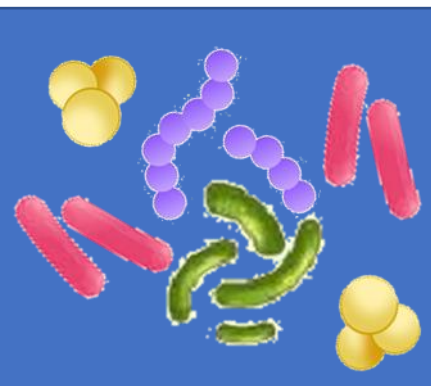
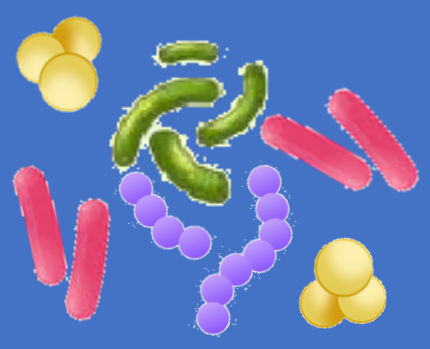
JIFE Japan Institute of Foods Ecology

菌叢解析で



“食”の安全と豊かな“暮らし”を



守るサポートをします！

菌叢解析サービス特長

- 16S rRNAが解析対象となります。
- DNA抽出からデータ解析まで含むサービスです（DNA抽出済サンプルでもご依頼可能です）。
- ご依頼決定前でも、お気軽にサービス内容や解析内容についてのご相談に対応いたします。
- 報告後もご要望に応じて解析結果のQ＆Aサポートにも Web面談等にて対応いたします。

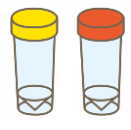
16S rRNA解析

試料から得られるDNAの中で細菌の16S rRNA遺伝子（16S rDNA）の配列を用いて菌種を推定する解析です。
16S rRNAの配列には、定常領域と呼ばれる全生物種で配列が比較的保存されている領域と菌種ごとに特異性の高い可変領域が交互に存在しています。
定常領域に全菌種で利用可能なユニバーサルプライマーを用いて、可変領域(当社ではV3-V4領域採用)を増幅したのちに、配列情報を次世代シーケンサー（NGS）で読み取り、既知の16S rRNA遺伝子のデータベースと比較することで菌種の推定を行います。
この方法により試料に含まれる細菌を網羅的に解析することが可能です。

検査の流れ

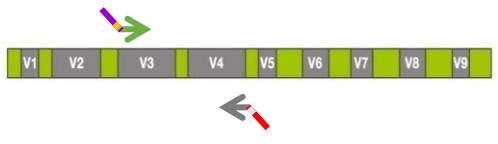
検体採取 → DNA抽出 → DNA増幅（PCR） → 塩基配列解読（シーケンシング） → 情報解析

ヒト糞便/唾液/環境サンプル等



DNA

16S rRNA遺伝子



Miseq

- 菌叢組成
- 多様性解析
- 主成分分析
- 群間構成細菌比等

厚生労働省登録検査機関(食品衛生法)
ISO/IEC 17025:2017 認定試験所 認定番号87001
株式会社日本食品エコロジー研究所
〒651-0082 神戸市中央区小野浜町1番9号
TEL. (078) 321 - 2311 FAX. (078) 321 - 3066
E-mail : jife-inq@hugp.com
URL : https://jife.co.jp

ホームページからのお問い合わせも受け付けております。

こちらからJIFEホームページにアクセスできます

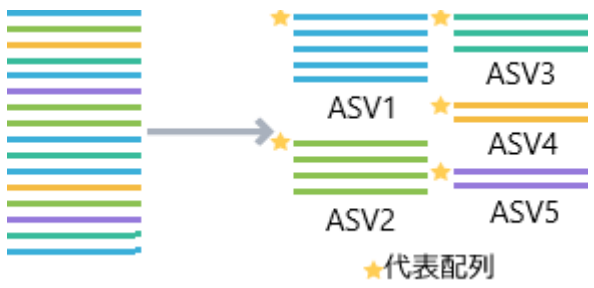
H.U.GROUP

JIFE2023-001

JIFE Japan Institute of Foods Ecology

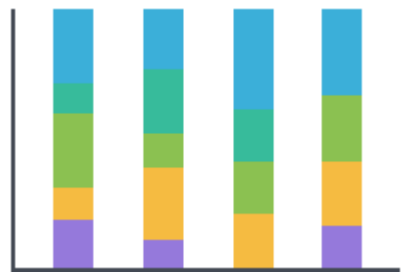
解析結果の例（イメージ）

当社が提供する情報解析について、簡易模式図にてご紹介します。



ASV分類

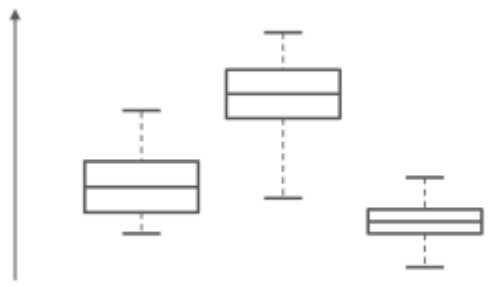
次世代シーケンサーから出力されたシーケンスデータから、クオリティの低い配列の除去・シーケンスエラーの修正等を行った後、ASV(Amplicon Sequence Variant)を推測します。



菌叢組成

ASVを用いて、各サンプルの菌種組成を可視化します。任意の分類学的階級（門、綱、目、科、属など）で結果を確認できます。

オプション解析結果の例（イメージ）



α多様性解析

Chao1指数、Simpson指数、Shannon-Wiener指数等を用いて、サンプル内の多様性（菌種の豊富さと均等度）を解析します。

β多様性解析・主座標分析

主座標分析PCoA(Principal Coordinate Analysis)による菌叢の類似度や相違度（サンプル間距離）を可視化します。

群間比較解析

群間比較解析LEfSe (Linear discriminant analysis effect size) を用いて各群で出現頻度が多い菌種・少ない菌種を可視化します。

ご依頼～ご報告までの流れ

お問い合わせ	・ご要望をお気軽にお聞かせください。
ご相談・各種契約	・試験内容に関してご相談の上、お見積り書・ご依頼書等の試験委託手続きについてご案内させていただきます。
資材送付	・弊社取扱いの資材の送付を行います(資材が必要な場合） ※資材は別途費用が発生いたします。
検体の採取	・検体採取後は、輸送するまで冷蔵(2～10℃)で保存してください。
検体の輸送	・低温輸送(2～10℃）にて発送を行ってください。
16S rRNA解析による菌叢解析	・検体が弊社に到着後、試験を開始させていただきます。 試験中、異常があればご報告や相談をさせていただきます。
報告書の送付	・試験の報告書とデータをご送付いたします。ご確認をお願いいたします。

H.U.GROUP