

高等研究院

ヒト生物学高等研究拠点 (ASHBi)

単一細胞ゲノム情報解析コア (SignAC)

iSAL 合同説明会

2024年7月30日

特定講師 辻村太郎



SignAC

Single-Cell
Genome Information
Analysis Core



iSAL

Innovative Support
Alliance for Life Science



単一細胞ゲノム情報解析コア (SignAC)

Shared Equipment (2019.4~)

High-throughput sequencers



NovaSeq NextSeq iSeq

Long-read sequencers



PacBio Sequel IIe & Revio ONT PromethION24

FACS, Workstation, Microscopy



ZEISS LSM980 FACS Aria Fusion Beckman Biomek i7

Single-cell analysis



10X Chromium X Takara iCELL8 CX

20 more devices

International Workshops and Training Courses

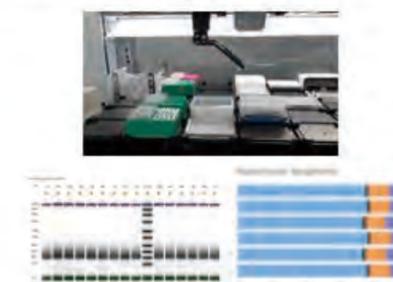


Analysis Operations (2021.6~)

NGS



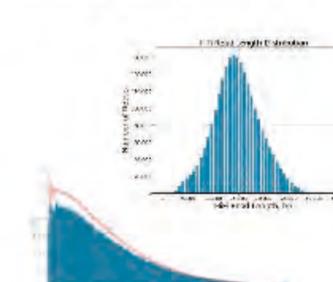
Automated RNA-seq



DNA/RNA QC



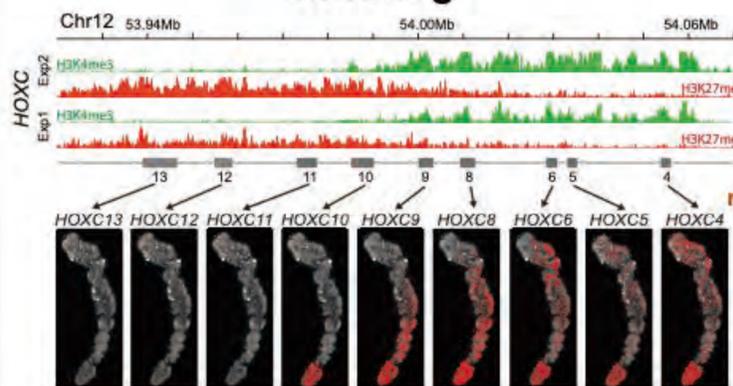
Long-read sequence



Research Collaboration

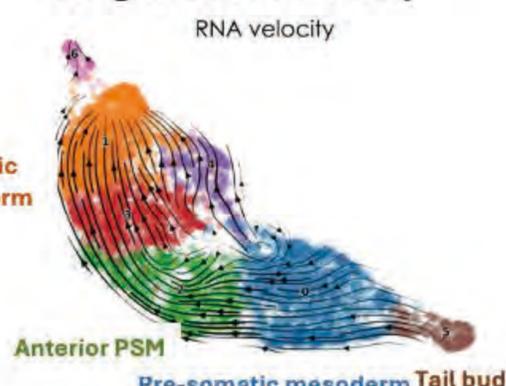
Characterization of axioids

CUT&Tag



Spatial transcriptome analysis (HybISS)

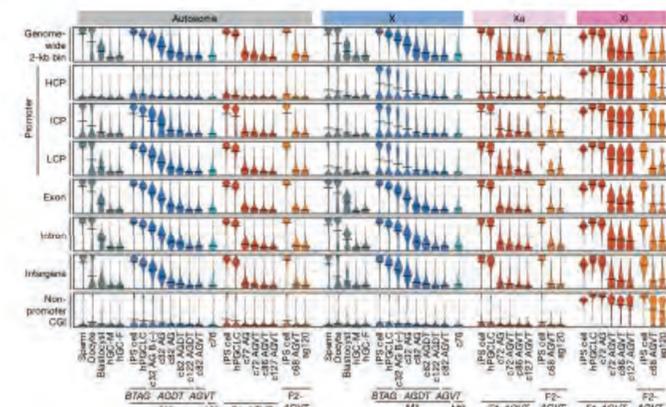
Single-cell RNA-seq



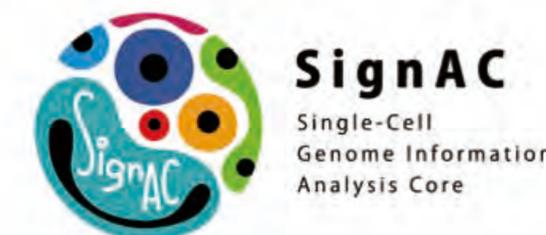
Yamanaka et al. *Nature* 2023

Epigenome dynamics in germ cells

Allele-phased methylome with long reads



Murase et al. *Nature* 2024



利用可能な主要共通機器

•Chromium X (10X Genomics)

インデックスプライマー、チップ、ビーズ、その他雑多な消耗品を提供します。

サンプル数ごとに利用料金が課されます。

保守契約加入しており、機器トラブルに対しても試薬補填可能です。

(ASHBiの10X Chromium Controllerについては、保守契約未加入になります。)

Chromium X



シングルセルライブラリー調整
小規模、中規模、大規模解析に利用可能

•QX200 ddPCR (Bio-Rad)

PCR master mix、オイル、プレートなどの消耗品を提供します。

プローブ法による利用を想定しています。

サンプル数ごとに利用料金が課されます。

QX200 ddPCR



DNAの絶対定量

•iCELL8 CX (Takara Bio USA)

消耗品は各自用意。

利用日ごとに利用料金が課されます。

iCELL8 CX



シングルセルライブラリー調整

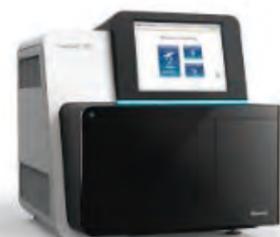
NGS受託解析サービス

イルミナNGS解析

NGSライブラリーを受け取り、シーケンスデータを返却



NovaSeq 6000



NextSeq 550



iSeq 100

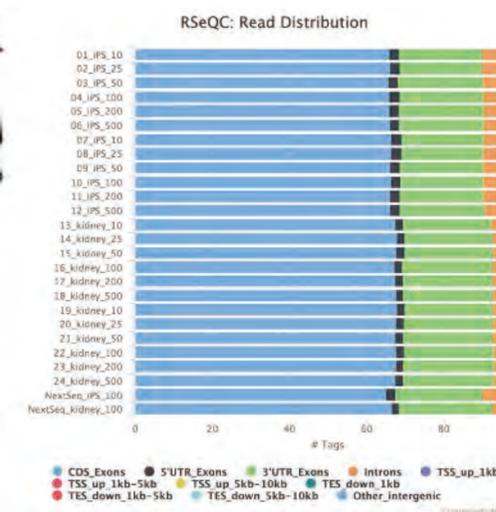
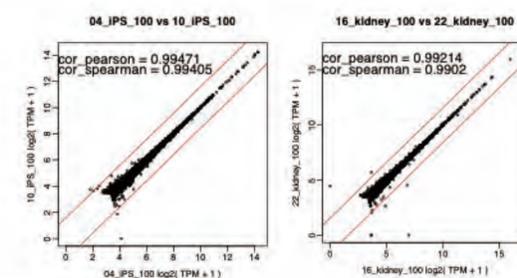
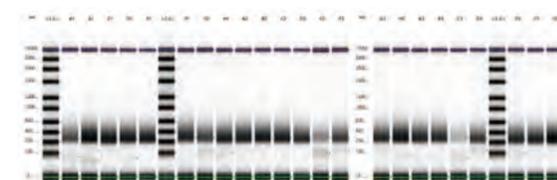
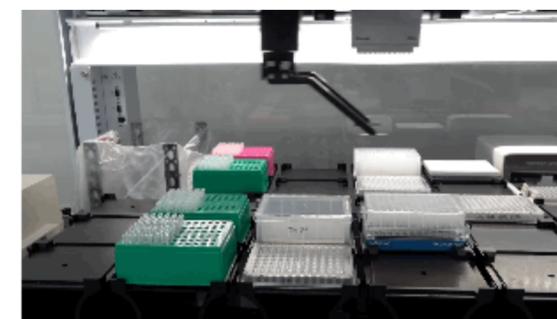
(例) S4レーンシーケンス (300bp, 2.5Bクラスター)

¥866,700 (学内価格、税込) ¥876,400 (学外アカデミア価格、税込)

試薬 (価格に含まれています) はこちらで用意します。

全自動RNA-seq解析

トータルRNAを受け取りRNA-seqシーケンスデータを返却



1 サンプルあたり

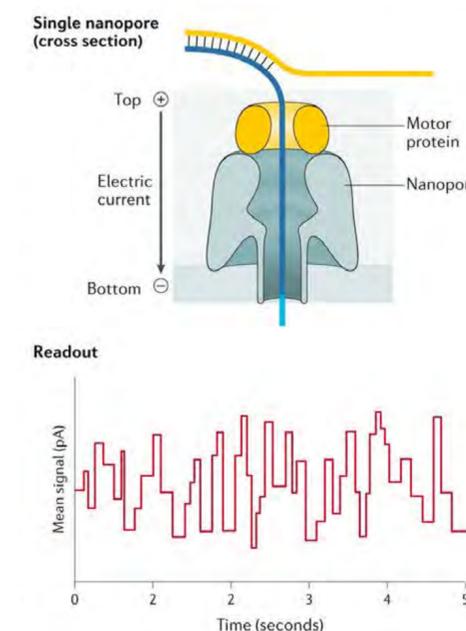
¥30,700 (学内価格、税込) ¥32,000 (学外アカデミア価格、税込)

ロングリードシーケンスの受託解析

ナノポアロングリードシーケンサー PromethION24



- DNA/RNA直接解析
- 塩基修飾
- ウルトロングリード (N50 ~100kb)
- ~50Gb/フローセル

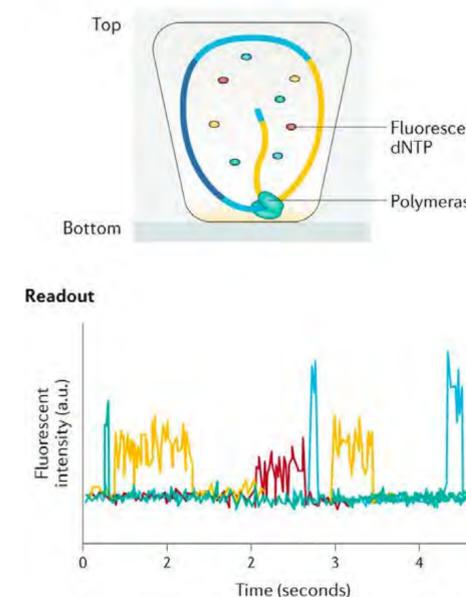


PacBioロングリードシーケンサー Sequel IIe



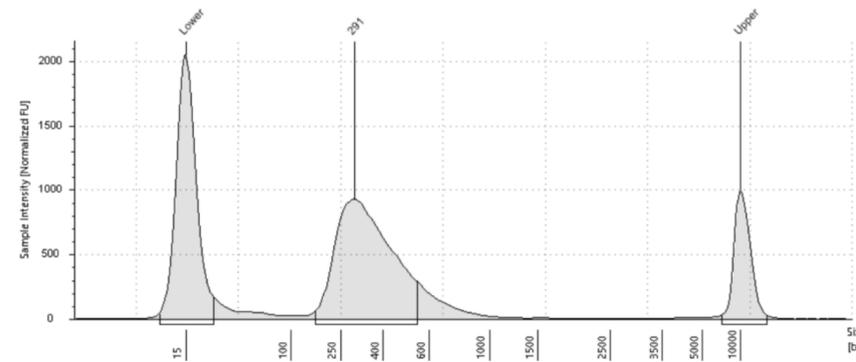
- 高正確HiFiリード(>99.9%)
- 塩基修飾
- 30~40Gb/フローセル

Single-Molecule Real-Time Sequencing



DNA/RNAのQC受託解析サービス

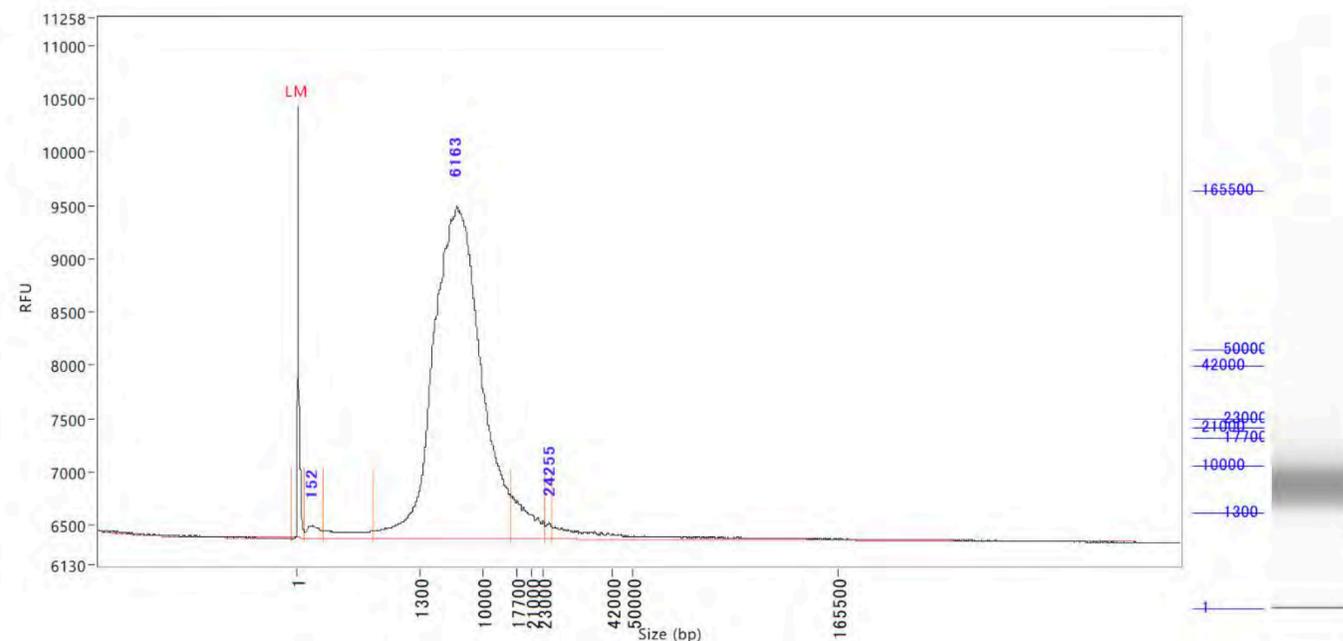
TapeStationを利用したDNA/RNAフラグメント解析



FemtoPulseを利用した長鎖DNA解析 (~165kb)



© Agilent Technologies, Inc.
Reproduced with Permission, Courtesy of Agilent Technologies, Inc.



受託解析サービスに伴う一次解析補助

NGSデータの一次解析（マッピング、遺伝子カウント、ロングリードベースコール）

- コンピューティングリソースが必要
- CLIからの操作が望ましい
- 一方で、定型的な作業

解析補助の内容：

- RNA-seqマッピング、カウント（RNA-seq受託解析のデータに限る。）
- 10Xシングルセル解析のマッピング、カウント（SignACの10X Chromium Xで調整したライブラリーをSignAC受託解析でシーケンスしたデータに限る。）
- ロングリードベースコール（塩基修飾解析を含む）

■ 受託解析の範囲外（受託解析の納品はfastq. 一次解析結果は補助的に提供）

■ 上記以外のデータは解析不可

■ 解析条件の変更などの対応は不可

■ SignACによるゲノムレファレンスのカスタマイズは不可

■ 場合によっては対応不可（事前に要確認）

■ 二次解析は対応不可

2024年秋ごろ～受託解析メニュー拡大（予定）

ショートリード解析

全ゲノムDNAメチル化解析

ゲノムDNA受け取り



ライブラリー調整 (NEB社 EM-seqを使用)



NovaSeq6000シーケンス解析 (~90Gb)



fastq納品

10X シングルセルFixed RNA解析
(ヒトorマウス)

固定・分散済み細胞受取



シングルセルライブラリー調整
(10X社 Flexキットを使用)



NovaSeq6000シーケンス解析



fastq納品 (+Cellranger)

2024年秋ごろ～受託解析メニュー拡大（予定）

ロングリード解析

PacBio Revio受託解析開始



データ出力～3倍

- Kinnexライブラリー
- 全ゲノムライブラリー
- 持ち込みライブラリー

ONT PromethION受託メニュー充実



- Ultra-long解析
- Ligationライブラリー
- Rapidライブラリー（トランスポゾン）
- Direct RNA
- 持ち込みライブラリー
- フローセルwash+リロード

2024年秋ごろ～ 受託解析メニュー拡大 (予定)

その他の受託解析

ゲノムDNA抽出 (EM-seqまたはロングリード解析用)

-アルコール沈澱法

-ガラスビーズ法

Megaruptorによる長鎖DNA断片化 (ロングリード解析用)

Pippin HTによるDNAサイズセレクション



SignACを利用して得たデータ発表時の謝辞記載のお願い

English

We thank Single-cell Genome Information Analysis Core (SignAC) at WPI-ASHBi, Kyoto University, for their supports.

Japanese

京都大学高等研究院ヒト生物学高等研究拠点 (WPI-ASHBi), 単一細胞ゲノム情報解析コア (SignAC) の支援に感謝する。

また、SignACまで是非ご一報ください！！



お気軽にご相談ください

ashbi-signac-office@mail2.adm.kyoto-u.ac.jp



ASHBi SignAC

Dr. Takuya Yamamoto

Dr. Taro Tsujimura

Dr. Akira Hirota

Dr. Takumi Wada

Mayumi Ikeda

Shoko Tarumoto

Nao Nishikoba

Yuka Motohiro

Moe Shinagawa

SignAC
Single-Cell
Genome Information
Analysis Core

HOME 機器 受託解析サービス 利用ガイド 研究 研究成果 ASHBi内部サービス 日本語 English

単一細胞ゲノム
情報解析コア
(SignAC)

AMED BINDS 支援受付中

NEWS

SignACは、京都大学ASHBiのコアファシリティとして、最先端の共通機器を維持・管理しています。また、独自の研究開発活動によって、エピゲノム状態を含めた個々の細胞の特徴を網羅的に解析するシステムの構築を実施します。これらの活動を通して、SignACは、ASHBiだけでなく京都大学内外の研究を多方面から支えるハブとなる役割を担うことを目指します。



SignAC
Single-Cell
Genome Information
Analysis Core

