

# 16S rRNA全長 アンプリコン解析

生物技研では  
2つの解析サービスを  
ご用意しています。

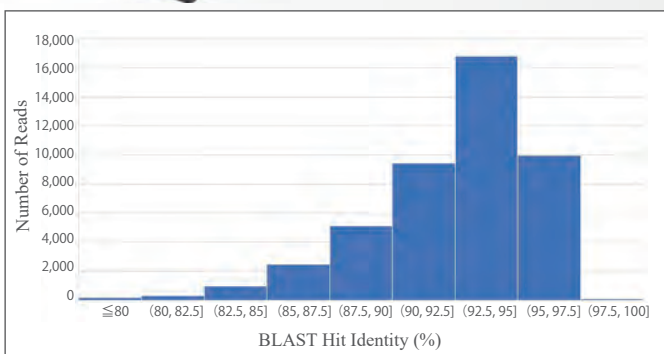


## 解析サービス その1

### Oxford Nanopore社のGridIONを使用した解析



GridION (ロングリードタイプのシーケンサー) を使って、PCRで増幅した16S rRNAのほぼ全長配列をシーケンシングします。



価格	<b>50,000円/サンプル(税別)</b> 3サンプル以上のご依頼の場合、3サンプル目以降は <b>25,000円/サンプル</b> 例) 4サンプルの場合は、合計150,000円(税別)
納期	3週間

#### 塩基配列の読み取り精度はどれくらい?

左図は、Nanopore 16S Barcoding Kitを使用してシーケンスデータを取得後、品質の良い5万配列をNCBI 16S Microbial Database に対してBLAST検索を行った結果です。ヒットした配列に対するIdentityの平均値は92.4%、最高値は98.5%でした。

## 解析サービス その2

### LOOP GENOMICS社のLoopSeqを使用した解析

LoopSeqはイルミナのショートリードのデータを疑似ロングリード化させる技術です。ショートリードに付加されたバーコードごとにアセンブルすることで16S rRNAのほぼ全長を高い精度(エラー率<0.005%)で塩基決定することが可能です。

価格	<b>30,000円/サンプル(税別)</b> ※8サンプル以上のご注文となります
納期	4-6週間

#### 評価試験結果

製品評価技術基盤機構 バイオテクノロジーセンター作製の微生物の既知集団を用いた評価試験を行い、高い再現性があることを確認しています。含まれている15種類すべてが検出され、アセンブルされたコンティグのうち96%以上がリファレンス配列と99%以上の相同性を示しました。

<3反復間の再現性>  
組成の異なる2種のミックスを表示の割合で混合してライブラリー調製を行い、シーケンシングしました。含まれる菌の相対頻度を求めたところ、右図の通り、全てのミックス、全ての菌で反復間の再現性が良いことが確認できました。

