

完全長16Sアンプリコンシーケンス解析

ノボジーンは一分子リアルタイム(SMRT)テクノロジーを活用して、全長 16S 遺伝子メタゲノミクスシーケンス解析を行い、環境サンプルの細菌分類学と系統発生の研究に革新的なアプローチをもたらします。従来法とは異なり、次世代シーケンスでの短いリード長による解析遺伝子の分断や、マイナーな超可変領域カバーに関する制限を解決し、種レベルでの分解能をもたらします。

ノボジーンの強み



最長の平均リード長

断片化のない増幅により、全長16S遺伝子の読み取りが容易になり、ショートリードシーケンスに関連するGCバイアスが解消されます。



最高のコンセンサス精度

99.9%を超える単一分子シーケンシング精度が保証されているため、より正確な種の分類が可能になり、希少な種の発見も行えます。



バイオインフォマティクス解析付き オプションでクリーンリードを提供*

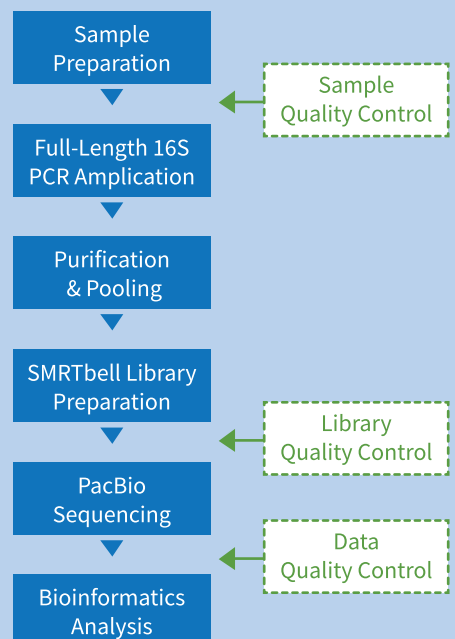
当社の高度なフィルターは、生のリードからプライマーとキメラを取り除くことができます。サンプルあたり5,000または10,000のクリーンなCCSリードが得られ、より効率的なデータ解析が可能になります。



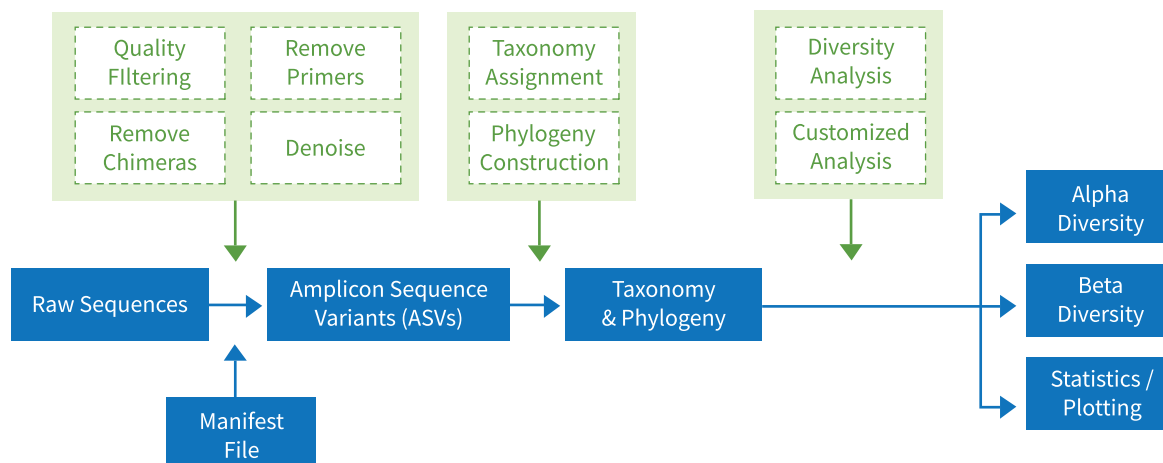
最新の解析ソフトウェア

QIIME 2から生成されたアンプリコンシーケンスバリエント (ASV) は、増幅の導入前にサンプルの生物学的シーケンスを推測し、わずか1ヌクレオチドだけ異なるシーケンス変異でさえを区別できます。

プロジェクトワークフロー



標準解析パイプライン



サンプル要件と納期

Sample Type	Amount	Concentration	Volume	Purity
Genomic DNA	≥ 150 ng	≥ 10 ng/μl	≥ 15 μl	OD260/280=1.8-2.0, no degradation, no RNA or protein contamination

納期(≤ 15サンプル): 解析なし - 6週間～、解析あり - 9週間～
 ※ サンプル数、時期により変動します。あらかじめご確認ください。

サービス利用者の論文

Journal	IF	Title
Nucleic Acids Research	11.147	High-throughput amplicon sequencing of the full-length 16S rRNA gene with single-nucleotide resolution(2019).
Microbiome	10.465	Species-level bacterial community profiling of the healthy sinonasal microbiome using Pacific Biosciences sequencing of full-length 16S rRNA genes(2018).

弊社サービスは国内の研究用途のみでご利用頂けます。

Novogene Co., Ltd.
 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

e: amea-jk-sales@novogene.com

jp.novogene.com

販売代理店