

次世代シーケンス解析 Illumina MiSeq

# 微生物群集解析

1 検体  
10万リードペア




データ解析付き

サンプルに合わせてプライマーをお選びください。

<p>真正細菌に 広く対応</p> <p><b>16S rRNA V3-V4 341F / 805R</b></p> <p><small>Herlemann D.P.R. et al. (2011) ISME J 5.10: 1571-1579</small></p>	<p>真正細菌・古細菌 両対応</p> <p><b>16S rRNA V3-V4 341F' / 805R</b></p> <p><small>Hugerth L.W. et al. (2014) Appl Environ Microbiol 80: 5116-5123</small></p>	<p>植物葉緑体由来の 増幅を低減する</p> <p><b>16S rRNA V3-V4 335F / 769R</b></p> <p><small>Dorn-In S. et al. (2015) J Microbiol Methods 113: 50-56</small></p>	<p>真菌に対応</p> <p><b>fungi ITS1 region ITS1F_KYO1 / ITS2_KYO2</b></p> <p><small>Toju H. et al. (2012) PloS one 7(7): e40863</small></p>
--	---	--	---

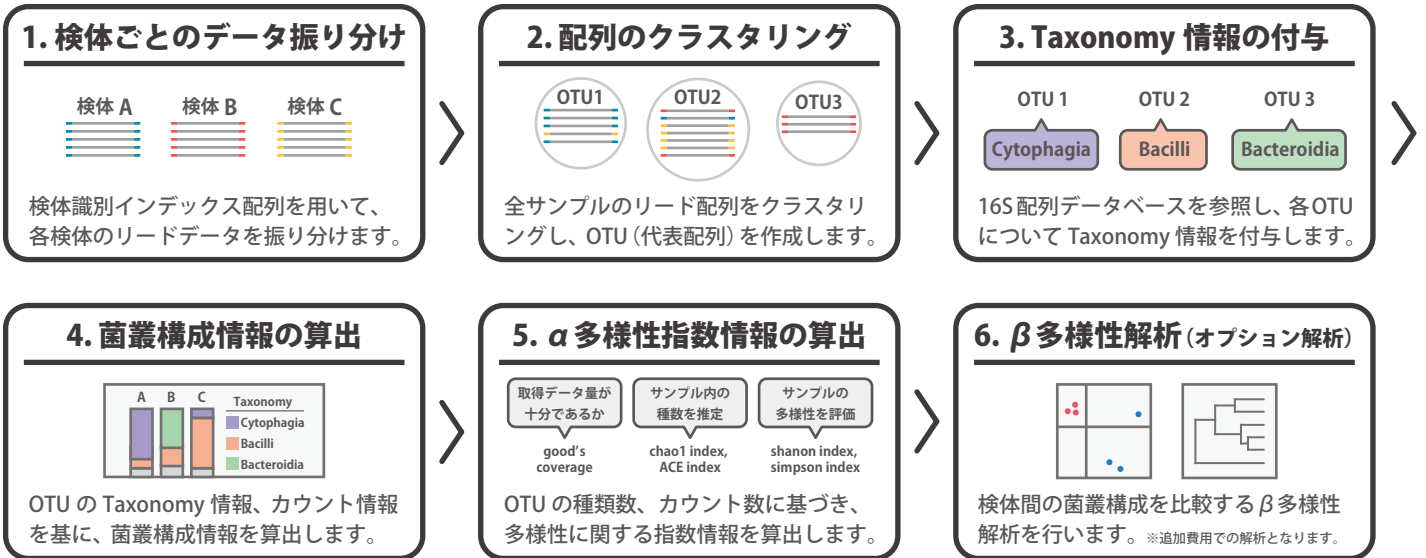
\*その他のターゲット領域を使用した解析をご希望の場合は、裏面下方をご参照ください。

## シーケンス解析の流れ

ご希望のプランをお選びください	DNA 抽出からご依頼! <b>¥ 85,000</b> / 検体	1st PCR からご依頼! <b>¥ 70,000</b> / 検体	2nd PCR からご依頼! <b>¥ 60,000</b> / 検体
<p>土壌・糞便からの <b>DNA 抽出</b></p> <p><small>※ 其他試料はご相談ください。</small></p>	<p>【ご提供サンプル】 糞便 400 mg 以上 土壌・汚泥 1 g 以上</p>		
 <p><b>1st PCR・精製</b> [1st PCR 産物]</p>		<p>【ご提供サンプル】 精製済みゲノム DNA 100 ng (10 ng/μl) 以上</p>	
 <p><b>2nd PCR・精製</b> [2nd PCR 産物 (ライブラリ)]</p>			<p>【ご提供サンプル】 精製済み 1st PCR 産物 5 ng (0.2 ng/μl) 以上</p>
<p>MiSeq 300bp ペアエンド 10万リードペア / 検体</p>			
 <p>Taxonomy <b>微生物群集解析</b></p> <p><small>Actinobacteria Bacilli Bacteroidia</small></p>			

\* 価格は 1 検体あたり (税別) の費用となります。

# データ解析の流れ



## 納品データ

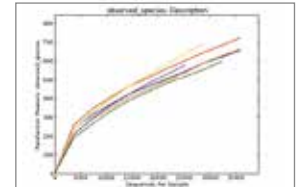
### ① 菌叢構成のテーブル

OTU ID	Taxonomy						Read_count			
	Kingdom	Phylum	Class	Order	Family	Genus	Species	SampleA	SampleB	SampleC
OTU.1	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Streptococcaceae	Streptococcus	Other	0	1	0
OTU.2	Bacteria	Actinobacteria	Actinobacteria	Actinomycetales	Corynebacteriaceae	Corynebacterium	Other	11	0	1
OTU.3	Bacteria	Firmicutes	Clostridia	Clostridiales				378	3054	11206
OTU.4	Bacteria	Firmicutes	Bacilli	Lactobacillales	Lactobacillaceae	Lactobacillus		1	0	0
OTU.5	Bacteria	Bacteroidetes	Bacteroidia	Bacteroidales	Rikenellaceae			5144	6336	3752

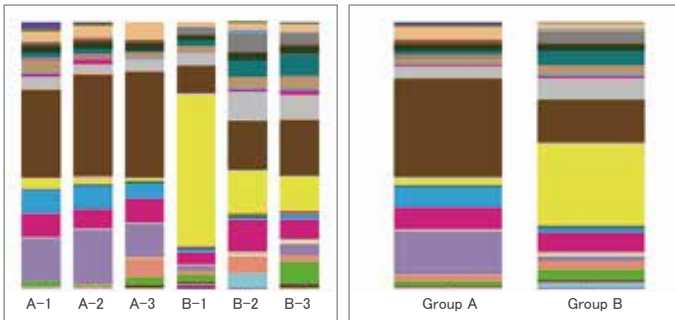
### ③ $\alpha$ 多様性データ

Sample	# OTU	good's coverage	chao1 index	shannon index	simpson index
SampleA	727	0.989	1.847	5.829	0.952
SampleB	667	0.990	1.816	5.584	0.943
SampleC	668	0.989	1.949	4.745	0.878

### ④ レアファクションプロット



### ② 菌叢構成のグラフ (検体比較・グループ比較)



### データ概要

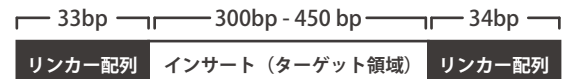
- 各 OTU の Taxonomy 情報、及び、検体ごとにその OTU に帰属するリードのカウント情報をまとめたエクセル形式のテーブルです。
- OTU の Taxonomy 情報を基に、Phylum (門)、Class (綱)、Order (目)、Family (科)、Genus (属)、Species (種) の各階層でカウント情報を集計した、HTML 形式のグラフです。  
 ※ 検体ごと、グループごとの集計結果を収録いたします。
- 各検体内の多様性評価に関する統計情報をまとめたテーブルです。
- 横軸にリード数、縦軸に OTU 数や  $\alpha$  多様性指数値をプロットして得られた希薄化曲線です。

## ■ ターゲット領域増幅用プライマーに関して

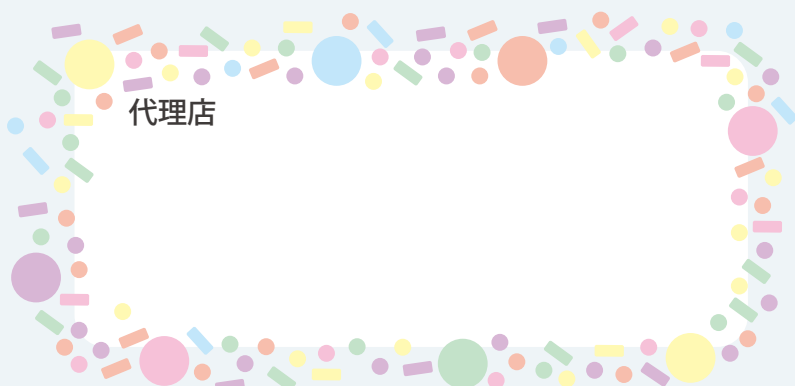
表面にご案内しているターゲット領域 (16S V3-V4 領域、Fungi ITS1 領域) のプライマーは、微生物群集解析をご依頼いただく際に無償でご提供いたします。

その他のターゲット領域を使用した解析をご希望の場合には、弊社指定のリンカー配列を付加したプライマーでターゲット領域の PCR 増幅を行われたアンプリコン (ターゲット領域: 300bp - 450bp 程度) をご提供ください。

### 【1st PCR 産物の構造】



※ リンカー配列等、詳細はお問い合わせください。



北海道システム・サイエンス株式会社

〒001-0932 札幌市北区新川西2条1丁目2-1

☎ 0120-613-190

TEL: 011-768-5903 FAX: 011-768-5951

E-mail: hss-ngs@hssnet.co.jp

URL: http://www.hssnet.co.jp