

細菌叢・メタゲノム解析サービス

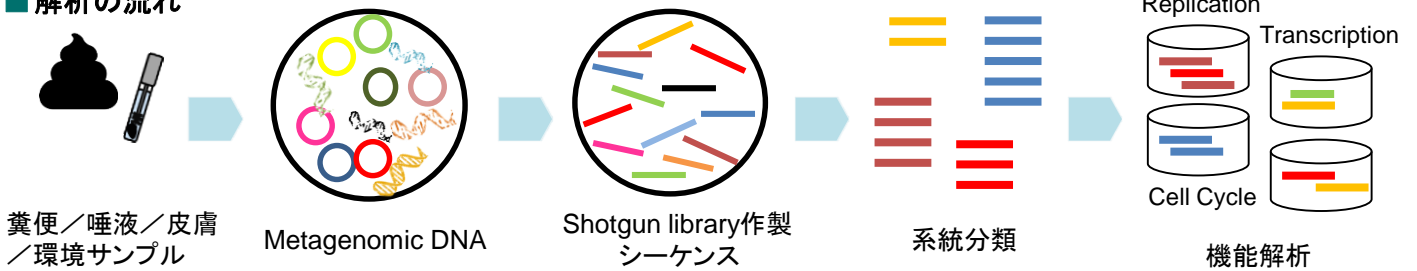


タカラバイオ(株)では、研究目的に応じた細菌叢・メタゲノム解析サービスをご提供しています。腸内、口腔内、環境サンプルの網羅的解析にご利用ください。

メタゲノム解析

メタゲノム解析は、臨床や糞便、環境サンプルから直接回収されたゲノムDNAを解析するため、菌叢の系統分類に加えて、遺伝子組成や機能解析が可能です。16S rRNA領域のみを対象とする16S rRNA PCRサンプルの解析(細菌叢解析)とは違い、全ゲノム配列を対象とするため、より精度の高い解析が可能です。さらにBacteriaだけでなくArchaea、Viruses(二本鎖DNAウイルス)、fungi、Microbial eukaryotes(藻類やプロトゾア)も解析対象に含まれます。

■ 解析の流れ



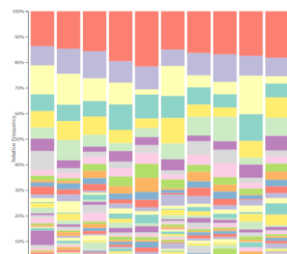
<系統分類納品物例>

細菌の存在量を門・綱・目・科・属・種の各レベルごとに一覧にします。

菌種組成リスト

Genus	sample1	sample2	sample3	sample4	sample5	sample6	sample7	sample8
Acetobacter	0	0	0	0	0.000292	0.001691	0.000294	0
Acetobacterium	0.0003534	0	0	0	0	0	0	0
Acetivibrio	0	0	0.000295	0	0	0	0	0
Acidithiobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0
Acidithiobacillus	0	0	0	0	0	0	0	0
Anaerostipes	0	0	0.000337	0	0	0	0	0
Anaerostipes	0	0.010095	0	0	0	0	0	0
Acetobacterium	0	0	0.000713	0	0	0	0	0
Bacillus	0	0	0	0	0.000084	0.001358	0.000889	0
Bacillus	0.000438	0.000448	0.000438	0.000438	0.000446	0	0.00158	0
Bacillus	0.000079	0.000079	0.000079	0.000079	0.000079	0	0.000079	0
Bacillus	0.00003	0	0	0	0.000116	0.00009	0.00009	0
Bacillus	0	0	0	0.000263	0.000297	0.000297	0.000297	0
Bacillus	0	0	0.01731	0.01731	0.01731	0.01731	0.01731	0
Bacillus	0	0	0	0	0.008787	0.017474	0.008787	0
Bacillus	0.0000121	0	0	0	0	0	0.0000121	0
Bacillus	0.001837	0	0	0	0	0	0	0
Bacillus	0	0	0	0	0.000271	0.000478	0.000271	0
Bacillus	0	0	0	0	0.00182	0.003819	0.00182	0
Bacillus	0	0	0.000969	0	0.001046	0.000969	0.000969	0
Bacillus	0	0.001448	0.001033	0.001004	0.001046	0.000969	0.000969	0
Bacillus	0.0000182	0.000182	0.000182	0.000182	0.000182	0	0.000182	0

barplot



<機能解析納品物例>

遺伝子ごとの存在量を算出し一覧にします。

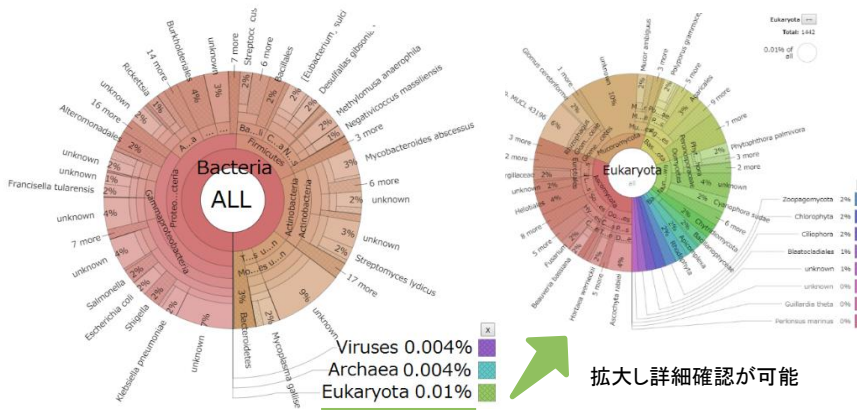
遺伝子情報

KEGG Ortholog ID	defn	sample1	sample2	sample3	sample4
E11.1.1.1	adhE, alcohol dehydrogenase [EC:1.1.1.1]	285.0743	294.1975	290.6557	295.7403
K00002	AKR1A1, adhE, alcohol dehydrogenase (NADP+)[EC:1.1.1.1]	0.1954	0.0980	0.0957	0.1920
K00002	hom, homoserine dehydrogenase [EC:1.1.1.3]	291.5224	348.2852	327.5122	357.1298
K00004	IEH, hsdR, [E11.1.1.1] deoxyribonuclease / mesoact	43.4769	35.9911	118.2027	85.1448
K00005	glcA, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [EC:1.1.1.6]	255.2016	277.2884	245.8578	205.4155
K00007	SDH, D-arabitol 4-dehydrogenase [EC:1.1.1.11]	46.7498	48.7936	47.5200	49.6204
K00008	SDH, epul, L-ribitol 2-dehydrogenase [EC:1.1.1.14]	23.8572	70.9959	132.0346	63.1256
K00009	mtc, mannitol-1-phosphate 5-dehydrogenase [EC:1.1.1.10]	184.5255	273.2622	191.9788	173.0818
K00010	tdk, myo-inositol 2-dehydrogenase / D-chiro-inositol	141.7902	166.2506	185.7208	165.6312
K00011	AKR1B, aldehyde reductase [EC:1.1.1.21]	0.5204	0.6299	0.6147	0.3701
K00012	UGDH, udt, UDP-glucose 6-dehydrogenase [EC:1.1.1.2]	419.0478	392.3214	451.4859	429.3856
K00013	hld, histidinol dehydrogenase [EC:1.1.1.23]	331.9173	377.9882	350.7956	404.6028
K00014	ard, arabinose dehydrogenase [EC:1.1.1.25]	680.1937	650.7814	705.2349	661.1012
K00015	gcr, GCR1, glycylate reductase [EC:1.1.1.26]	58.9896	63.9608	116.9512	79.3132
K00016	Ldh, lpl, L-lactate dehydrogenase [EC:1.1.1.27]	298.3914	464.9797	424.1434	380.7427
K00018	hcr, glyceraldehyde dehydrogenase [EC:1.1.1.29]	62.2135	44.9565	76.9276	103.8165
K00019	E11.1.1.30, lsd, 3-hydroxybutyrate dehydrogenase [EC:1.1.1.30]	239.2120	200.3893	252.5691	259.5199
K00020	hmdE, hmdA, 3-hydroxybutyrate dehydrogenase	431.5048	327.4560	368.2215	436.1158
K00021	hmdC, hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (NAD)	3.9054	3.1818	0.9567	2.3045
K00022	hmdH, 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase [EC:1.1.1.15]	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
K00024	hpdE, acetoacetyl-CoA reductase [EC:1.1.1.36]	51.7955	128.4778	96.3800	173.5107

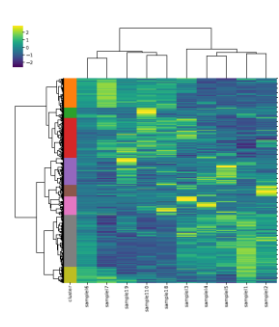
KEGG Ortholog ID

遺伝子存在量 (RPKM値)

Pie chart (検体ごと)



Heatmap



■ 納品物

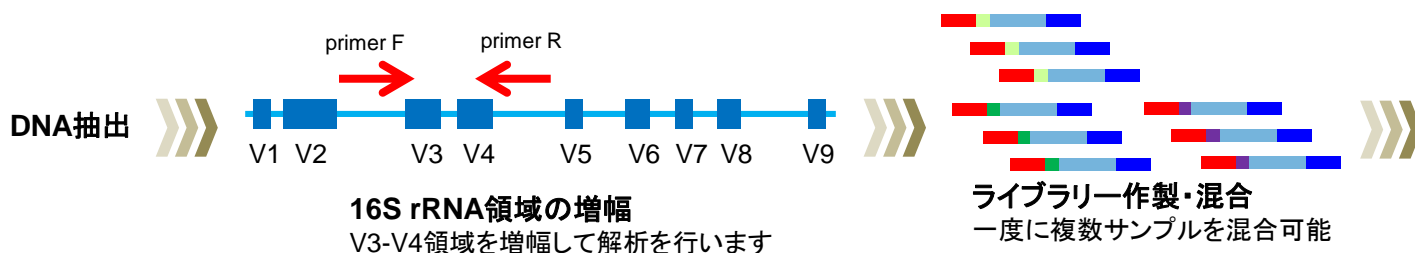
- ・作業報告書
- ・シーケンスデータ式
- ・系統分類結果
- ・機能解析結果

16S rRNA PCRサンプルの解析（細菌叢解析）

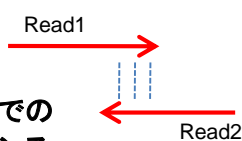
16S rRNA領域を増幅したPCR産物等を対象に、次世代シーケンサーを用いて大量に塩基配列を取得します。得られた配列を用いて16S rRNAデータベースに対する相同性検索および系統分類解析を実施し、対象サンプル中どのような微生物がどれくらい存在しているかをグラフィカルなデータで納品いたします。

■ 解析の流れ

腸内細菌叢解析では、ヒト・マウス糞便のDNA抽出から対応可能です

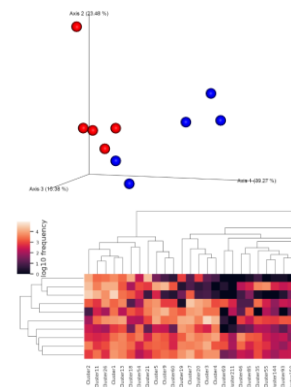
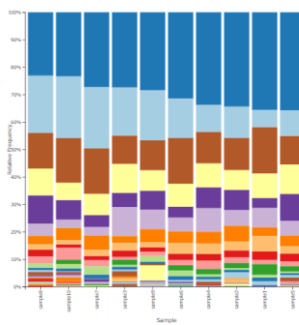


MiSeqでの
シーケンス



タグ配列を用いてサンプル毎にリードを分類
アセンブルによるRead1とRead2の統合

情報解析
クラスタリング
代表配列抽出
Blast検索
系統分類など



■ 納品物

・作業報告書 ・シーケンスデータ形式 ・系統分類結果 等

■ 菌叢比較解析（オプション）

検体間の菌叢の違いを、主成分分析およびクラスター解析により解析します。検体間の比較結果を視覚的にとらえることができます。対照群、比較群など指定のグループ毎の比較も可能です。

受入サンプル

アプリケーション	種類	量	濃度	OD260/280	OD260/230
メタゲノム解析	糞便(ヒト・マウス)	目安：凍結糞便 200 mg程度 ※事前にお問い合わせください。			
	ゲノムDNA	200 ng以上	5 ng/μl以上	1.6以上	1.6以上
16S rRNA PCRサンプルの解析 (細菌叢解析)	糞便(ヒト・マウス)	採取キット・説明書をご用意しています。事前にお問い合わせください。			
	ゲノムDNA	20 μl以上※	10 ng/μl以上	1.6以上	1.6以上
	PCR産物(ライブラリー)	50 ng以上	5 nmol/μl以上	1.6以上	1.6以上

※液量20 μl以上でご送付ください。記載濃度は目安です。サンプル濃度が記載濃度以上であっても、提供サンプル中に含まれるバクテリア由来DNA量によっては、十分量のPCR産物が得られない場合がございます。また基準を満たしていない場合でも、PCR産物が得られる場合もございます。

・糞便や環境サンプルからのゲノムDNA抽出および精製には、NucleoSpin Soil (製品コード 740780.10/.50/.250)またはNucleoSpin DNA Stool (製品コード 740472.10/.50/.250)の使用を推奨します。
・ヒト臨床検体からのDNA抽出の場合は、事前にサンプルの感染性について情報提供用紙をご提出いただき、施設受入の可否をご連絡いたします。

※本チラシに記載されている会社名および商品名などは、各社の商号、または登録済みもしくは未登録の商標であり、これらは各所有者に帰属します。

2021年1月修正

タカラバイオ株式会社

■ 受託サービスに関するお問い合わせ

滋賀県草津市野路東七丁目4番38号 〒525-0058
TEL 077-565-6999

Website <http://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/>

取扱店