

# メタゲノム受託解析サービス



ニーズに応じて各種アプリケーションをご用意

## 16S rRNA細菌叢解析

- V3+V4領域を対象に解析。
- 糞便、環境サンプルなどに含まれる細菌の種類や存在比を簡易的に同定。

## 全メタゲノミクス

- サンプル中に含まれるDNAを網羅的に解析。
- 細菌、真菌、微生物以外の生物種も検出。

## 18S/ITS rRNA菌叢解析

- 18S(V7+V8)、ITS (ITS2)領域を解析。
- コウボ、真菌の網羅的検出と分類を実施。

## 16S rRNA全長解析

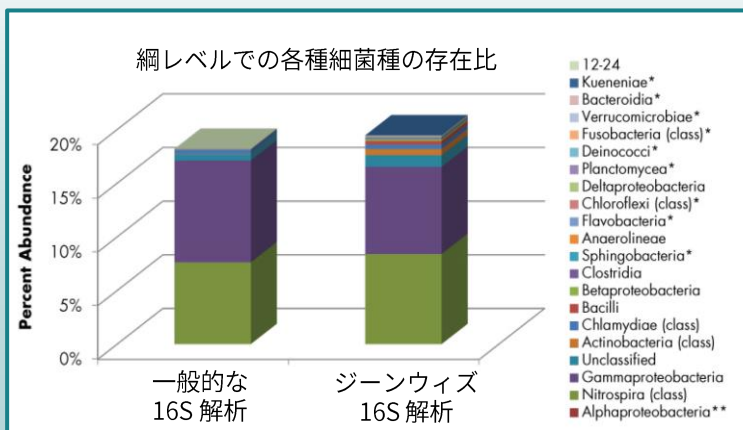
- ロングリードシーケンサーで16S rRNA全長を解析。
- 種レベルまでのより正確な細菌叢解析が可能。

## メタトランスクリプトーム

- 細菌叢での転写産物を同定。
- 環境や宿主の反応により影響される細菌の作用を解析。

## 細菌・真菌種同定

- クローン化されたサンプルについて、rRNA/ITS領域の全長配列を取得。
- 細菌種・真菌種を同定。



弊社16S rRNA (V3+V4) 解析は独自開発の縮重プライマーを使用。従来の一般的な16S解析と比べ、より希少な細菌種も高感度に検出。

最近では、バクテリア、真菌、ウイルス、微生物などをより包括的に検出することができる、全メタゲノミクスも重要視されています。

## ジーンウィズメタゲノム受託解析の特長

### 1 国内ラボで核酸抽出から対応

様々なサンプルタイプから、メタゲノム・トランスクリプトーム解析に適した前処理・手法でDNA/RNAを抽出いたします。

### 2 お客様のニーズに応じて豊富なソリューションをご提案

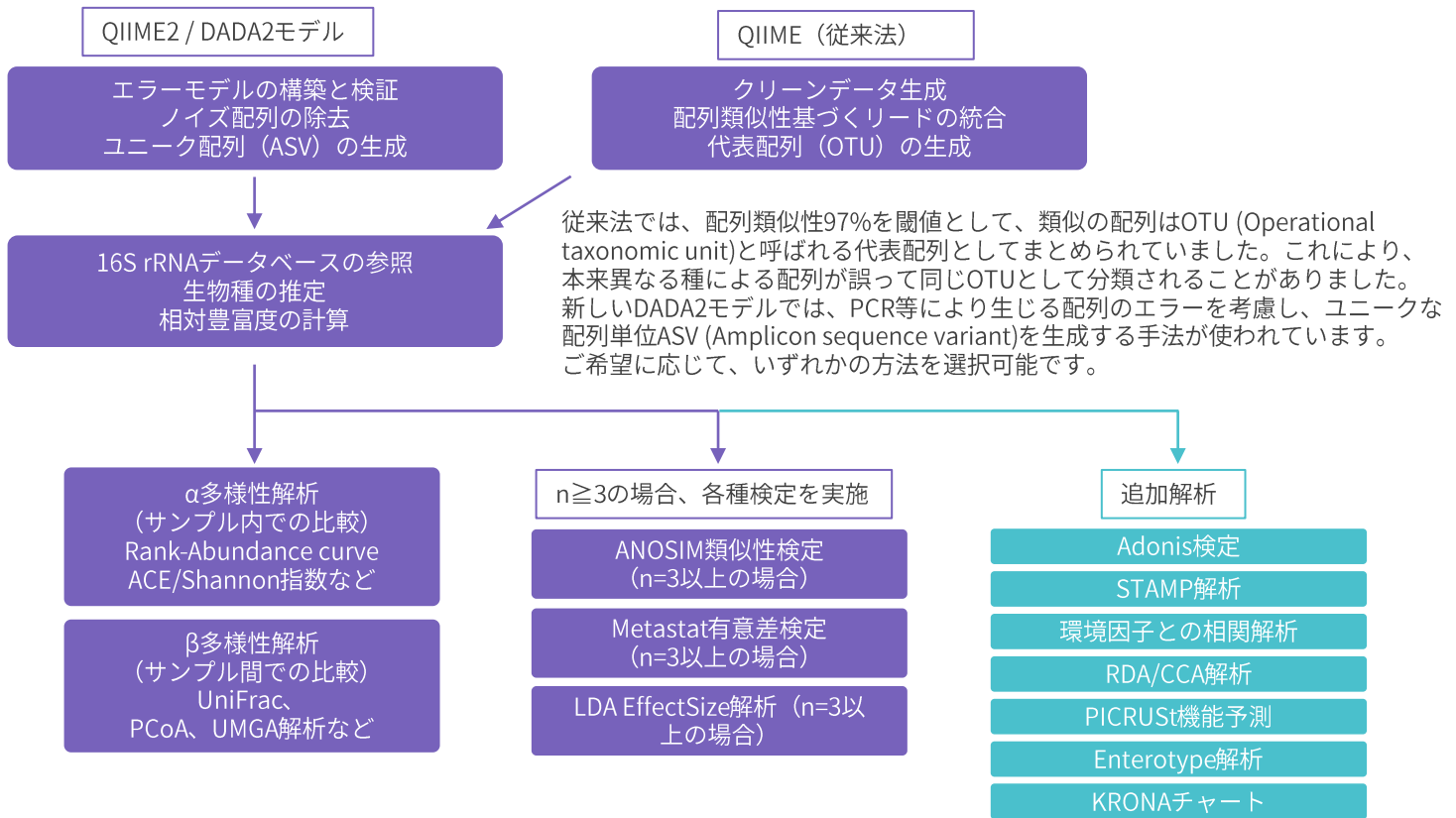
16S rRNA全長での細菌叢解析、全メタゲノミクス、さらにロングリード解析での細菌ゲノムの完全マップ作製など、多様なニーズにお応えします。

### 3 データ解析内容が充実

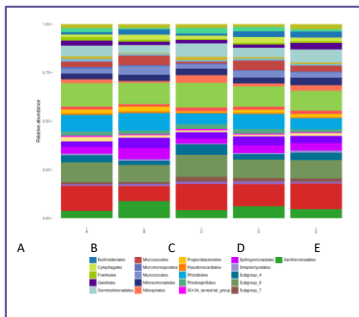
$\alpha/\beta$ 多様性解析、LEfSE解析までが標準解析に含まれています。デモレポートもご提供可能です。



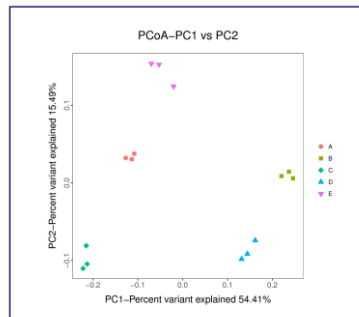
## データ解析の概要－ 16S rRNA (V3+V4) メタゲノム解析での例



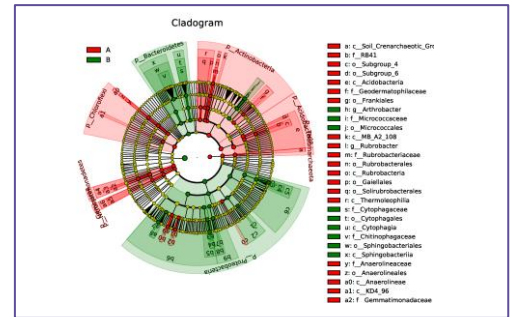
## 納品データの例－ 16S rRNA (V3+V4) メタゲノム解析での例



各サンプルでの細菌種の存在比 (上記は目レベルでの分類)



主座標分析 (PCoA) によるサンプル間での多様性解析。



LDA Effect Size解析：グループ間での細菌種構成の比較解析を複数の種分類階層 (科、属など) について解析、表示。

## サンプル提出ガイドライン－ 16S rRNA (V3+V4) メタゲノム解析での例

- 抽出済みDNAをご提出の場合：総量 >1 ng 濃度 >0.05 ng/μL 分量 >35 μl
- 各種アプリケーションに適した方法でDNA/RNA抽出も承ります。  
糞便、腸内物、唾液、分泌液、土壌、水、綿棒、発酵食品など、実績豊富です。

©2024 Azenta Life Sciences, Inc. 本サービスは研究用のみに使用できます。診断目的に使用することはできません。GENEWIZ (ジーンウィズ) は、マルチオミクス受託サービスを提供する、Azenta Life Sciences (アゼンタ株式会社) のブランドです。当印刷物に記載されている会社名および商品名などは、各社の商標または登録商標です。本印刷物記載の内容は2024年3月現在のものです。



アゼンタ株式会社 (旧社名 日本ジーンウィズ株式会社)  
〒142-0043 東京都品川区二葉二丁目9番15号 NFパークビルディング 4F  
電話：03-6628-2950 FAX：03-6628-2951 メール：sales.japan@azenta.com  
ウェブ：https://www.genewiz.com/ja-JP

代理店・取扱店記入欄