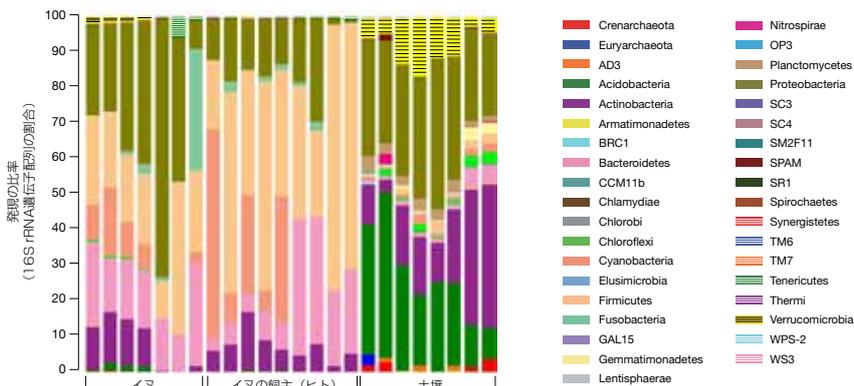


図2: QIIMEを用いた門レベルでの分類



微生物群集における16S配列領域をMiSeqとQIIMEを使って解析しました。イヌ、イヌの飼主（ヒト）、土壌のサンプルから得られた結果は、門のレベルで分類しています。

ように設計されており、リードのクオリティフィルターや、インデックスサンプルの分類、操作的分類単位（OTU）の選定、分類の割り当て、そしてアルファおよびベータの多様性解析も行うことができます。図2は様々な環境から得られた24種類のサンプルの門レベルでの分類結果を示しています。これらのサンプルにはイヌ、イヌの飼主（ヒト）、そして土壌サンプルを含み、解析にはリード1（5末端からのリード）を用いて行いました。これらのサンプルはHiSeq 2000システムでも同様に解析されましたが、どちらのシステムで得られた結果も高い再現性を示すものでした（データは非表示）。

まとめ

シンプルなインデックスの利用と大量データの産出が可能なMiSeqシステムは、微生物プロファイリングに適しており、また迅速にサンプルから答えを導き出します。多様な微生物群集からの16S rRNA遺伝子のV4領域をシーケンスした今回の結果では、門レベルの分類ができました。QIIMEなどのオープンソースのツールを使うことで、複雑な群集解析を行い、さらに論文投稿に必要なデータも、サンプル入手後わずか数日でできるようになりました。MiSeqシステムは今回の実験で示した例よりさらに多くのサンプル、そして複数の16S rRNA可変領域を処理できる能力をもち、大規模なメタゲノム解析においても十分なゲノム解析を可能にします。

参照

1. Caporaso JG, Lauber CL, Walters WA, Berg-Lyons D, Lozupone CA, et al. (2011) Global patterns of 16S rRNA diversity at a depth of millions of sequences per sample. Proc Natl Acad Sci USA 108:4516–4522.
2. Caporaso JG, Lauber CL, Walters WA, Berg-Lyons D, Huntley J, et al. (2011) Manuscript in preparation.
3. Caporaso JG, Kuczynski J, Stombaugh J, Bittinger K, Bushman FD, et al. (2010) QIIME allows analysis of high-throughput community sequencing data. Nat Methods 7(5):335–336.
4. Desantis TZ, Hugenholtz P, Larsen N, Rojas M, Brodie EL, et al. (2006) Greengenes, a chimera-checked 16S rRNA gene database and workbench compatible with ARB. Appl Environ Microbiol 72(7): 5069–5072.
5. Cole JR, Wang Q, Cardenas E, Fish J, Chai B, et al. (2009) The Ribosomal Database Project: improved alignments and new tools for rRNA analysis. Nucl Acids Res 37:D141–D145.
6. Liu Z, Lozupone C, Hamady M, Bushman FD, Knight R. (2007) Short pyrosequencing reads suffice for accurate microbial community analysis. Nucl Acids Res 35:18.
7. Liu Z, DeSantis TZ, Andersen GL, Knight R. (2008) Accurate taxonomy assignments from 16S rRNA sequences produced by highly parallel pyrosequencers. Nucl Acids Res 36:18.
8. http://qiime.org/tutorials/processing_illumina_data.html

MiSeqシステムについての詳細は

<http://www.illumina.co.jp/product/system/miseq.shtml> をご覧ください。

イリミナ株式会社

〒108-0014
 東京都港区芝5-36-7 三田ベルジュビル22階
 Tel (03)4578-2800 Fax (03)4578-2810
www.illumina.co.jp

代理店

本製品の使用目的は研究に限定されます。

© 2014 Illumina, Inc. All rights reserved.

Illumina, illumina Dx, BaseSpace, BeadArray, BeadXpress, cBot, CSPRO, DASL, DesignStudio, Eco, GAlIx, Genetic Energy, Genome Analyzer, GenomeStudio, GoldenGate, HiScan, HiSeq, Infinium, iSelect, MiSeq, Nextera, NuPCR, SeqMonitor, Solexa, TruSeq, TruSight, VeraCode, the pumpkin orange color, the Genetic Energy streaming bases design は Illumina, Inc の商標または登録商標です。その他の会社名や商品名は、各社の商標または登録商標です。予告なしに仕様を変更する場合があります。

Pub. No. 770-2011-J013 20MAR2014

illumina[®]