

完全長16S メタゲノムシーケンス

SMRT (Single Molecule Real-Time) 技術を用いた**完全長16Sメタゲノミクスシーケンス**を、マイクロバイーム解析への導入。この方法は、ショートリードに関連する制限(例: 遺伝子の分布のばらつき、マイナーな超可変領域のカバレッジなど)を克服しています。これにより、菌株レベルの解像度で、より高い精度のデータをより高いスループットで取得し、マイクロバイームコミュニティの特性を明らかにすることができます。

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。



バイオフィー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*

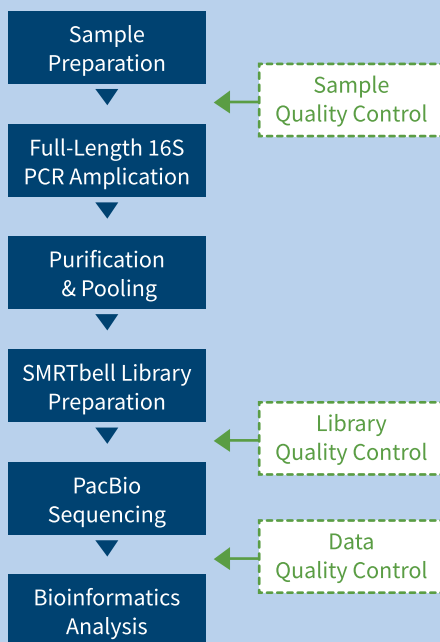
当社の高度なフィルターは、生のリードからプライマーとキメラを取り除くことができます。サンプルあたり5,000または10,000のクリーンなCCSリードが得られ、より効率的なデータ解析が可能になります。



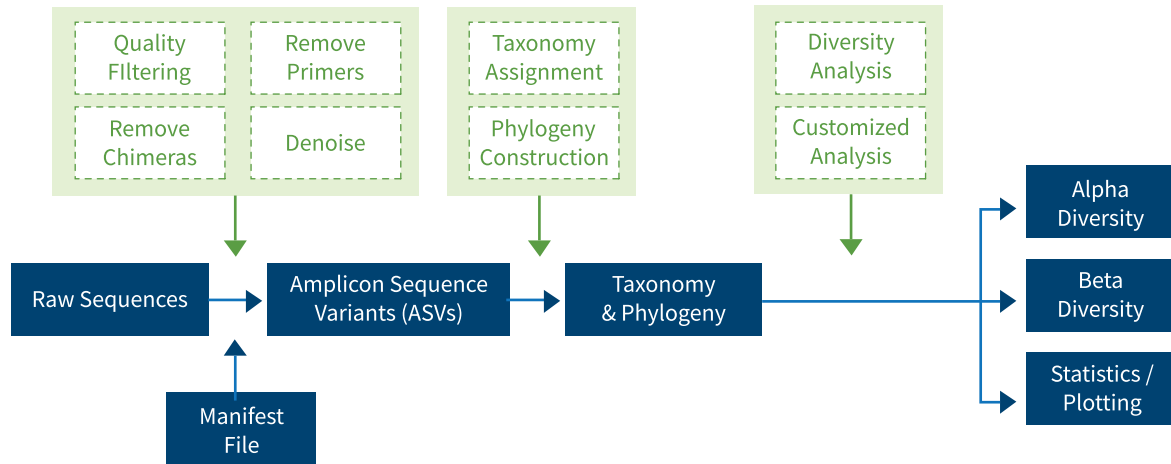
リアルタイムでプロジェクト管理

カスタマーサービスシステム(CSS)オンラインプラットフォームは、24時間365日プロジェクト管理ができ、チームと有用な情報の共有が可能です。

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

サンプルタイプ	サンプル量	濃度	液量	純度
ゲノムDNA	≥ 150 ng	≥ 10 ng/ μL	≥ 20 μL	OD260/280=1.8-2.0、分解なし、RNA/タンパクのコンタミなし

論文

ノボジーン社のソリューションでサポートされた論文の一部を以下にご紹介します。

Journal	IF	Title
Genes	4.141	Microbial Richness of Marine Biofilms Revealed by Sequencing Full-Length 16S rRNA Genes(2022)
Microbiome	14.35	A simplified synthetic community rescues Astragalus mongholicus from root rot disease by activating plant-induced systemic resistance(2021)

Novogene Japan k.k.

ノボジーン株式会社

jp.novogene.com amea-jk-sales@novogene.com

[NovogeneAIT](#) [NovogeneAMEA](#) [NovogeneJapan](#)

© 2023 Novogene Co., Ltd. All Rights Reserved.

情報や仕様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。

AMEA-JP.Full-length 16S flyer_v20230327

販売代理店