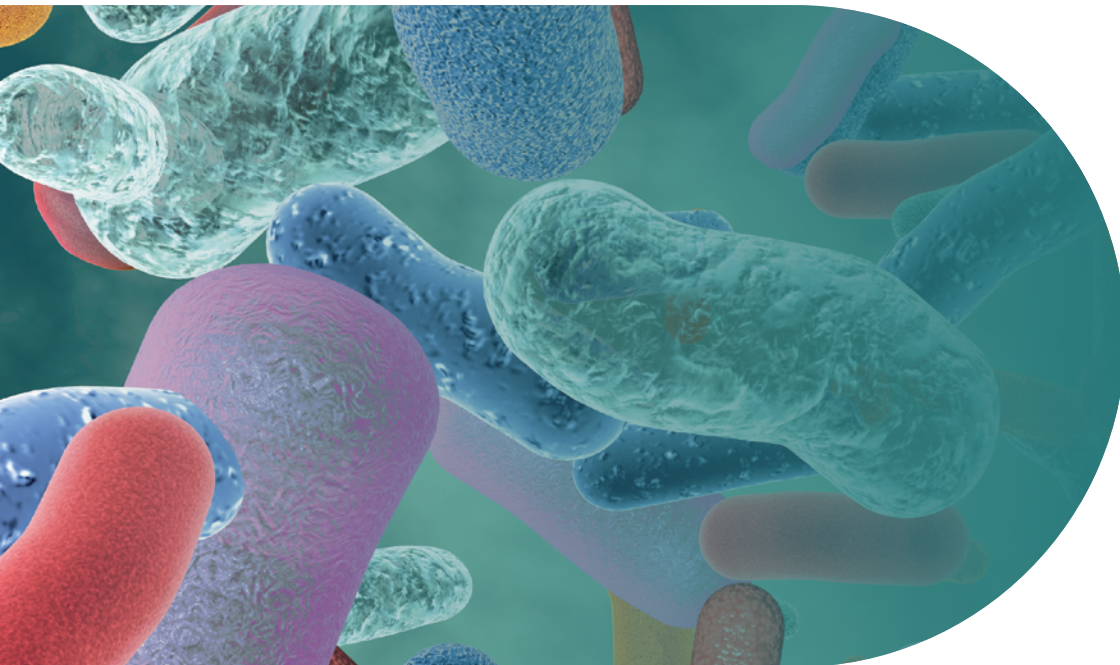


微生物ソリューションに新しいツール

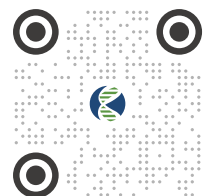
シャローショットガンメタゲノムシーケンス

Shallow Shotgun Metagenome Sequencing



2Gb以下のデータで16Sシーケンスとディープメタゲノムシーケンスのギャップを埋める費用対効果の高い方法

Advancing Genomics
Improving Life



シャローショットガンメタゲノムシーケンス(SSMS)はアンプリコンシーケンス(16S Amplicon)と比較してPCRバイアスが少なく、増幅領域に制限されないため、種レベルの分類学的プロファイリングや細菌叢機能の解析において、精度が向上しています。

SSMSは、16S Ampliconとディープショットガンメタゲノムシーケンス(DSMS)の橋渡しとして用いられます。通常のDSMSと比較して、より安価に種レベルの分類学的分解能のメタゲノムデータを提供することが可能です。

SSMSは微生物組成に関するバイアスのない洞察が得られ、大規模・長期的な研究に適しています。

PCRバイアス
フリー

高解像度
解析

高い
費用対効果

SSMSは、得られる結果とデータ解析の観点から、一部の16Sアンプリコンシーケンスから置き換えることができます。SSMSはPCRバイアスが少なく、増幅領域に限定されないため、お客様自身で異なるタイプの分類法を比較することが可能です。

SSMSがアンプリコンシーケンス良い場合

1. PCRバイアスが少なく、小さな領域ではなく全ゲノムをシーケンスするので、異なる分類法の違いについて理解を深めたい時
2. 真菌対バクテリア、真核生物対バクテリアなど、同一サンプルで異なる分類法を比較したい時

アンプリコンシーケンスがSSMSより良い場合

1. 量が少ないサンプルやホストの汚染が多いサンプルで、PCR増幅が有効な時
2. 研究対象がPCR増幅で発見できる可能性のある不明瞭な分類群の時

※量が少ないサンプルでは、データ解析前にホストコンタミネーションを除去する必要があるため、SSMSで実施する1-2Gbのシーケンス量では十分ではありません。

SSMSで実施可能なケースでは、16Sアンプリコンシーケンスを補足的に行う必要はなく、SSMSが16Sアンプリコンシーケンスを代替することになります。

論文紹介

ノボジーン社から提供されたサービスを用いた論文の紹介

香港中文大学のJun Yu教授とその研究チームは、タバコを吸うと腸内細菌叢の異常が誘発され、腸管バリア機能障害を刺激することで腫瘍形成が促進されることを明らかにしました。この腸管バリア機能障害は、発がん性および炎症性シグナル伝達経路を活性化することにより、最終的に大腸腫瘍の発生に寄与することが明らかになりました。

Bai X, et al. Gut 2022;0:1-12. doi:10.1136/gutjnl-2021-325021

サンプル要件

ライブラリータイプ	サンプルタイプ	サンプル量 (Qubit®)	液量	濃度	純度 (NanoDrop™/Agarose Gel)
Shotgun Metagenomics Library	Genomic DNA	≥ 200 ng	≥ 20 μL	≥ 10 ng/μL	OD260/280=1.8-2.0 分解なし コンタミなし

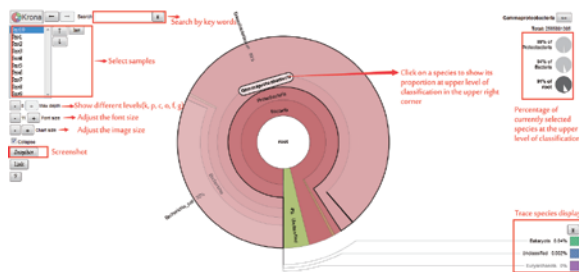
推奨サンプル

糞便・唾液サンプル / 膣・口腔・直腸からのスワブサンプル / 抽出済みDNA

解析結果

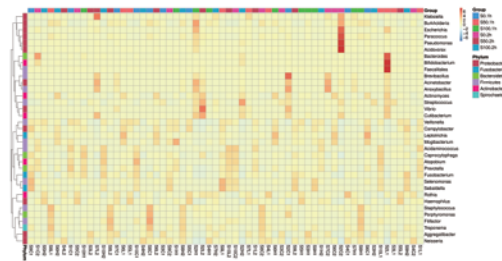
お届けする解析結果は、Krona plots、階層的クラスタリング解析などを含みます。

■ Kronaプロット



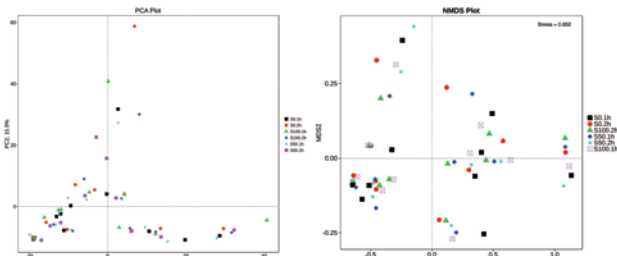
メタゲノム分類の複雑な階層構造の中で、相対的な存在量と信頼性を可視化。

■ 階層的クラスタリングとヒートマップ



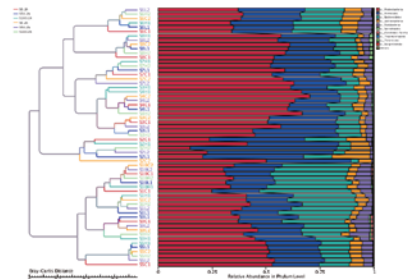
サンプル間の類似性を評価。比較すべき群を見極め目的に応じた次の解析を考えるヒントとなります。

■ PCAとNMDS解析



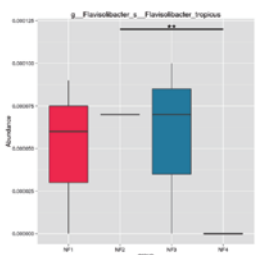
次元圧縮により、サンプル間またはサンプルグループ間の差異を可視化。距離は、各サンプル内の種の類似性を反映しています。

■ クラスタリング解析



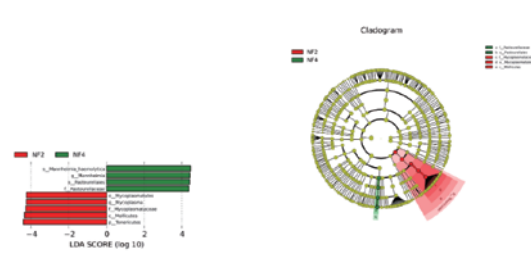
属性の類似性に基づくクラスタリング結果を通じて、サンプル間の類似性を評価する。

■ Metastats



メタゲノム研究において、差次的に存在する特徴を検出するための統計解析。

■ LEfSe



2つ以上の生物学的状態の違いを特徴づけるゲノム特性を同定する統計解析。生物学的に意味のある異なる豊富な特徴を同定するための統計的有意性、生物学的一貫性、効果関連性を重視した解析です。

ノボジーン微生物サービス

ノボジーンでは用途や目的に合わせてお選び頂けるよう、各種微生物ソリューションをご用意しています。



メタゲノム

Amplicon Seq
16S Full Length Amplicon
Shallow Shotgun Metagenomic
Shotgun Metagenomic



微生物

Bacteria Whole-Genome Seq
Bacteria Complete Map



真菌

Fungal Whole-Genome Seq
Fungal Survey
Fungal Fine Map



RNA

Prokaryotic RNA Seq
Metatranscriptome

ノボジーンの強み

豊富な経験

病原性細菌、プロバイオティクス、食用菌、薬用株、工業株など、さまざまな研究を網羅するシーケンスプロジェクトの豊富な実績があります。

包括的で優れた解析

数多くのメタゲノムシーケンスプロジェクトを実施し、多くのメタゲノム研究に関する論文に貢献しています。

迅速な納期

アジア全域に戦略的に配置されたラボと充実したNGSシステムにより、迅速な納期を実現します。

最新情報



The Gut Microbiome and Energy Source of the Giant Panda

ジャイアントパンダは非常に特徴的な種であり、その繊維質の高い食事は99%が竹で構成されています。パンダの消化能力は、この特異な食事に適応していることが研究により示唆されています。それだけでなく、その表現型も同様です。しかし、パンダがこの植物からどのようにエネルギーを獲得しているのかは、ほとんど謎のままです。このテーマに光を当てるため、メタゲノム研究が行われました。



弊社サービスは国内の研究用途のみでご利用頂けます。

Novogene Co., Ltd.
ノボジーン株式会社

〒103-0025

東京都中央区日本橋茅場町2-7-10
茅場町第3長岡ビル7階

e: amea-jk-sales@novogene.com

jp.novogene.com

販売代理店