

北大 IGM ゲノム解析室 (GACHA) による ゲノム解析サービスに関するアンケート

■ ご協力をお願い

昨年度、遺伝子病制御研究所（以下、IGM）に設立された北海道大学遺伝子病制御研究所ゲノム解析室（通称 GACHA）は、NextSeq2000 を使用したゲノム解析サービスを提供しています。解析室の運営は、研究所のサポートを得て、これまでゲノム構造と遺伝子発現解析を精力的に実施してきたゲノム医生物学分野（野間教授と谷澤）が中心に実施しています。昨年は、ChIP-seq、RNA-seq、Hi-C を含む計 100 以上のサンプルに対して、合計 8 回、40 億リードのシーケンスを実施しました。2024 年度からは、調整済みのライブラリーのシーケンスを受け付ける他、RNA-seq もしくは 3'mRNA-seq のライブラリーの調整サービスについても提供予定であります。

本アンケートは、GACHA のサービスに対する皆様の関心とニーズを理解するために、計画されました。

皆さまの貴重なご意見をお聞かせいただけますと幸いです。是非、ご協力ください。

——ご記入にあたってのお願い——

- 原則として、1つの質問につきあてはまる番号（1、2、3、...）1つに○をつけてください。ただし「あてはまるものすべてに○」とあるものについては、あてはまるものすべてに○をつけてください
- 選択肢がない質問は、各質問文の説明にあるとおりにお答えください
- アンケート用紙は全部で4ページあります。ご記入漏れのないようご注意ください

【調査主体】北海道大学 遺伝子病制御研究所
GACHA・ゲノム医生物学分野准教授 谷澤 英樹

011-706-5035

genome@igm.hokudai.ac.jp

<https://www.igm.hokudai.ac.jp/gacha/>

こちらの二次元バーコードからも GACHA のウェブサイトへアクセスできます➡



- はじめに、これまでに次世代シーケンサーを用いたサービスの利用経験についておうかがいします。

問1 これまでに次世代シーケンサーを用いたサービス（RNA-seq、ChIP-seq、Single Cell RNA-seq など）を外注したことはありますか。

- 1. 外注したことがある ⇒問2へ
- 2. 外注したことはない ⇒問3へ

問2 問1で「1. 外注したことがある」と答えた方におうかがいします。過去に外注したサービスの経験について、以下の情報を教えてください。

利用したサービスの提供機関
の名前（会社や大学など）

外注したサービスの内容

支払った金額

そのサービスを選んだ理由

満足した点・不満だった点

問3 シーケンスサービスの内容についておうかがいします。シーケンスサービスを依頼する場合、あなたが特に重視する点は何ですか。あてはまるものすべてに○をつけてください。

- 1. 解析の料金
- 2. 納品までのスピード
- 3. ライブラリーの品質
- 4. サポート
- 5. 詳細なデータ解析レポート
- 6. カスタマイズ可能な解析オプション
- 7. その他（_____）

問4 もし IGM にバイオインフォマティクス解析サービスの提供があれば利用しますか。

- 1. はい ⇒問4-(1)へ
- 2. いいえ ⇒問4-(2)へ
- 3. わからない

(1) 「はい」と答えた方におうかがいします。具体的にどのような解析を希望しますか。

--	--

(2) 「いいえ」と答えた方におうかがいします。その理由を教えてください。

--	--

■ GACHA では、新たに RNA-seq および 3'mRNA-seq サービスを提供予定です。このサービスについて以下の質問にご回答ください。

問5 ご自身の研究で、遺伝子の発現解析を行うご予定はありますか。

1. はい ⇒問 5-(1)へ

2. いいえ ⇒問 6 へ

(1) 「はい」と答えた方におうかがいします。年間でどのくらいのサンプル数を解析する予定がありますか。

年間

--

件程度

(2) RNA-seq と 3'mRNA-seq、どちらの手法がご自身の研究のニーズに合っていると思いますか。(RNA-seq と 3'mRNA-seq の違いについては、別紙の資料 A を参照してください。)

1. RNA-seq

4. それ以外の手法

2. 3'mRNA-seq

(_____)

3. 両方とも

5. わからない

(3) RNA-seq または 3'mRNA-seq サービスを利用する場合、どの工程を GACHA に依頼したいですか。あてはまるものすべてに○をつけてください。

1. ライブラリー調整

4. 基本的な解析

2. ライブラリーの Quality チェック

5. カスタム解析

3. シークエンシング

問6 GACHA で Single Cell RNA-seq のサービスを受けることに興味はありますか。あてはまるもの1つに○をつけてください。

- | | |
|----------------------------------|---|
| 1. 興味がある。ライブラリー調整のみを依頼したい。 | 3. 興味がある。ライブラリー調整とバイオインフォマティクス解析を依頼したい。 |
| 2. 興味がある。バイオインフォマティクス解析のみを依頼したい。 | 4. 興味がない。 |

■ 価格設定についておうかがいします。

問7 外注と比較して、GACHA のサービスの価格が、どの程度の価格帯であれば依頼を検討する可能性がありますか。あてはまるものすべてに○をつけてください。

- | | |
|-------------------|-------------------|
| 1. 外注相場の 80%以下 | 6. 外注相場の 161-180% |
| 2. 外注相場の 81-100% | 7. 外注相場の 181-200% |
| 3. 外注相場の 101-120% | 8. 価格は問わない |
| 4. 外注相場の 121-140% | 9. それ以外 (_____) |
| 5. 外注相場の 141-160% | |

問8 GACHA の料金が外注よりも高額であった場合、どの条件が優れていれば、依頼を検討しますか。あてはまるものすべてに○をつけてください。

- | | |
|------------------------|---------------------|
| 1. 納品までのスピード | 5. 詳細なデータ解析レポート |
| 2. ライブラリーの品質 | 6. カスタマイズ可能な解析オプション |
| 3. アクセスのしやすさ(立地、利便性) | 7. その他 (_____) |
| 4. サポート(技術的な支援、アフターケア) | |

■ 最後に GACHA のサービスに関して、ご意見や提案、要望等があればご記入ください。

□ GACHA のキャンペーン情報などを不定期にお知らせするメールリストがある場合、購読を希望しますか。

- | | |
|-------|--------|
| 1. はい | 2. いいえ |
|-------|--------|

□ GACHA のサービスについてより詳しい説明を希望しますか。

- | | |
|-------|--------|
| 1. はい | 2. いいえ |
|-------|--------|

**お忙しい中、アンケートへのご協力ありがとうございました。
最後に今一度、ご記入漏れがないかお確かめください。**

【資料 A】 3'mRNA-seq と RNA-seq の違い

3'mRNA-seq

3'mRNA-seq は mRNA の 3'末端のみをシーケンスし、必要なリード数を減らすことでコストを抑える手法です。

メリット:

コスト効率: 3'mRNA-seq は、ターゲットが少ないため、通常の RNA-seq に比べてコストを下げることができます。

高い特異性: mRNA の 3'末端のみをターゲットにすることで、非特異的なシーケンシングを減らすことができます。

PCR 増幅アーティファクトの抑制: UMI (Unique Molecular Identifier) を使用することで、PCR の過程で生じる可能性のあるアーティファクト (同じ分子が複数回増幅される) による影響を抑えることができます。これにより、正確な遺伝子発現量の測定が可能になります。

デメリット:

情報の制限: 3'末端のみをシーケンシングするため、遺伝子全体の情報を得ることはできません。

バリエーションの検出ができない: スプライシングのバリエーションを検出することができません。

RNA-seq

RNA-seq は、全長の mRNA または全 RNA をシーケンシングする技術です。これにより、遺伝子の発現量だけでなく、遺伝子構造やスプライシングのバリエーションに関する情報も得られます。

メリット:

包括的な情報: 全長のシーケンシングにより、遺伝子の全体的な構造や発現パターンを詳細に分析できます。

バリエーションの検出: スプライシングのバリエーションや遺伝子の変異を検出できます。

デメリット:

コスト: RNA-seq は、シーケンスする領域が広いいため、3'mRNA-seq よりもコストが高くなります。

複雑なデータ解析: より多くのデータが生成されるため、データ解析が複雑になる可能性があります。

	RNA-seq	3'-mRNA-seq
発現量解析	◎ 未知遺伝子を含め；transcriptレベル	○ 既知遺伝子のみ；遺伝子レベル
変異解析	○	×
スプライシング解析	○	×
新規転写物発見と注釈 (未知の遺伝子の解析)	○	×
必要リード数 =>多いほど価格が高い ヒト・マウスゲノムの例	<ul style="list-style-type: none"> • 多い • 1サンプル 20 M リード 	<ul style="list-style-type: none"> • 少ない • 1サンプル 10 M リード
シーケンス仕様	50 bp x 2 paired-end (応相談)	100 bp + 37 bp paired-end
1回400Mリードのランを実行するまで揃う必要 なサンプル数 => 多いほど納期が長くする可能性あり	<ul style="list-style-type: none"> • 20 • 基本シーケンス仕様で実行するため、DNA-seq、Hi-Cなど他のライブラリとは混在可能 	<ul style="list-style-type: none"> • 40 • 他のライブラリとは混合不可

自分でライブラリーを作成しシーケンシングのみを行う場合、3'mRNA-seq は 2 万円ほど、RNA-seq は 4 万円ほどの料金での提供予定です。ライブラリー調整を含む場合、それぞれ 3 万円、6 万 5 千円ほどとなる予定です。

【資料 B】 RNA-seq を外注した時の参考価格

会社名	URL	ペアリード長	1 検体当たりの単価	取得リード数の目安
かずさゲノムテクノロジー	https://kazusagt.com/NGS/	75bp	196,000 円 (Promega 社を通じて提供)	30M
Promega	https://www.promega.co.jp/products/jutaku/NGS/	75bp	196,000 円	30M
Genome-Lead	https://genome-lead.co.jp/	150bp	1.8~5 万円 (検体数・データ量による)	13 M
FASMAC	https://fasmac.co.jp/	150bp	基本料金 45,000 円でオプションごとに料金を追加 (2sample 以上のみ受け付ける)	20 M
HaploPharma	https://www.haplopharma.com/	150bp	53,500 円から	
GeneNex	http://gene-nex.com/	150bp	45,000 円	10M
			60,000 円	20M
			75,000 円	30M
			90,000 円	40M
倉敷紡績	https://www.kurabo.co.jp/bio/genetrust/ngs/rna.html	100bp	40,000 円から (30sample 以上の場合の単価)	40M