マイクロバイオーム解析

（ウイルス叢・ショットガンメタゲノム・16S rRNA解析 ）

タカラバイオでは、研究目的に応じたマイクロバイオーム解析サービスをご提供します。

◆ アプリケーション種類

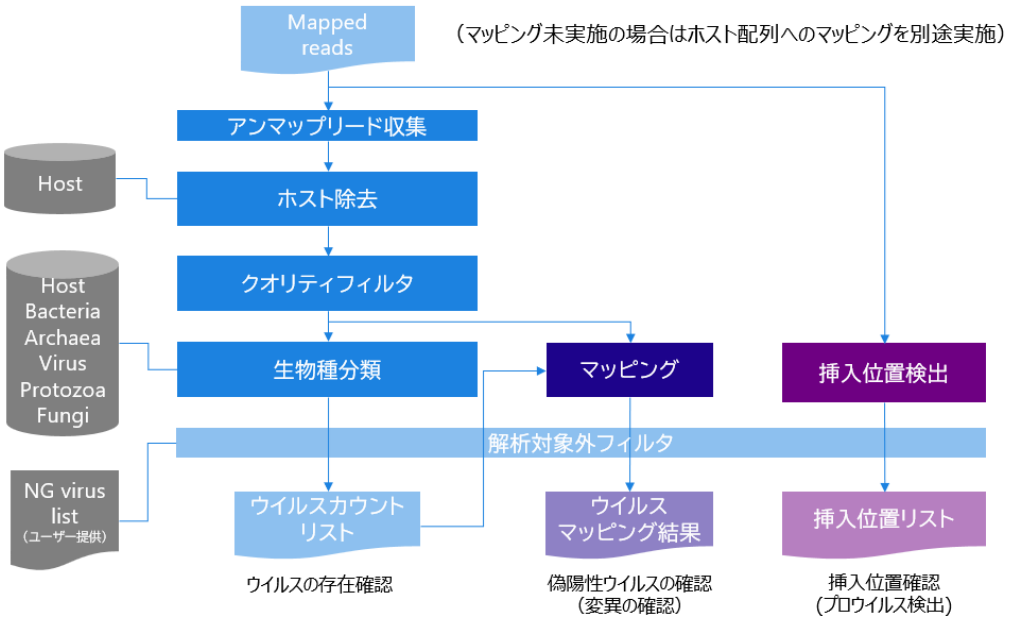
	Virome（ウイルス叢）の網羅的解析	ショットガンメタゲノム解析	16S rRNA解析（細菌叢解析）
特徴	・独自のノウハウにより、ヒト全ゲノムシーケンス（WGS）やRNA-Seqデータから高精度なウイルス検出を実施 ・宿主ゲノムに挿入されたウイルス（プロウイルス）の挿入位置を検出 ・取得済みシーケンスデータからのウイル検出も可能	・糞便、環境検体等のメタゲノムDNAからJMBC採用プロトコルでの解析を実施 ・16S rRNA解析（細菌叢解析）よりも精度の高い解析、広い解析対象 ・菌種組成算出だけでなく、機能解析、遺伝子組成の算出も可能	・12種類の人工16S rRNA遺伝子配列を同時分析することで絶対定量が可能に（凍結糞便、唾液 、土壌検体のみ） ・従来の16S rRNA菌叢解析の相対定量に絶対定量をプラス ・腸内細菌叢の解析では核酸抽出からも対応可能
解析対象	ssDNA/dsDNA/ssRNA/dsRNAウイルス*	Bacteria、Archaea、dsDNAウイルス、fungi、Microbial eukaryotes（藻類やプロトゾア）	Bacteria、Archaea

*ライブラリー作製手法によって検出可能なウイルス種が変わります

Virome（ウイルス叢）の網羅的解析

ヒト全ゲノムシーケンス・RNA-Seqデータから宿主ゲノム（ヒトゲノム）を除去し、メタゲノムデータベースを用いて生物種分類を行い、ウイルス種カウントリストを作成します。検出されたウイルス種のゲノム参照配列にシーケンスデータを再マッピングし、偽陽性でないことを確認することで解析結果の精度を高めます。

■情報解析の流れ



- 特徴
  1. 宿主配列を丁寧に除去し偽陽性検出を軽減
  2. ウイルス参照配列に再マッピングし、正常な検出かを検証可能
  3. 宿主ゲノムに挿入されたウイルスの挿入位置を検出可能
  4. 解析対象外ウイルスを結果より除去可能

※ホスト除去はヒトのみ対応

詳細はこちら▼

■納品物

・作業報告書　・ウイルスカウント結果　・ウイルス挿入位置リスト　・マッピング結果等

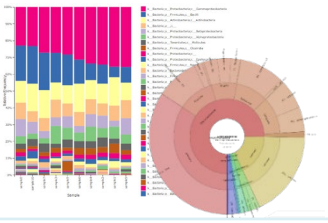
Clontech　TaKaRa　cellartis

ショットガンメタゲノム解析

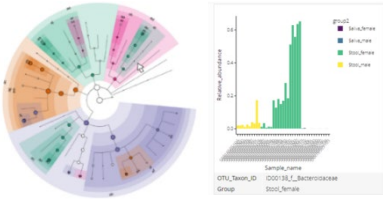
菌叢の系統分類に加えて、遺伝子組成や機能解析が可能です。全ゲノム配列を対象とするため、より精度の高い解析が可能です。さらにBacteriaだけでなくArchaea、Viruses（二本鎖DNAウイルス）、fungi、Microbial eukaryotes（藻類やプロトゾア）も解析対象に含まれます。

■解析の流れ

系統分類結果
菌種組成を算出



群間比較（LEfSe）
群間比較で特徴的な菌種情報を取得



共起ネットワーク解析
菌の出現頻度や量的な相関関係から共起関係にある細菌を探索。菌種間の相関を確認

■**納品物**　・作業報告書　・シーケンスデーター式　・系統分類結果　・群間比較結果 等

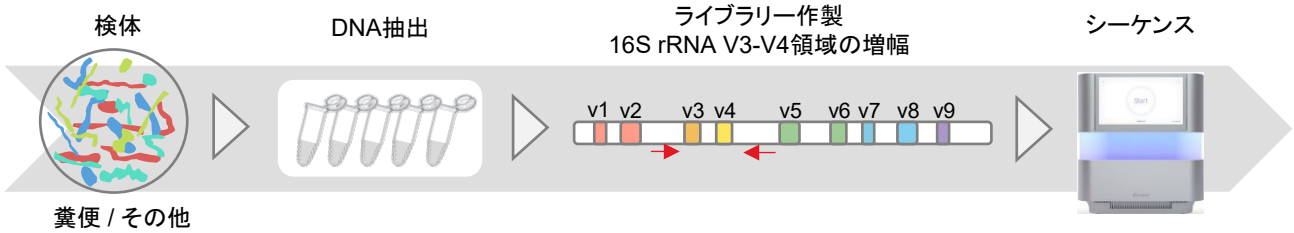
■**遺伝子機能解析（オプション）**　・遺伝子予測結果、遺伝子存在比　・階層クラスタリング結果 等

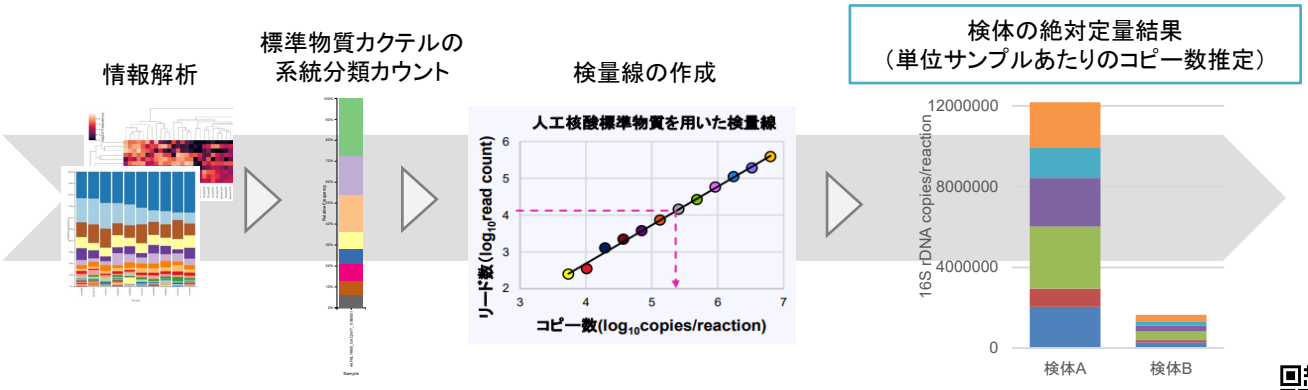
詳細はこちら▶

16S rRNA解析（細菌叢解析）

12種類の人工16S rRNA遺伝子配列と核酸抽出物を鋳型として、16S rRNA領域（V3-V4領域）を対象に解析します。各検体に含まれる人工16S rRNA遺伝子配列由来の配列数をカウントし、理論コピー数と比較により作成した検量線を用いて、検体に含まれる菌の絶対定量値を算出します。

■解析の流れ





■**納品物**　・作業報告書　・シーケンスデーター式　・系統分類結果等

詳細はこちら▶

※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。 2025年8月作成N

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 https://catalog.takara-bio.co.jp/jutaku/

取扱店