

bitBiome株式会社

微生物シングルセルゲノム解析サービス

bit-MAP[®]

1検体 あたり **1,000,000円** (税別)

マイクロバイオーム研究でこのようなお困りごとはありませんか？

- ✓ 同種間での機能や多様性を株レベルで比較したい
- ✓ 培養条件やバイアスを検討せずにできるだけ高品質な菌株ゲノムが欲しい
- ✓ 生物多様性が高くショットガンメタゲノム解析での解析が難しい
- ✓ メタゲノム解析では、機能や現象の理解に限界がある



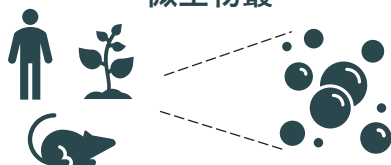
bit-MAP[®]

- ✓ ゲノム・可動性因子（プラスミドなど）を株単位で獲得
- ✓ 培養不要プロセスにより多数の細菌ゲノムを一挙に獲得可
- ✓ 土壌や温泉など解析困難な検体も実績多数
- ✓ シングルセル由来のため、機能と菌名を紐づけた解析が可能

サービスの概要

サンプルのご準備

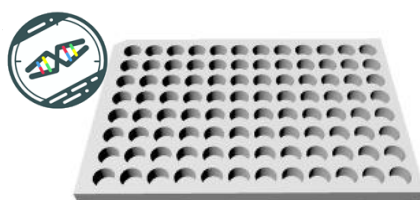
様々なサンプル中の
微生物叢



ヒト(糞便、唾液、皮膚、口腔内)
動物(マウス、草食動物)
土壌、海水、温泉など解析実績多数

bit-MAP[®] シングルセルゲノム解析

1検体あたり
384ウェルのゲノムを解析



納品物

解析レポート

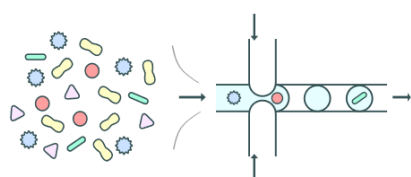


ゲノム配列データ

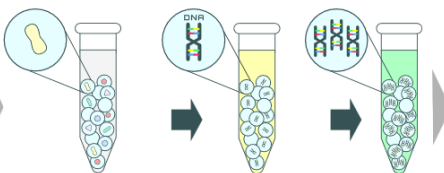


標準納期: 8週間

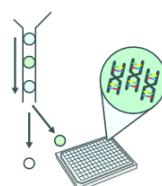
ゲルカプセル封入



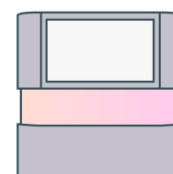
溶菌・DNA増幅



ソート



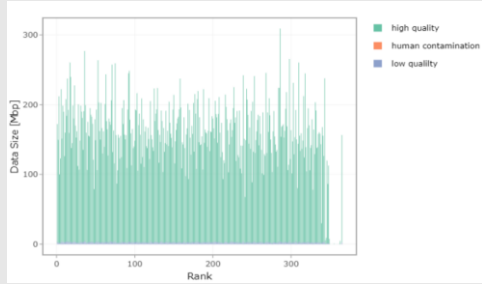
シーケンス・ 解析



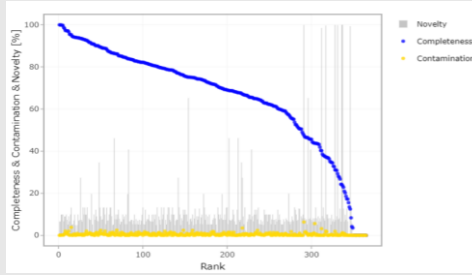
bit-MAP[®]では、微小なカプセルに微生物を1細胞ごと閉じ込めて、細胞膜の破壊、DNAの抽出、増幅などの多段階の反応を精密に制御します。カプセル内部で正確に増幅されたDNAを個別に分析することで、微生物1つ1つのゲノム配列が解読されます。 Nishikawa et al. ISME commun. 2022, Chijiwa et al. Microbiome 2020

納品物(例)

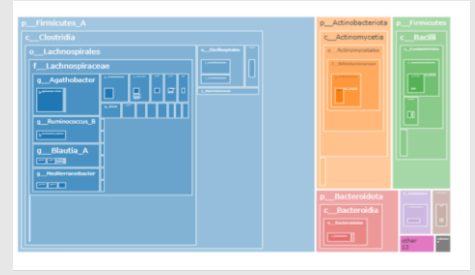
a. シーケンスデータの品質



b. ドラフトゲノムの品質



c. 生物種の系統・存在比



- ✓ シーケンスとドラフトゲノムの品質評価(a,b)から、生物種/近縁種推定 (c)、遺伝子アノテーション (Prokka) も標準納品しています
- ✓ 納品物のシーケンスデータにて再解析可能です
- ✓ お客様のご希望に合わせたカスタマイズバイオインフォマティクス解析 (比較ゲノム解析、系統樹作成、機能解析等) もご提供しています

サービスの流れ



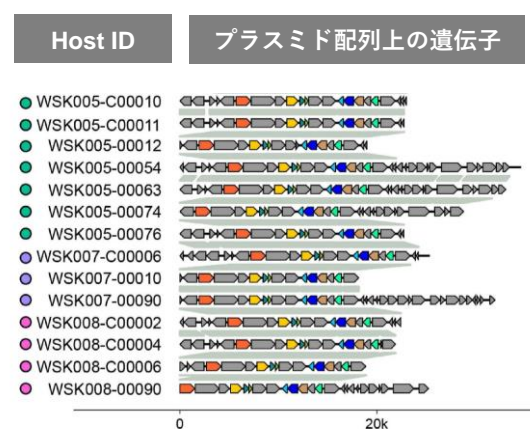
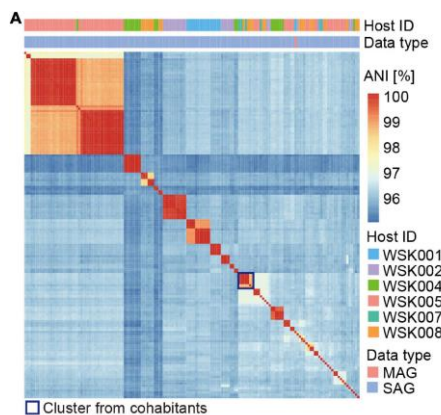
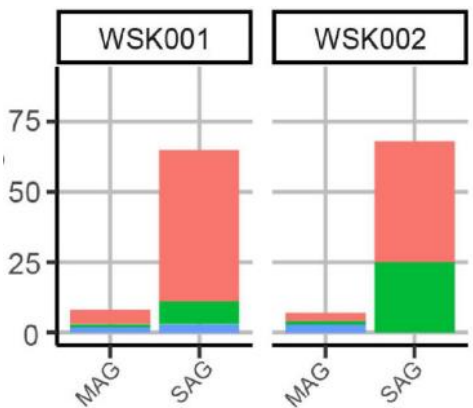
Case study

Ide, K et. al., Front. Microbiol. 2022 <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.955404>

ヒト皮膚常在菌



シングルセルゲノム解析なら高品質ゲノムを多数獲得可能
プラスミド・プロファージを株レベルで比較も可能に



シングルセルでショットガンメタゲノムの10倍以上の中・高品質ゲノムを取得
MAG : Metagenome-Assembled Genome
SAG : Single-Amplified Genomes

8名の日本人から得られた *Moraxella osloensis* sp. のゲノムを株レベルで比較し、株レベルでの多様性を解明

M. Osloensis sp.由来のプラスミド配列を取得

お問合せ先: bitBiome株式会社
E-mail: service@bitbiome.co.jp
Web: <https://www.bitbiome.co.jp/>
Twitter: https://twitter.com/bit_Biome
〒162-0041
東京都新宿区早稲田鶴巻町513 早稲田大学121号館 415号室

