

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。単離した菌株の菌種の推定解析も承ります。

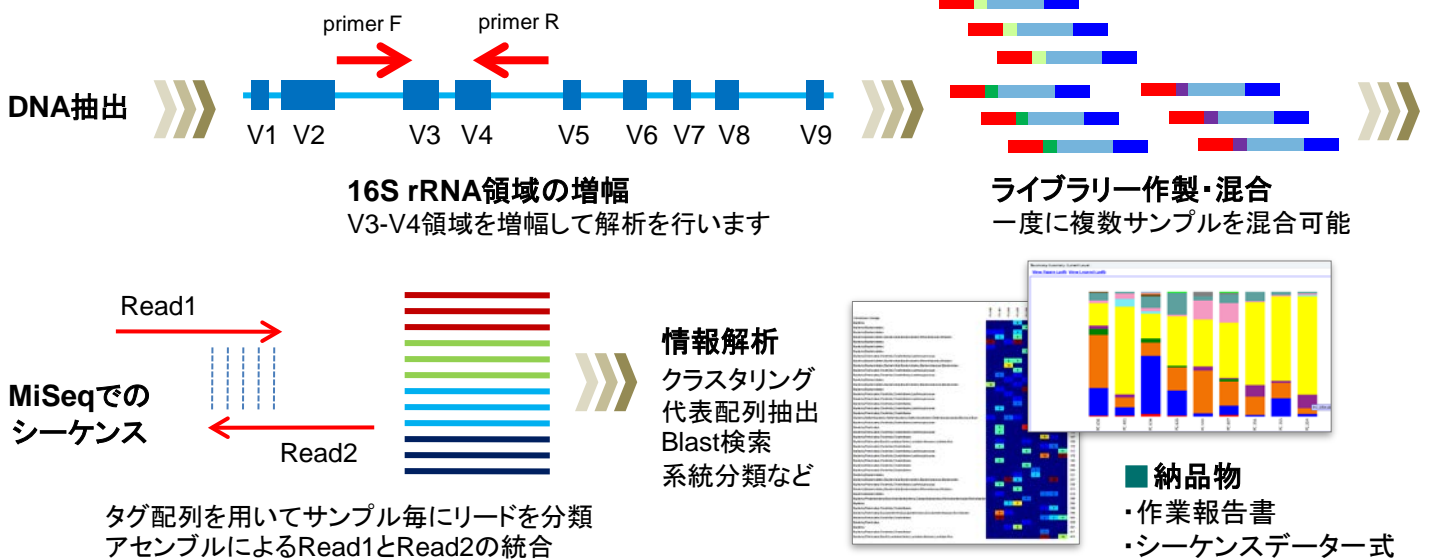


16S rRNA PCRサンプルの解析（細菌叢解析）

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。

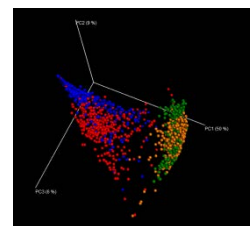
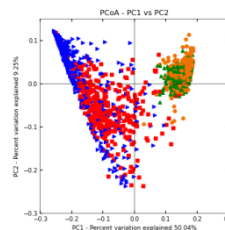
■ 解析の流れ

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



■ 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。



微生物推定解析

単離された菌体から調製したDNAを用いて、サンガー法シーケンサーによる微生物種の推定解析を行います。細菌の16S rRNA領域または真菌のITS1領域をPCRで増幅し、シーケンスを行い、相同性検索結果より菌種を推定します。推定された菌種の上位リスト(50位)を納品いたします。

サービス項目	領域長
16S rRNA配列解析（細菌）	約500塩基
	約1,500塩基
ITS1 配列解析（真菌）	約300塩基

■ 納品物

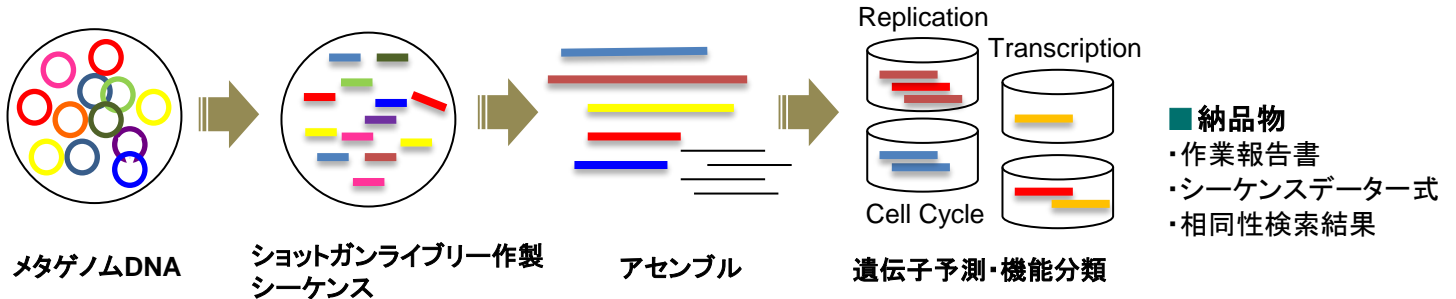
・作業報告書
・シーケンスデータ一式
・相同性検索結果
WEB納品も可能です。

■ 納期

約2週間～

メタゲノム解析

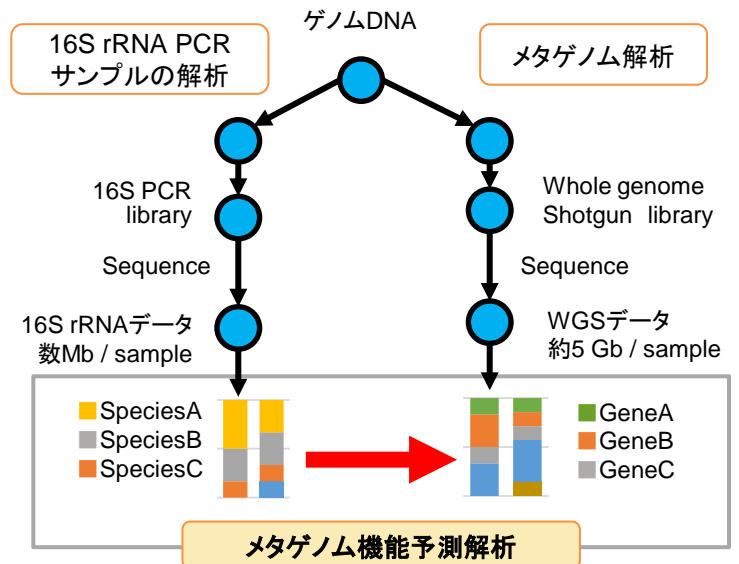
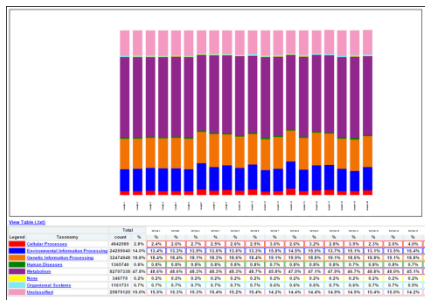
細菌集団全体のゲノム解析により、細菌叢の遺伝子組成・機能解析を行います。メタゲノム解析は、環境サンプルから直接回収されたゲノムDNAを解析するため、従来の方法では困難であった難培養菌のゲノム情報の取得を期待できるほか、菌叢の遺伝子組成や機能解析が可能です。メタゲノムDNAを提供いただき、HiSeq / MiSeqを用いてシーケンスを実施します。取得した塩基配列のアセンブルを行い、遺伝子領域を予測して、COG (Clusters of Orthologous Groups) やKEGGデータベースに対する相同性検索を行います。



16S rRNAデータを用いたメタゲノム機能予測解析

16S rRNA PCRサンプルの解析にて得られた菌叢データからメタゲノム機能組成を予測します。メタゲノム解析を行わないため、コストを抑えて解析することが可能です。KEGG Orthologyに基づく機能分類を行い、検体ごとの機能組成データを納品いたします。

- 納品物**
- ・作業報告書
 - ・機能組成データ (excel形式)
 - ・各種機能組成図グラフ (html形式)



受入サンプル

アプリケーション	種類	量	濃度	OD260/280	OD260/230
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	500 ng以上	50 ng/μl以上	1.6以上	1.6以上
	PCR産物(ライブラリー)	1 μg以上	20 ng/μl以上	1.6以上	1.6以上
微生物推定解析	ゲノムDNA	200 ng以上	—	—	—
メタゲノム解析	ゲノムDNA	2 μg以上	60 ng/μl以上	1.6以上	1.6以上

・糞便・環境サンプルからのゲノムDNA抽出および精製にはマッハライ・ナーゲル社のNucleoSpin Soil (製品コード 740780.10)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た社名および製品名は、特に記載がなくても各社の商標または登録商標です。 ※表示価格はすべて税別です。 2016年4月作成G

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