

マイクロバイオーム研究の ための先進メタゲノム解析 ソリューションを今すぐ ご利用ください！

微生物は健康、産業、環境において重要な役割を果たし、バイオテクノロジー、持続可能な材料、医薬品の革新に貢献しています。抗菌剤耐性、感染症、食品安全への懸念の高まりは、高度な微生物ゲノム研究の必要性を浮き彫りにしています。

はじめに

メタゲノミクスは、機能的遺伝子スクリーニングとシーケンスを通じて微生物を研究するための強力なアプローチです。微生物の多様性、群集組成、遺伝的関係、環境との相互作用を調べます。ノボジーンでは、NGS や PacBio や Oxford Nanopore などの第 3 世代テクノロジーを用いたショットガンメタゲノムシーケンスや 16S/18S/ITS アンプリコンシーケンスを提供しています。これらの手法を組み合わせることで、微生物生態学のより深い洞察を提供し、マルチオミクス研究における群集組成や機能的役割に関する主要な疑問に対応します。

	ショットガンメタゲノムシーケンス アセンブリベース (SRS)	ショットガンメタゲノムシーケンス マッピングベース (SRS)	16S/18S/ITS アンプリコン シーケンス (SRS)
分類上の解像度	種/亜種レベル	種レベル	種レベル
分類	ウイルス, 原生生物などを含むすべての分類群	細菌, 古細菌, 真菌 (Kraken2を用いた場合はウイルス, 原生生物も)	
ゲノム再構築	可	不可	不可
利点	1. すべてのサンプルタイプ (微生物叢と環境) に適用可能 2. 予測された遺伝子を通して、生物種と機能に関する洞察と相関を提供 3. 抗生物質耐性遺伝子のアノテーションと解析を含	1. 複雑なサンプル (微生物叢および環境) に最適 2. 種および機能プロファイリング結果を提供	1. あらゆるタイプのサンプル、特に宿主汚染が高いサンプルに最適 2. 明確なメタバーコードプライマーを用いた分類学的同定が可能

アプリケーション



包括的な微生物 プロファイリング

培養することなく、複雑な微生物コミュニティを同定および分類します。



マーカーの同定

病原性、抗生物質耐性、微生物機能の遺伝子マーカーを発見します。



新規種の発見

ゲノムアセンブリを含む、これまで認識されていなかった生物種の同定と特性解析を行います。



酵素と代謝物の発見

産業用または医療用の新しい酵素や代謝パスウェイを探索します。

引用

1. Alves, L. F., Westmann, C. A., Lovate, G. L., de Siqueira, G. M. V., Borelli, T. C., & Guazzaroni, M. E. (2018). Metagenomic Approaches for Understanding New Concepts in Microbial Science. International journal of genomics, 2018, 2312987. <https://doi.org/10.1155/2018/2312987>

2. Simon, C., & Daniel, R. (2011). Metagenomic analyses: past and future trends. Applied and environmental microbiology, 77(4), 1153–1161. <https://doi.org/10.1128/AEM.02345-10>

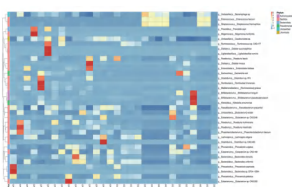
3. Zhang, L., Chen, F., Zeng, Z., Xu, M., Sun, F., Yang, L., Bi, X., Lin, Y., Gao, Y., Hao, H., Yi, W., Li, M., & Xie, Y. (2021). Advances in Metagenomics and Its Application in Environmental Microorganisms. Frontiers in Microbiology, 12(1). <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.766364>

ショットガンメタゲノムシーケンス (ショートリード)

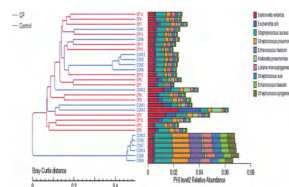
メタゲノムシーケンスは、自然環境における微生物の包括的な解析を促進し、培養することなく、微生物の多様性、機能的活性、環境相互作用に関する貴重な洞察を提供します。特に、ショットガンメタゲノムシーケンスにより、マイクロバイーム全体の詳細な同定と特性解析が可能になり、群集構造、種の分類、遺伝子機能、代謝パスウェイ、抗生物質耐性が解明されます。この方法は、医学、農業、環境科学などの分野で急速に進歩しています。

ノボジーンでは、ショットガンメタゲノムシーケンスではイルミナ NovaSeq を、ロングリードシーケンスでは PacBio および Oxford Nanopore システムなど、多様な研究要件に合わせたさまざまなシーケンスプラットフォームを提供しています。加えて、お客様の研究ニーズをさらにサポートするために、広範な分析機能を提供しています。

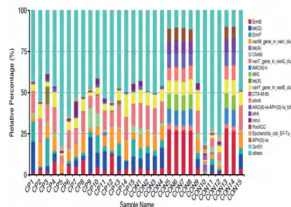
デモ結果



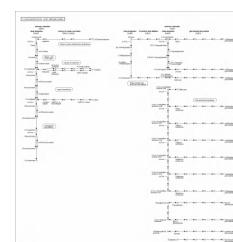
分類アノテーション:
属における進化系統樹



ブレイ-カーティス距離に
基づく病原体-宿主相互
作用クラスタリング



抗生物質耐性遺伝子の
相対的存在量

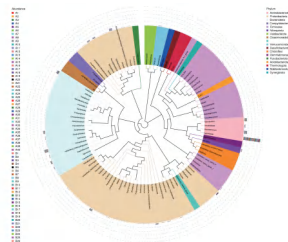


代謝パスウェイ解析

16S/18S/ITS アンプリコンシーケンス

16S/18S/ITS アンプリコンシーケンスは、保存された遺伝子の超可変領域 (細菌 / 古細菌の場合は 16S、真菌の場合は ITS、真菌 / 原生生物の場合は 18S) を増幅し、次世代シーケンサー (NGS) で解析することにより、微生物の種を同定し、区別します。ノボジーンでは、群集組成や機能的役割に取り組み、微生物生態学の知見を高めるためにこの手法を活用しています。ショートリードでは Illumina NovaSeq、全長 16S シーケンスでは PacBio Revio を用いた 16S/18S/ITS アンプリコンシーケンスを提供しています。

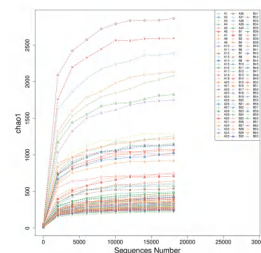
デモ結果



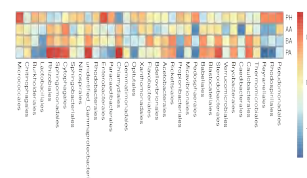
分類アノテーション:
属における進化系統樹



3D ネットワーク解析
属における進化系統樹



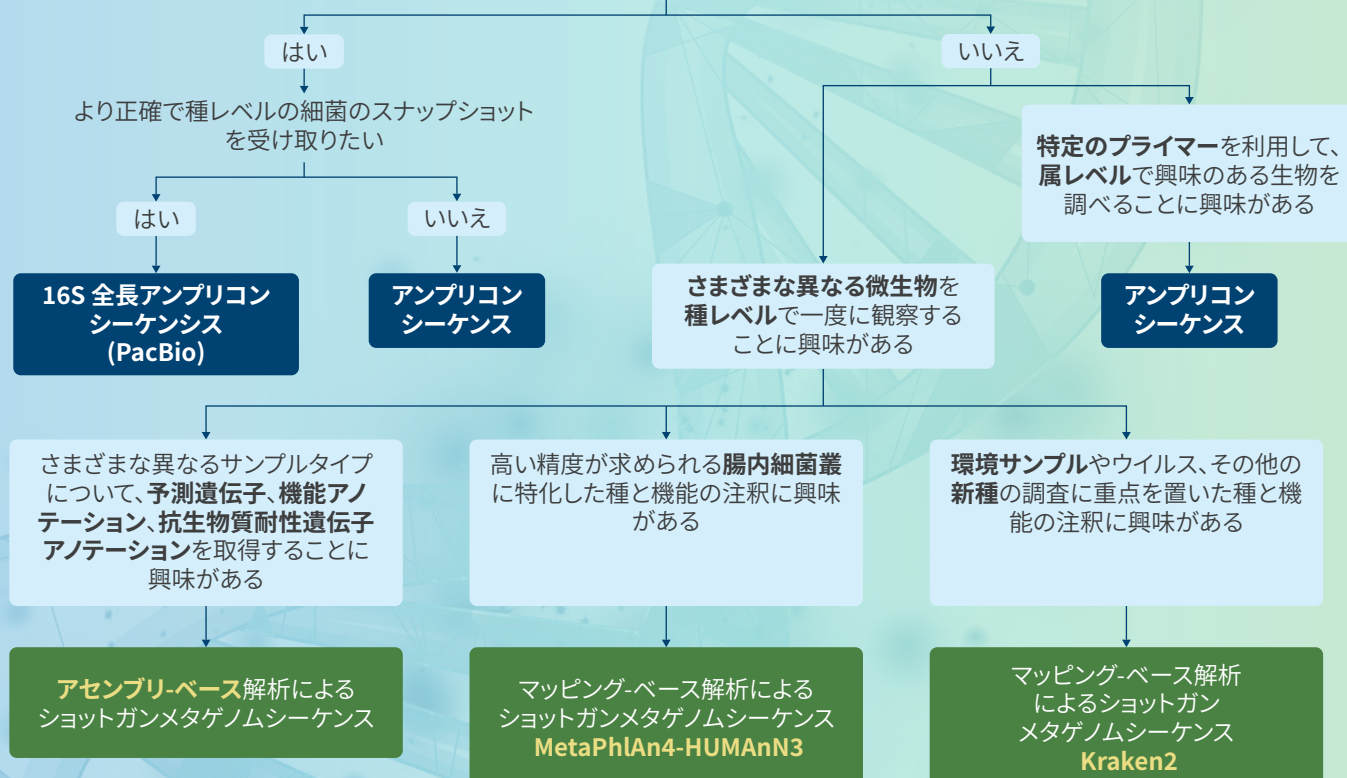
アルファ多様性
希薄化曲線



スピアマン
相関分析

理想的なメタゲノムソリューションを今すぐ見つけましょう!

私のサンプルは宿主汚染を多く含んでいます



Novogene is committed to be Your Trusted Genomics Partner

- Trusted International Corporation
- Trusted Comprehensive Experience
- Trusted Expertise & Technology
- Trusted Service & Standardized Procedures
- Trusted Delivery Quality & Efficiency

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

jp.novogene.com amea-jk-sales@novogene.com
[in NovogeneAIT](#) [f NovogeneAMEA](#) [X NovogeneJapan](#)

© 2025 Novogene Co., Ltd. All Rights Reserved.

情報や使用は予告なく変更される場合があります。詳細についてはノボジーンの担当者にお問い合わせください。

販売代理店