

環境DNA/RNAのターゲットシーケンシング

次世代シーケンサー（NGS）は、全ゲノムシーケンス（WGS）または、群集プロファイリング、感染症対策、疫学、系統学などのメタゲノム解析のアプリケーションに使用できます。しかし、WGSを実施するにはコストがかかり、環境由来のサンプルのように常に存在量の異なる様々な微生物を含む複雑なサンプルから大規模なNGSデータセットを解析するには多大な労力がかかります。しかし、ハイブリダイゼーションキャプチャをベースとしたmyBaits®ターゲットキャプチャキットにより、複雑な環境サンプルからDNAまたはRNAターゲットの包括的なシーケンスが可能になります。ハイブリダイゼーションキャプチャは、新規バリエーションを同定し、より包括的な微生物プロファイルを作成するために、低コピー数のDNA/RNAサンプルを濃縮するための最も効率的なNGS技術です。

eDNA/eRNAのためのmyBaitsエンリッチメントの利点

高感度：ハイブリダイゼーションキャプチャにより、新規変異体発見や新系統検出のための新規遺伝的コンテンツを濃縮する可能性を最大限に引き出します。

コスト削減：目的の遺伝子/ゲノムのみをシーケンシングし、解析することにより、大幅なコスト削減につながります。

幅広いアプリケーション：メタゲノミクス、全ゲノムシーケンス、遺伝子ファミリー、系統遺伝学等の研究で使用実績があります。

柔軟なサンプルタイプ：バクテリア、ウイルス、植物、動物、ヒトなど、あらゆるDNA/RNAソースに適用できます。

合理化されたワークフロー：ユーザーフレンドリーなmyBaitsキットは、ショートリードまたはロングリードシーケンス用のあらゆるNGSワークフローに統合できます。

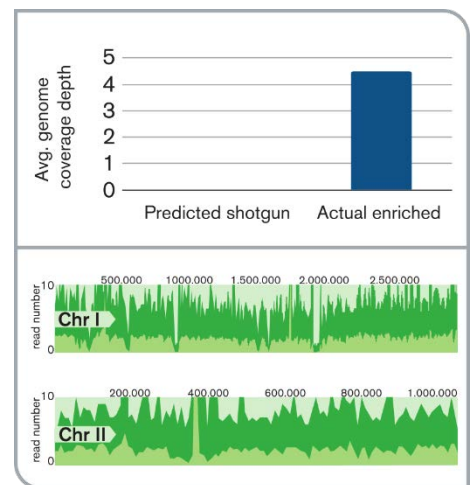


図2. 河川水からコレラ菌DNAをゲノムワイドに効果的に濃縮することができました。Vezzulli et al. (2017) は、エンリッチメントアプローチがショットガンシーケンス単独よりも約2500倍効果的であったと推定しています：ショットガンによる平均ゲノムカバレッジ 0.0018Xに対し、エンリッチ後は4.5Xとなりました。下図はVezzulli et al. (2017) の図2からの再引用。

論文例

Vezzulli et al. (2017) Whole-Genome Enrichment Provides Deep Insights into *Vibrio cholerae* Metagenome from an African River. *Microb Ecol* 73: 734-738

Murchie et al. (2021) Optimizing extraction and targeted capture of ancient environmental DNA for reconstructing past environments using the PalaeoChip Arctic-1.0 bait-set. *Quat Res* 99: 305-328

Alfano et al. (2021) Non-invasive surveys of mammalian viruses using environmental DNA. *Methods Ecol Evol* 12(10): 1941-1952



web www.arborbiosci.com
 email info@arborbiosci.com
 phone 1-734-998-0751
 X(twitter) @ArborBio

Targeted NGS
arborbiosci.com/products/targeted-ngs/



お問合せ：
プライムテック株式会社
www.primetech.co.jp

ライフサイエンス事業部 バイオ試薬ソリューション部
 東京都文京区小石川1-3-25 小石川大国ビル2F
 Phone : 03-3816-0851(代表) Fax : 03-3814-5080
 E-mail : reagents@primetech.co.jp

