

**CROWN  
BIOSCIENCE**  
Together with **MBL**

# マイクロバイームシーケンス

ゲノムシーケンスと解析によるマイクロバイームの理解

マイクロバイームシーケンシングは、複雑な微生物群に対する洞察を提供する創薬における貴重なツールです。

目的に応じてCrown Bioscienceのマイクロバイームシーケンシングサービスをお選びください。

- ・ **多様なサービスオプション**： 包括的なマイクロバイームシーケンシング解析のための複数の方法を提供します。
- ・ **優れたデータ品質と高度なテクノロジープラットフォーム**： Crown Bioscienceの支援サービスは、Illumina NovaSeqおよびPacBioプラットフォームを利用し、包括的なマイクロバイーム解析のための正確で高品質なシーケンスを行います。
- ・ **専門家によるデータ解析**： 経験豊富なバイオインフォマティクスチームが、綿密なデータ解釈と解析を行います。
- ・ **In vivoサービスの統合**： Crown Bioscienceの *in vivo* サービスをご利用いただくことで、宿主とマイクロバイームの相互作用に関する貴重な洞察を得ることができます。

### 使用可能なサンプルの種類

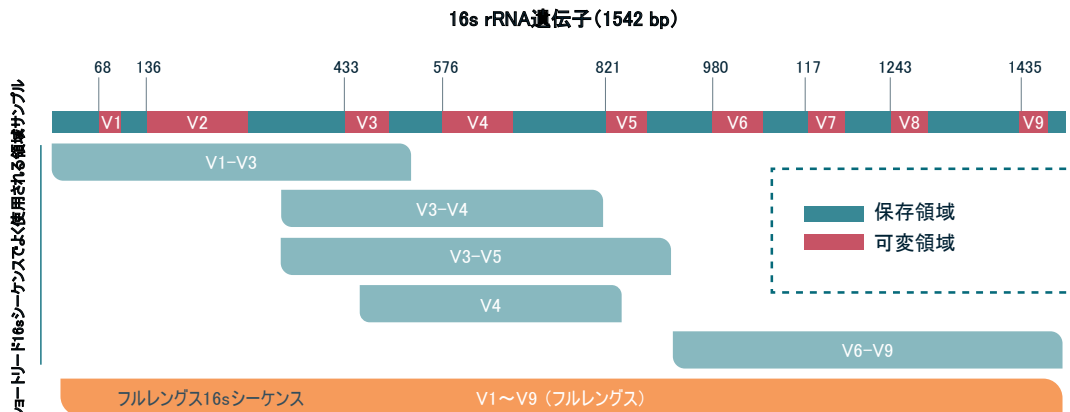
- ・ 糞便
- ・ 腸液
- ・ DNA
- ・ 組織（瞬間冷凍または新鮮なもの）

### フルレンジ16S rRNAシーケンス

Crown Bioscienceは、PacBioのロングリード第3世代シーケンサーを用いた包括的でコスト効率の高いフルレンジ16S rRNA解析で他社をリードしています。Crown Bioscienceのアプローチは、ショートリードシーケンスとは明らかに異なる利点があります。16S rRNA遺伝子全体を捕捉することで、細菌の多様性に関する他にはない洞察を提供し、正確な分類学的種別を確保します。プライマーの偏りや分類学的分解能の低下といったショートリード法の限界を克服し、Crown Bioscienceのフルレンジシーケンスは微生物群の包括的で偏りのない見解を提供します。このことは、潜在的な創薬標的の同定を可能にし、その機能的役割の理解を深めます。

	従来の16Sシーケンス	フルレンジ16Sシーケンス
シーケンスプラットフォーム	ショートリードシーケンス	ロングリードシーケンス
標的領域	ショートハイパーバリアブル領域	16S rRNA遺伝子全体
分類学的分解能	中程度	高い
プライマーの偏り	有り	減少
二次構造	未捕捉	補足

図. ショートリードおよびロングリード16S rRNAシーケンスで一般的に使用されるDNA領域



### フルレンジ16S rRNAシーケンス



PacBio Sequel II  
プラットフォーム  
高精度ロングリードシーケンス

プライマー	シーケンス	製品サイズ	リファレンス
PB_F	AGRGTTYGATYMTGGCTCAG	1510bp	PacBio
PB_R	RGYTACCTTGTTACGACTT	1510bp	PacBio



## ショットガンメタゲノミクスシーケンス

メタゲノミクスシーケンシングは、包括的なゲノム情報を捕捉することで、16S rRNAシーケンスよりも重要な利点を提供します。これにより、より高い分類学的分解能、直接的な機能プロファイリング、新規種や希少種の同定が可能になります。コストが高く、専門的なバイオフィーマティクスの専門知識が必要ですが、ショットガンシーケンスは、アンプリコンシーケンスと比較して、少ないサンプル数をより深く掘り下げたい研究者にとって理想的な選択肢です。メタゲノムシーケンスの力を活用して、微生物群とその機能的な可能性に関する豊富な価値ある洞察を利用してください。

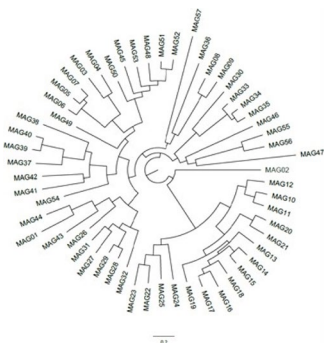
## メタトランスクリプトミクスシーケンス

メタトランスクリプトミクスシーケンスは、微生物群の遺伝子発現プロファイルを研究し、その機能的活動や環境に対する応答についての洞察を提供します。RNA分子を分析することで、研究者は発現に発現している遺伝子を特定し、マイクロバイーム内の代謝経路や生物学的プロセスを明らかにすることができます。このアプローチにより、微生物がどのように周囲と相互に作用し、生態系機能や宿主関連プロセスに貢献しているのかについての理解が深まります。

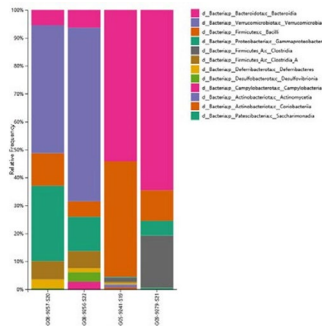
方法	アプリケーション	利点	問題点
フルレングス16S rRNA シーケンス	複雑な生物学的混合物内の微生物（バクテリア）の同定、分類、定量化  微生物汚染検出	コスト効率の高さ  コスト効率の高いデータ分析の確立されたパイプライン  充実したデータベース	PCR増幅バイアスの可能性  比較的低い分類学的分解能（属-種）  細菌性微生物のみに焦点を当てる
ショットガンメタゲノミクスシーケンス	与えられた複合サンプルに存在するすべての生物（バクテリア、真菌など）の全遺伝子の包括的シーケンス	高い分類学的分解能（種-系）  シーケンスの深さと精度の向上  微生物多様性の検出の増加  機能プロファイリング	比較的高いコスト  長いシーケンス期間  データベースの完全性と有効性の基準の課題
メタトランスクリプトミクスシーケンス	特定の時間と環境条件下でマイクロバイーム内の発現転写産物を捕捉して研究	全遺伝子発現プロファイリング  機能的濃縮分析  マイクロバイームの能動的メンバーへの洞察  マイクロバイーム-宿主およびマイクロバイーム-環境相互作用の研究	比較的高いコスト  長いシーケンス期間  リファレンスゲノムの限定された有効性

## ショットガンメタゲノミクスシーケンス

メタゲノムアセンブリゲノム



分類学的豊富さ



Uni geneの機能説明

