノロウイルスの遺伝子変化の把握と病態との関連		研究課題
研究課題/領域番号	25461530	サマリー ▼
研究種目	基礎研究(C)	
配分区分	基金	
審査区分	一般	
研究分野	感染症内科学	
研究機関	富山県衛生研究所	
研究代表者	滝澤 剛則 富山県衛生研究所, その他局等, 部長 (40192158)	
連携研究者	名古屋 真弓 富山県衛生研究所, ウイルス部, 主任研究員 (80393081) 稲崎 倫子 富山県衛生研究所, ウイルス部, 研究員 (40633665)	
研究期間(年度)	2013-04-01 - 2016-03-31	
研究課題ステータス	完了(2015年度)	
配分額 *注記	5,070千円 (直接経費: 3,900千円、間接経費: 1,170千円) 2015年度: 1,690千円 (直接経費: 1,300千円、間接経費: 390千円) 2014年度: 1,950千円 (直接経費: 1,500千円、間接経費: 450千円) 2013年度: 1,430千円 (直接経費: 1,100千円、間接経費: 330千円)	
キーワード	ノロウイルス / 環境水 / 発生動向調査 / サーベイランス / メタゲノム / サボウイルス / 感染性胃腸炎 / 食中毒 / 次世代シーケンサー / メタゲノム解析	
研究成果の概要	次世代シーケンサー (NGS) を用いて、胃腸炎事例のメタゲノム解析を行った。定法ではノロウイルス (NoV) 陰性だった検体からもNoVが検出され、因果関係の推定可能事例が存在した。PCR産物のディープシーケンス解析では、単一遺伝子型暴露と考えられた事例でも、複数の遺伝子型の感染が推定された。カキ喫食事例では、複数のNoV遺伝子型やNoV以外のウイルスが検出され、カキに含まれる複数種のウイルス暴露が推定された。メタゲノム解析により、遺伝子型と病因との関連を推定できることが判明したが、十分なNoVのリード数を得ることが困難であったため、塩基配列の多様性と病因との関連は議論できなかった。	

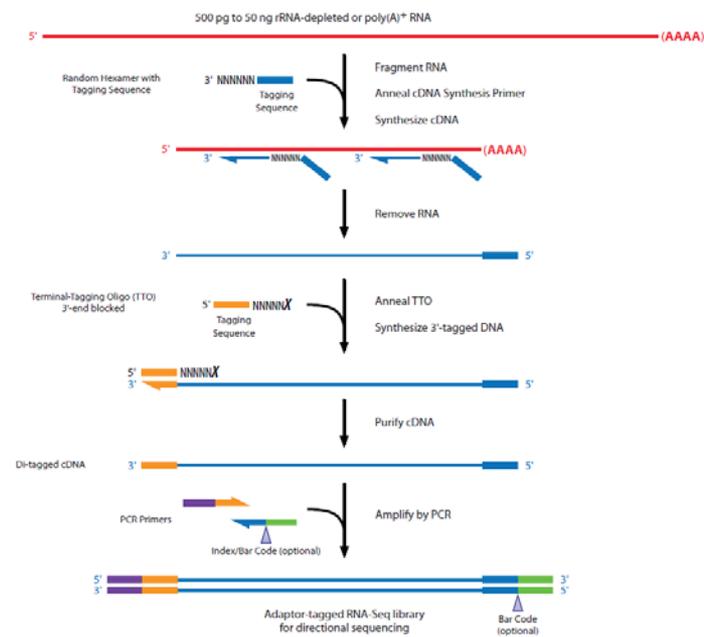
1. 胃腸炎事例についてNGSを用いたメタゲノム解析を実施
2. 公定法では陰性だった検体からノロウイルスを検出
3. 牡蠣からは、複数のノロウイルス遺伝子型と他のウイルスを検出

# 臨床サンプルからの効率的にRNAウイルスをシーケンスするためのコツ

Total RNA中の80%以上を占める宿主および細菌のrRNAをシーケンス前に除去することが重要



**Ribo-Zero Gold Epidemiology Kit**  
宿主および細菌のrRNAを除去



**ScriptSeq v2 RNA-Seqで**  
ライブラリー調製

# RNAウイルス解析のワークフローとコスト



**単離培養が困難な場合** ウイルスとホストの両方のRNAをシーケンス (500万リード)

ScriptSeq Complete  
Gold Kit  
(Epidemiology)+  
ScriptSeq Index PCR  
1サンプル  
¥ 24,349

MiSeq Reagent Kit  
v3 (150 Cycle)  
  
1サンプル  
¥ 27,000

BaseSpaceアプリ  
Krakenでの解析  
(4 iCredit)  
  
1サンプル  
約 ¥ 640

MiSeq 1ラン  
(6サンプル)  
  
1サンプル  
合計 ¥ 51,349

**単離培養が可能な場合** ウイルス由来の核酸のみを抽出してシーケンス (100x)

cDNAに逆転写後、  
Nextera XT DNA  
Sample Prep Kit+  
Nextera XT Index Kit  
1サンプル  
¥ 6,467

MiSeq Reagent  
Micro Kit v2  
(300 Cycle)  
  
1サンプル  
¥ 825

MiSeq Reporter  
Resequencing  
(変異検出)  
  
無償

MiSeq 1ラン  
(96サンプル)  
  
1サンプル  
合計 ¥ 7,292

価格は2017年6月現在の価格です。

# 単離培養が可能なウイルス種のゲノム解析は 低スループットキットでも複数サンプル解析可能

ゲノムサイズ	リシーケンスの推奨データ量	装置	試薬キット (データ量)	サンプル数	シーケンス単価
10Kb	100x	MiSeq	V2 Nano (300Mb)	24	2,175円
			V2 Micro (1.2Gb)	98	825円
		MiniSeq	Mid Output (2.4Gb)	196	506円

# ウイルスゲノム解析に必要な消耗品

カタログ番号	製品名	希望販売価格
<b>単離培養が可能な場合</b>		
ライブラリー調製キット		
FC-131-1024	Nextera XT DNA Sample Prep Kit (24 Samples)	144,000
FC-131-2001	Nextera XT Index Kit v2 Set A (96 Indices, 384 Samples)	179,000
シーケンス試薬キット		
MS-103-1002	MiSeq Reagent Micro Kit v2 (300 Cycles)	79,200
MS-103-1001	MiSeq Reagent Nano Kit v2 (300 Cycles)	52,200
FC-420-1004	MiniSeq Mid Output Kit (300 Cycles)	99,000
<b>単離培養が困難な場合</b>		
ライブラリー調製キット		
MRZE706	Ribo-Zero Gold Epidemiology Kit (6 Reactions)	105,000
RSBC10948	ScriptSeq Index PCR Primers (Set 1) (48 Reactions)	42,700
シーケンス試薬キット		
MS-102-3001	MiSeq Reagent Kit v3 (150 Cycles)	162,000
FC-420-1002	MiniSeq High Output Kit (150 Cycles)	174,000

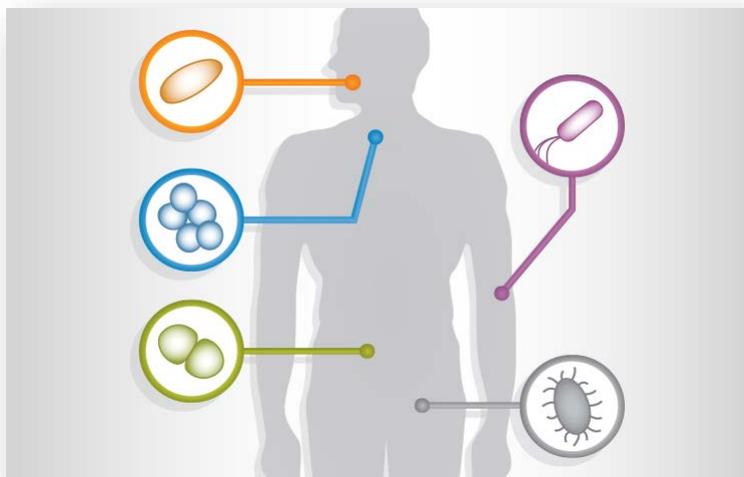
# ウイルスゲノム解析 まとめ

- ▶ 次世代シーケンサー利用のメリット
  - 既存法では不検出とされたサンプルからもウイルスが検出可能
  - サンプル内に複数の遺伝子型を持つウイルスの同定も可能
- ▶ ウイルスゲノム解析手法は2種類
  - 単離培養の可否により解析手法が異なる
- ▶ RNAウイルス解析に最適なシステム
  - 比較的短いリード長で実施可能なため、MiniSeqでも十分に解析可能
  - 単離培養が可能なウイルス種を解析する場合は、MiSeqの低スループット試薬キットの利用でトータルコストを抑えることが可能

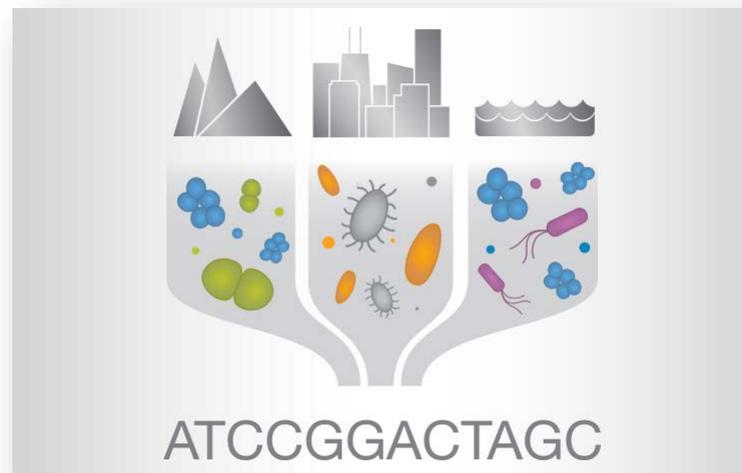
# メタゲノム解析



# メタゲノム解析の用途

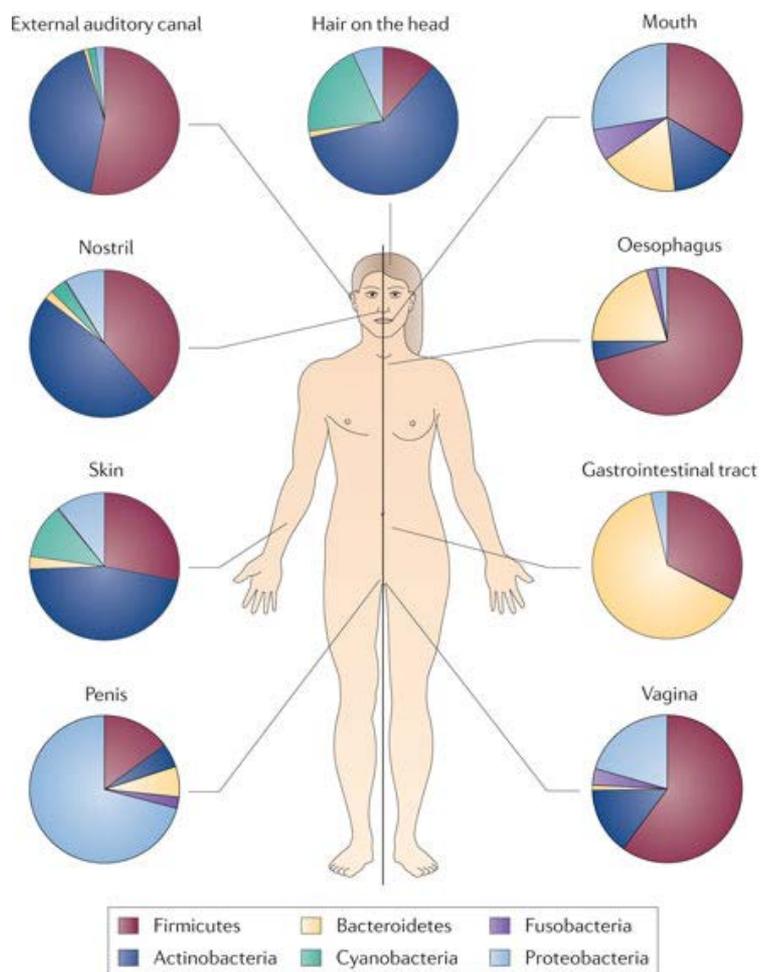


- ▶ ヒトマイクロバイオーーム
  - ▶ 人の体内および表面に存在する微生物群の研究
  - ▶ 人の健康および罹患状態における微生物の役割の理解



- ▶ 環境メタゲノミクス
  - ▶ 環境サンプルに存在する微生物群の研究
  - ▶ 農学的、生態学的改善または生物学的調査

# ヒトマイクロバイオーーム研究例



Nature Reviews | Microbiology

## 肥満

- 菌叢の多様性が低い傾向
- Chatelier E. et al, **Nature** (2013)

## 糖尿病

- マーカー遺伝子の同定
- Junjie Qin et al, **Nature** (2012)

## 大腸癌

- マーカー菌種の同定
- Zeller G et al, **Mol Syst Biol.** (2014)
- Zackular J et al. **Can Prev Res.** (2014)

## 肝癌

- 肝癌誘発菌種の同定
- Yoshimoto et al. **Nature** (2013)

## 食生活

- 人工甘味料による耐糖能異常
- Suez J. et al., **Nature.** (2014)

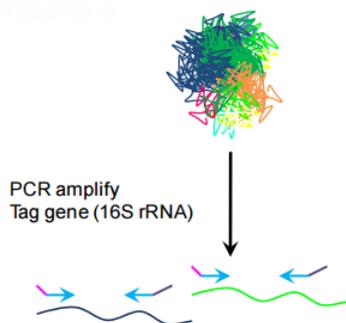
近年では、腸内細菌叢と免疫との関係を調べる研究テーマの採択が多い

# メタゲノム解析で用いられる2つの手法

## ▶ 16s rRNA解析



- 16s rRNA遺伝子はウイルスを除くすべての微生物に存在
- 16s rRNA遺伝子のみをシーケンス
- 16s rRNAの配列は多様性を持つため、配列情報からサンプルに含まれる微生物の同定が可能



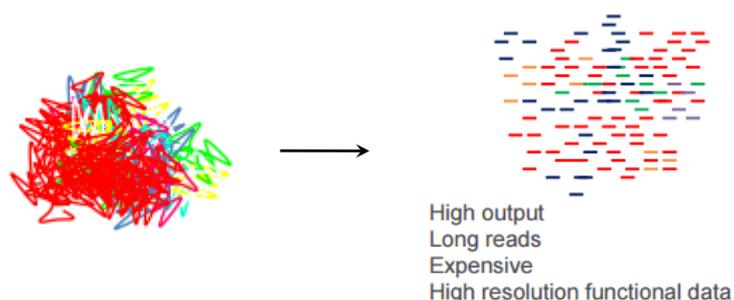
Easy  
Rapid  
Inexpensive  
Detect rare Phylotypes  
No functional data



## ▶ ショットガン解析



- サンプル中に含まれるゲノムおよび転写物をシーケンス
- 微量にしか含まれない微生物、ウイルスの同定が可能
- 種の同定だけでなく遺伝子解析も可能



High output  
Long reads  
Expensive  
High resolution functional data

# 解析目的に応じて2つの解析手法を選択

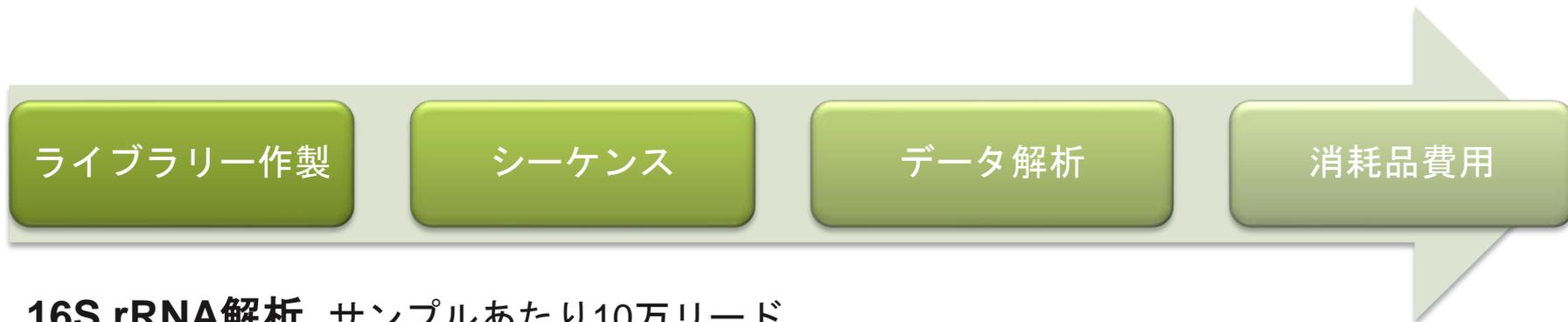


- ▶ **16s rRNA解析が有用なケース**
  - 微生物の菌種および存在の検出



- ▶ **ショットガン解析が有用なケース**
  - 微生物およびウイルスの両方を検出
  - 微量にしか存在しない微生物の検出
  - 微生物の機能性 / 病原性遺伝子の検出および機能予測

# メタゲノム解析のワークフローとコスト



## 16S rRNA解析 サンプルあたり10万リード

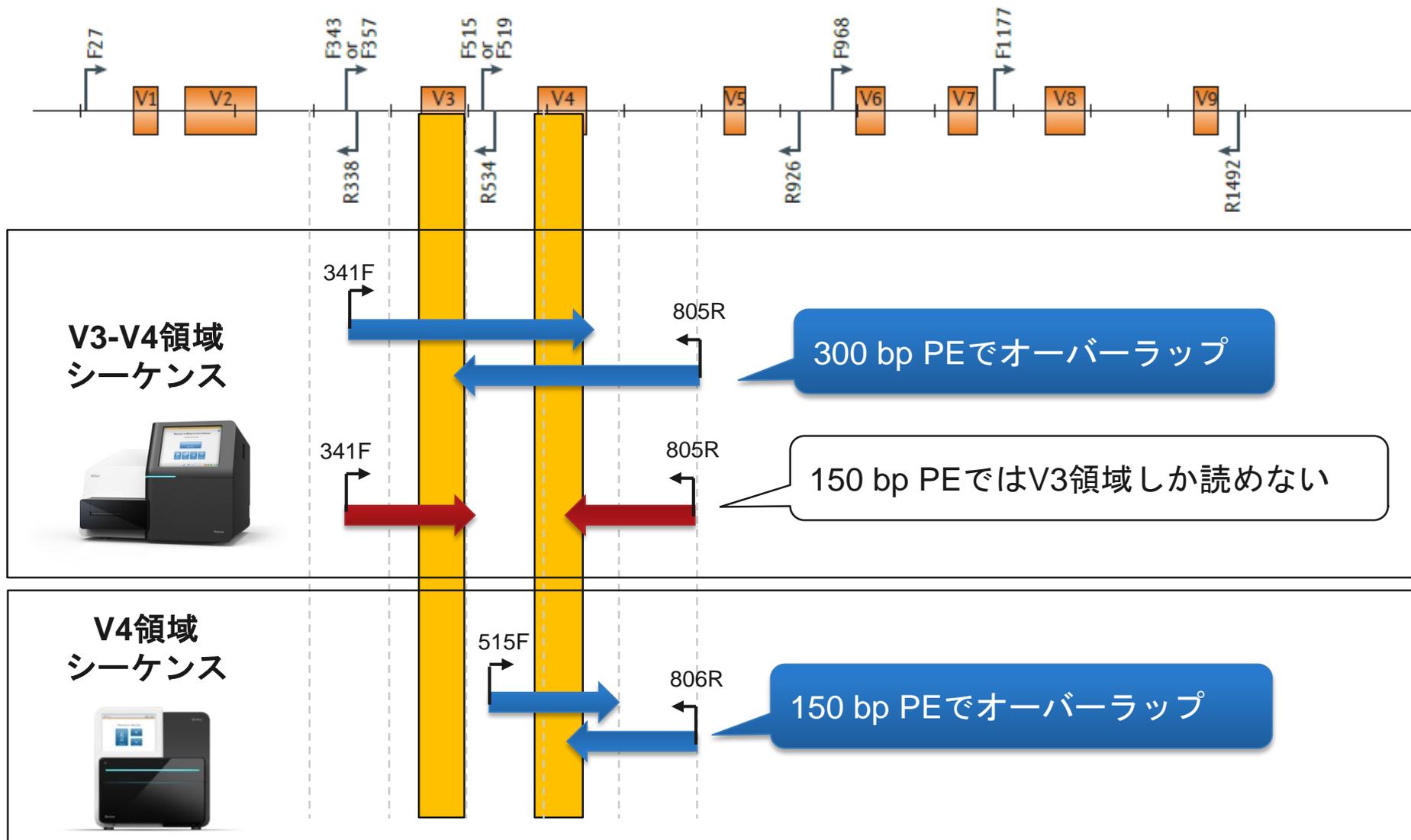
Nextera Index Kit  1サンプル ¥ 474*	MiSeq Reagent Kit v3 (600 Cycle)  1サンプル ¥ 2,875	BaseSpace アプリ 16S Metagenomics (1 iCredit)  1サンプル 約 ¥ 50	MiSeq 1ラン (96サンプル)  1サンプル 合計 ¥ 3,349
--	--	---	--

## ショットガン解析 サンプルあたり1,000万リード

Nextera XT DNA Sample Prep Kit  1サンプル ¥ 6,000	MiSeq Reagent Kit v3 (150 Cycle)  1サンプル ¥ 81,000	BaseSpace アプリ Kraken (2 iCredit)  1サンプル 約 ¥ 320	MiSeq 1ラン (2サンプル)  1サンプル 合計 ¥ 87,000
--	---	--	--

\*Nextera Index Kitのみ、PCRプライマー分を含まず。

# 16S rRNA解析では300pbx2を推奨

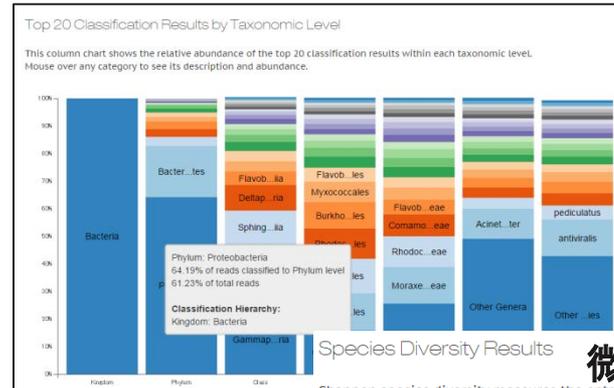


# BaseSpace 16S Metagenomics Appなら 複数サンプルの比較解析も簡単

タクソノミー階層ごとの分類



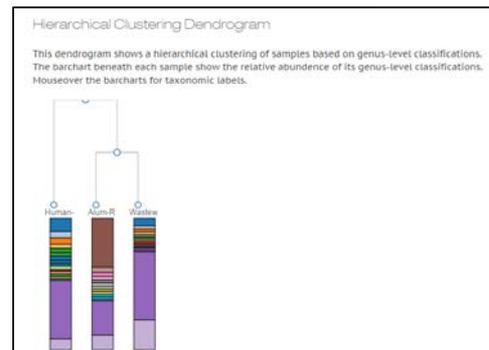
## 16S Metagenomics App



### 微生物多様性指標

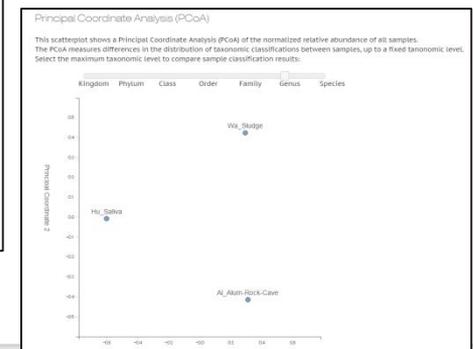
Sample Number	Sample ID	Shannon Species Diversity	Number of Species Identified
1	Alum_Rock_Cave	1.734	1,440
2	Human_Saliva	3.074	1,111
3	Wastewater_Sludge	2.799	1,789

- ・ イルミナ開発・サポートしている解析アプリ



### 系統樹解析

### 主座標解析 (PCoA)



# ショットガン解析では1000万リード以上を推奨

## NextSeqなら低コストで実施可能

リード数	装置	試薬キット (リード数)	サンプル数	シーケンスコスト
1,000万	MiniSeq	High Output (2,500万)	2	87,000円
	MiSeq	V3 (2,500万)	2	81,000円
	NextSeq	Mid Output (1.3億)	10	19,100円
		High Output (4億)	30	16,700円

# メタゲノム解析に必要な消耗品

カタログ番号	製品名	希望販売価格
<b>16S rRNA メタゲノム解析</b>		
ライブラリー調製キット		
FC-131-2001	Nextera XT Index Kit v2 Set A (96 Indices, 384 Samples)	179,000
シーケンス試薬キット		
MS-102-3003	MiSeq Reagent Kit v3 (600 Cycles)	276,000
<b>ショットガンメタゲノム解析</b>		
ライブラリー調製キット		
FC-131-1096	Nextera XT DNA Sample Prep Kit (96 Samples)	546,000
FC-131-2001	Nextera XT Index Kit v2 Set A (96 Indices, 384 Samples)	179,000
シーケンス試薬キット		
FC-420-1003	MiniSeq High Output Kit (300 Cycles)	279,000
MS-102-3001	MiSeq Reagent Kit v3 (150 Cycles)	162,000
FC-404-2001	NextSeq 500/550 Mid Output Kit v2 (150 Cycles)	191,000

# メタゲノム解析 まとめ

- ▶ メタゲノム解析の用途は2種類
  - ヒトの健康や疾患と微生物との関係を研究するヒトマイクロバイオーーム
  - 土壌や河川などに生息する微生物群を研究する環境メタゲノミクス
- ▶ 研究トレンド
  - 免疫疾患と腸内細菌叢との関連を調べるヒトマイクロバイオーーム研究課題の採択が増加
- ▶ メタゲノム解析のアプローチは2種類
  - 16s rRNA解析とショットガン解析
- ▶ メタゲノム解析に最適なシステム
  - V3-V4領域をターゲットとする16S rRNA解析の場合はMiSeqが必須
  - 多数のリード数が必要なショットガン解析の場合はNextSeqが有利

# 本日の内容

- ▶ 次世代シーケンサーを活用する研究計画調書作成
- ▶ ウイルス・微生物アプリケーションの紹介
  - 微生物全ゲノム解析
  - ウイルスゲノム解析
  - メタゲノム解析
- ▶ **最適なNGSシステムの選び方**

# NGSシステムの選び方



# 微生物、ウイルスゲノムはゲノムサイズが小さいためベンチトップシーケンサーが最適

イルミナベンチトップシーケンサーのスループット比較表



MiniSeq



MiSeq



NextSeq 550

最大データ量	7.5 Gb	15 Gb	120 Gb
最大リード長	150bp x 2	300bp x 2	150bp x 2
最大クラスター数	2,500万	2,500万	4億
Gbあたりのコスト	37,200円	18,400円	6,675円
本体価格	824万円	1,650万円	4,580万円

# 微生物、ウイルスゲノム解析に必要な設備費用

カタログ番号	製品名	希望販売価格
MiniSeqシステム		
SY-420-1001	MiniSeq システム 1年保証付	8,240,000
20004132	Illumina Product Care MiniSeq Basic Plan	800,000
MiSeqシステム		
SY-410-1003	MiSeq システム 1年保証付	16,500,000
SV-420-1002	Illumina Product Care MiSeq Basic Plan	2,260,000
NextSeqシステム		
SY-415-1002	NextSeq 550 システム 1年保証付	45,800,000
SV-451-1002	Illumina Product Care NextSeq 550 Basic Plan	4,410,000

# データ解析は初期コスト不要のクラウドサービス

## BaseSpace Sequence Hub サービス一覧

	ベーシック	プロフェッショナル	エンタープライズ
ライセンス費用	無償	無償	お問い合わせ
標準ストレージ	1TBまで	1TBまで	1TBまで
追加ストレージ(有償)	不可	可	可
初期付与ポイント	250 iCredit <sup>*1</sup>	250 iCredit <sup>*2</sup>	250 iCredit <sup>*2</sup>
無償アプリ利用	可	可	可
有償アプリ利用	不可	可 <sup>*3</sup>	可 <sup>*3</sup>
グループ利用		✓	✓
プロフェッショナル サービスサポート		✓ <sup>*4</sup>	✓
プライベートドメイン、 シングルサインオン			✓

\*1. アカウント作成後、30日間の期間限定でトライアルポイントが付与されます。

\*2. ライセンスご購入初年度のみ付与されます。

\*3. アプリ利用にかかった時間に応じて毎月毎にご請求いたします。

43 \*4. 固定価格プランのプロフェッショナルアカウントが対象です。

# まとめ

- ▶ 微生物研究の目的、目標に応じて適切な研究計画の策定
  - 生物種、サンプル数、NGSのアプリケーション
- ▶ 代表的なNGSアプリケーション
  - 微生物、ウイルスの全ゲノム解析
  - メタゲノム解析
- ▶ 微生物、ウイルス研究に最適なシステム
  - ゲノムサイズが小さいのでベンチトップ型がお勧め
  - 長いリードを必要とするアプリケーションが多数存在するため、MiSeqを中心に装置を選択
- ▶ 最適なデータ解析環境はBaseSpace Sequence Hub
  - 微生物解析用のアプリを多数搭載
  - 利用料は解析した分だけお支払

ご静聴ありがとうございました。

製品のお見積に関するお問い合わせ先  
イリミナ株式会社 営業本部  
[Sales\\_JPN@illumina.com](mailto:Sales_JPN@illumina.com)