

Next-Generation Sequencing

Von der Probenvorbereitung
bis zur bioinformatischen
Auswertung



Progress in science depends
on new techniques,
new discoveries and new ideas,
probably in that order.«

Sydney Brenner

Sequenzierungstechnologien der nächsten Generation

Die rasanten Entwicklungen von Hochdurchsatz-Sequenzierungstechnologien (Next-Generation Sequencing, NGS) haben durch enorme Kostensenkungen bei zeitgleicher Kapazitätssteigerung gänzlich neue Dimensionen in der Nukleinsäureanalytik eröffnet und unzählige Forschungsfelder im Bereich der Life Sciences revolutioniert. Das Besondere bei diesen Technologien ist, dass nicht mehr vereinzelt Fragmente, sondern mehrere hundert Millionen gleichzeitig sequenziert werden.

Am Fraunhofer-Institut für Grenzflächen- und Bioverfahrenstechnik IGB nutzen wir NGS für ein breites Spektrum an Fragestellungen im wissenschaftlichen wie auch im anwendungsorientierten Bereich. Projekte umfassen die De-novo-Sequenzierung industriell oder medizinisch interessanter Bakterien- und Pilzstämmen, Analysen der Transkriptionsprofile, die Identifizierung relevanter Gene – beispielsweise für die Früherkennung von Tumorerkrankungen – und das Screening nach Biomarkern für die Diagnostik.



Von der Probe bis zur vollständigen Analyse

NGS-Kompetenzen

Unser Institut kann den kompletten Arbeitsablauf abdecken, von der Probenvorbereitung über die Sequenzierung bis hin zur bioinformatischen Auswertung. Wir helfen Ihnen gern kurzfristig bei einer spezifischen Fragestellung oder stehen als verlässlicher Partner für ein langfristiges Projekt an Ihrer Seite. Dank der Kombination unserer State-of-the-Art-Ausstattung (Illumina NextSeq2000, Illumina MiniSeq, Oxford Nanopore MinION, QIAcube, Biomek FX etc.) mit unserer langjährigen Erfahrung im NGS-Bereich können wir Ihnen eine Vielfalt an Protokollen und Analysen anbieten, die Sie der Lösung Ihrer Fragestellung näher bringt.

Sequenzierung Illumina NextSeq 2000

	Max. Leselänge	Reads/Flowcell
High output run mode	2 × 150 Basen	1,1 Mrd
Rapid run mode	2 × 150 Basen	400 Mio



Probenaufbereitung

- DNA/RNA-Extraktionen aus verschiedensten Materialien etabliert
 - Pilze und Bakterien aus Reinkultur oder Biozönosen
 - Tierisches und pflanzliches Gewebe (auch FFPE)
 - Blut-, Stuhl- und Umweltproben
- Umfassendes Repertoire an spezifischen Protokollen verfügbar
 - DNA-Seq: Whole Genome Shotgun (WGS), 16S Amplikons, Enrichments
 - RNA-Seq: polyA+, small RNA, ncRNA, Strangspezifität, rRNA- und/oder Globin-Abreicherungen
 - Automatisierung am Biomek FX

Kapazität/Flowcell

330 GB

120 GB

Vorteile

Vielfältig einsetzbar, hoher Durchsatz

Schnelle Datenlieferzeiten



Bioinformatische Analyse

- De-novo-Genom-Assemblierung
- Genannotation auf In-silico- oder experimenteller Basis mittels RNA-Sequenzierung
- Referenzmapping und Varianzanalysen
- Differentielle Genexpressionsanalysen
- Metagenom- und Metatranskriptomanalysen
- Biomarker-Screening

Individueller Service

Neben bereits etablierten Standardprotokollen und -analysen erarbeiten wir darüber hinaus auch individuelle, mit Ihnen abgestimmte Herangehensweisen sowohl in der Probenaufbereitung als auch in der bioinformatischen Analyse. Falls Sie ausschließlich unsere Sequenzierkapazitäten nutzen wollen, können Sie uns auch bereits fertig präparierte DNA-Bibliotheken zusenden. Diese sequenzieren wir mit den gewünschten Abdeckungen und liefern Ihnen die Rohdaten. Alle Standard-Probenaufbereitungsschritte und Sequenzierungen sind validiert und werden nach strikten SOPs durchgeführt. Die Bearbeitungszeiten variieren je nach Projektinhalt zwischen zwei und acht Wochen.

Projekte nach Ihrem individuellen Bedarf

Um herauszufinden, welche Herangehensweise für Ihre Fragestellung bestmöglich geeignet ist, kontaktieren Sie uns jederzeit per E-Mail oder gerne auch telefonisch. Die besten Ergebnisse lassen sich erfahrungsgemäß durch eine von Anfang an gemeinsam erarbeitete Vorgehensweise erreichen. Daher koordinieren unsere engagierten Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler die Projekte in enger Absprache mit Ihnen und begleiten Sie umfassend während der gesamten Projektlaufzeit – von der Eingangsqualitätskontrolle des Materials bis hin zur Erstellung und Auslieferung des finalen Berichts. Wir freuen uns, Sie zu unterstützen.

Kontakt

Dr. Kai Sohn
Tel. +49 711 970-4055
Fax +49 711 970-4200
kai.sohn@igb.fraunhofer.de

Fraunhofer IGB
Nobelstraße 12
70569 Stuttgart
www.igb.fraunhofer.de



www.igb.fraunhofer.de/ngs
sequencing@igb.fraunhofer.de