

次世代シーケンスによる 微生物群集構造（細菌叢）解析

微生物群集構造（細菌叢）解析

環境微生物、腸内細菌、皮膚細菌等のDNA塩基配列を網羅的に調べることで、**微生物の種類と存在比率を高感度かつ網羅的に解析**します。

実施内容

お客さまは試料を送付するだけ、前処理から実施します。

- 試料からのDNA/RNA抽出（環境、口腔、皮膚、糞便試料）
※抽出が困難な場合は別途費用を頂戴する場合があります。
※ヒト試料の場合は匿名化等、個人情報の保護をお願いいたします。
- 真正細菌、古細菌、藻類、真核生物など（裏面）を網羅的に解析。
- 信頼性の高いillumina社MiSeqによるペアエンドシーケンスを採用。
- 1試料当たり3万リードを保証（5万リードを目安に取得）。
- 菌叢分類（97% OTU）



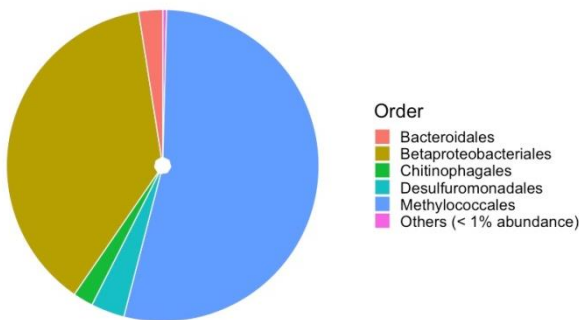
illumina社 MiSeq

報告内容

- 菌叢分類（門、綱、目、科、属）リスト

OTU 番号	系統分類					リード数		
	界	門	綱	目	科	試料1	2	3
01	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Methylococcales	Methylomonaceae	73764	29750	102539
02	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Methylophilaceae	3829	2685	2594
03	Bacteria	Proteobacteria	Gammaproteobacteria	Betaproteobacteriales	Gallionellaceae	9600	1737	13525

- 分類群（門、綱、目、科、属）の菌叢グラフ



- 解読した全配列、代表（OTU）全配列

分析対象生物

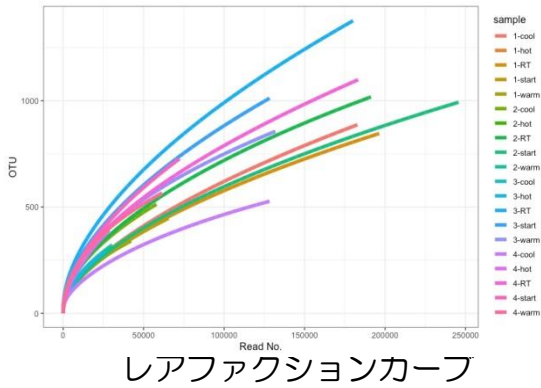
対象生物	解析遺伝子領域	分析例
原核生物（細菌、古細菌、ラン藻類）	16S rRNA	環境、環境技術 ヒトマイクロバイオーム
真核生物（酵母、カビ、藻類）	18S rRNA、ITS	環境、生活環境
魚類*1	12S rRNA	環境調査（環境DNA）
哺乳類*2	12S rRNA	環境調査（環境DNA）
鳥類*3	12S rRNA	環境調査（環境DNA）

*1, Miya et al., doi: 10.1098/rsos.150088; *2, Ushio et al., 2016. doi: 10.1111/1755-0998.12690; *3, Ushio et al., 2018. doi: 10.1038/s41598-018-22817-5.

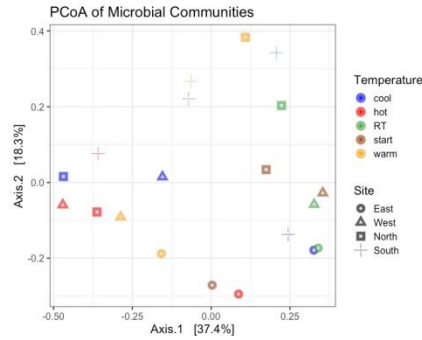
オプションデータ解析

データ解析

- 多様性解析（レアファクション、主座標分析、 α 多様性、 β 多様性）



※検出配列数とOTU(種)数の関係



※試料間での群集構造の類似性を比較

- BLAST解析

OTU 番号	公開データベースに登録される最も近縁な細菌種		
	公開データベース 登録番号	相同性 [%]	細菌種、遺伝子名
01	NR_042107.1	99.6	<i>Methylobacter tundripaludum</i> strain SV96 16S ribosomal RNA, partial sequence
02	NR_121695.1	98.4	<i>Sulfuricella denitrificans</i> strain skB26 16S ribosomal RNA, partial sequence
03	NR_074658.1	97.6	<i>Gallionella capsiferriformans</i> strain ES-2 16S ribosomal RNA, partial sequence
..
..

- 解析結果の考察、文献調査

例) 活性汚泥、メタン発酵における運転条件、性能と主要な細菌の役割の関係性。
バイオフィルム、金属腐食の原因調査。カビ等の発生原因。

お問合せ

貴社担当営業または下記へお願いいたします。
関東環境技術センター 研究開発室 TEL 043-295-1107

中外テクノス株式会社 <https://www.chugai-tec.co.jp/>