

ProxiMeta™ Hi-C Metagenome Deconvolution

* 本サービスは、Phase Genomics社で実施します。本サービスに関する製品情報は、Phase Genomics社web siteより一部引用・改変しています。

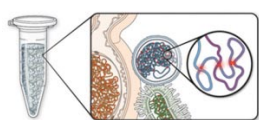
混合サンプルに含まれる多数のゲノムから、同一細胞由来のゲノムを特異的にアセンブルします!!

Phase Genomics社独自のProximo™ Hi-C Metagenome Deconvolutionサービスは、ショットガンおよびHi-Cシーケンスを組み合わせることで、多数の生物が含まれる混合サンプルから、同一細胞内に存在したDNA毎にのアセンブルを行います。得られた完全/ほぼ完全な配列をデータベースに照合し、種の同定を行います。新規生物ゲノムについてもアセンブルを行い、近縁種を特定し、新種として同定します。

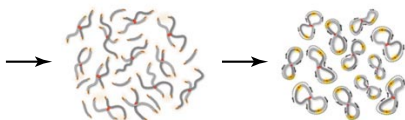
特長

- ✓ 混合サンプルを培養せずに解析可能
- ✓ 種/株特異的なアセンブリ: プラスミドと宿主生物の関係も同定
- ✓ ショットガンシーケンスにより得られたドラフトアセンブリを、Hi-Cシーケンスによりデコンボリューション
- ✓ 既知および新規生物に対応

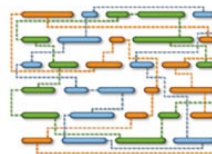
解析の流れ



in vivoでの架橋により、染色体間およびプラスミド-ゲノム間の相互作用を含む、細胞内DNAの近接状態を保存。



架橋された遺伝子座を断片化し、各末端をライゲーションすることで、同一細胞由来のキメラ接合を作製。

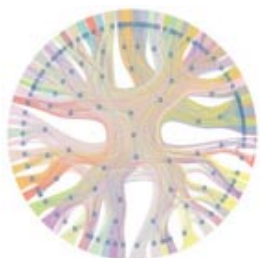


ショットガンシーケンスおよびHi-Cシーケンスの実施。ショットガンデータを用いてドラフトアセンブリを行い、コンティグを作成する。Hi-C データを基に、各コンティグをデコンボリューションする。複数の染色体のアセンブリおよびプラスミド-宿主生物ゲノムの同定も可能。

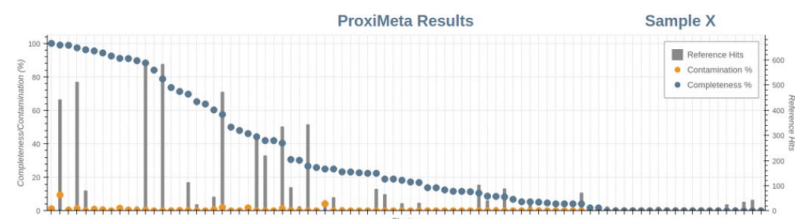
解析例



同一細胞中に存在したDNAを同定し、各コンティグをグループ化およびアセンブリすることで、混合サンプルを種または株レベルにデコンボリューションする。



より深いレベルまで特異的にグループ化し、各コンティグを階層的にクラスタリング。サンプル集団をより正確に分類する。



Cluster ID	Type Reference	Reference Hit	Completeness (%)	Contamination (%)	Abundance (%)	GC (%)	Genome Size	Clony ID
clusters.46	Bordetella trematum	7	100.0	1.22	0.52	64.82	3896339	99072
clusters.14	Pseudoxanthomonas suwonensis J42	442	99.62	9.47	1.26	65.66	4298291	79620
clusters.9	Weeksella virosa DSM 18922	2	98.89	0.49	0.35	41.46	2962618	169127
clusters.61	Alicyclophus sp. CRZ1	512	97.37	1.31	1.29	69.33	3370190	157009
clusters.33	Castellanella defragrans GSPhen	80	96.21	0.03	1.42	66.77	2893207	53640
clusters.24	Escherichia coli PMV 1	6	95.5	0.98	0.53	49.94	2672996	32251
clusters.3	Bradyrhizobium sp. OHSU III	10	94.3	0.63	0.42	64.89	3767809	136004
clusters.6	Pedobacter saltans DSM 12149	2	92.47	0.0	1.58	47.41	2014927	98566
clusters.15	Castellanella defragrans GSPhen	13	91.09	1.57	1.52	64.53	2939556	33099
clusters.12	Sphingobacterium sp. 21	2	90.95	0.48	0.97	48.19	4850982	101163
clusters.50	Shiella sp. TD12	16	89.67	0.16	0.52	63.29	4633036	33187

デコンボリューション後、各ゲノムアセンブリの完全性、コンタミ/ミスクラスタリングのレベルおよびサンプル中の各生物のアブダンスを評価。アセンブルされたゲノムはデータベースに照合し、種の同定を行なう。新規ゲノムについては、近縁種で同定する。

- 納品物**
- ✓ Raw data (FATQ形式)
 - ✓ アセンブリ (FASTA形式)
 - ✓ 解析レポート、BLAST結果
 - ✓ クラスタ図、Circos図など

Price

サービス内容	数量	税別価格	カタログ#
Proximo™ Hi-C Metagenome Deconvolutionサービス	1サンプル	お問い合わせ	お問い合わせ