

A microscopic view of various bacteria and viruses, rendered in a monochromatic orange color. The bacteria are elongated, some with flagella, and the viruses are small, spherical particles. They are scattered across the frame, creating a sense of depth and movement.

微生物の謎に対する **洞察**を深める

革新的な微生物シーケンスソリューション

力を合わせて微生物の 世界にインパクトを 与える

今日、次世代シーケンサー（NGS）は、これまで以上に新たな次元の精度とスピードを提供することで、微生物と感染症研究の答えを導く原動力となっています。この実証済みのシーケンスアプローチは、研究をさらに推し進め、ワンヘルスの課題に対する有望なソリューションを提供します*。

広がる見解、より良い未来

イルミナのテクノロジーとサポートにより、世界中の研究者は微生物のゲノムを迅速にシーケンスし、微生物の挙動、宿主および環境との相互作用、進化、世界的な集団内および集団全体での循環に関する洞察を得ています。

研究対象の微生物、サンプルタイプ、および解決したい疑問の種類に応じて、さまざまな NGS ワークフローとソリューションが利用可能です。最適なワークフローは達成すべき目標に応じて決定する必要があります。

挑戦し続けるイルミナの NGS ソリューション

単一ゲノム、複数病原体、および探索ワークフローは、微生物学と感染症研究のあらゆるアプリケーションに対応しています。

イルミナは強力なライブラリー調製キット、シーケンスシステム、対応する解析およびレポート作成ソリューションを提供しており、これにより探索が可能となり、研究との関連性が最も高い微生物をよりよく理解するための洞察を提供します。

研究を促進



最適な一連の NGS ツールが、研究においてどのように全体像の把握に役立つかを学ぶ

* ワンヘルス: cdc.gov/onehealth



ワークフローアプリケーション

微生物探索

NGS は一次サンプル解析のための偏りのない有用なアプローチです。ショットガン DNA/RNA シーケンスにより、環境サンプル（例：廃水）、ヒトのマイクロバイオーム、一次サンプル（例：痰、下気道吸引液）などの複雑な微生物群集に存在する遺伝物質を解析できます。

メタゲノミクスとメタトランスクリプトミクス

Illumina DNA Prep [🔗](#)

微生物探索研究とサーベイランスのための迅速かつ柔軟なライブラリー調製

複数のサンプルタイプ、DNA/cDNA インプット量およびメソッドを実行	合計ターンアラウンドタイム約 3.5 時間 の迅速なライブラリー調製
---	---------------------------------------

DRAGEN™ Metagenomics パイプラインにより、リードを分類学的に分類し、単一サンプルおよび集計結果をレポートとして提供

Illumina Stranded Total RNA Prep with Ribo-Zero™ Plus Microbiome [🔗](#)

マイクロバイオーム解析のための複雑な微生物サンプルから望ましくない宿主および汎細菌 rRNA をロバストに除去できる、迅速かつ効率的なライブラリー調製

複雑な微生物サンプルから不要な rRNA を除去し、非常に効率的なメタトランス クリプトミクス研究を実現	最適化したライブラリー調製ワーク フローにより、信頼できる結果を取得
--	---------------------------------------

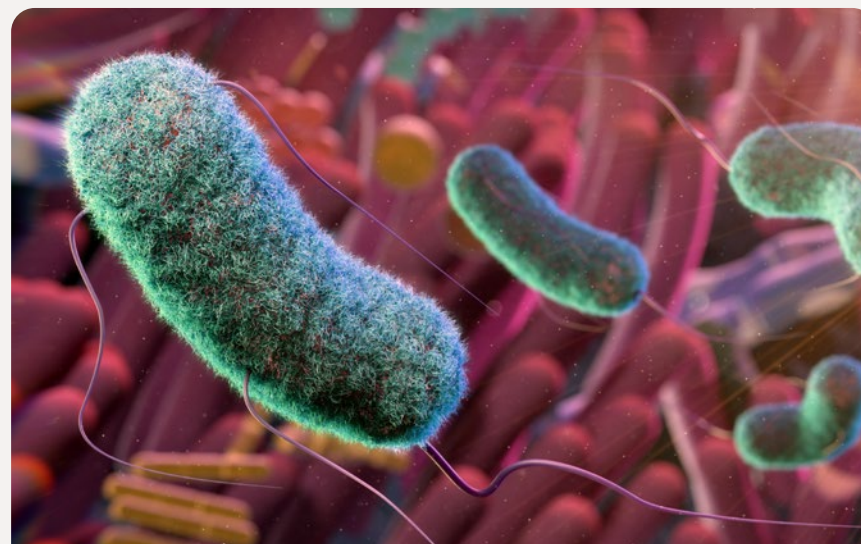
BaseSpacef™ Microbiome
Metatranscriptomics App でデータ
解析と視覚化を簡素化

もっと深く知る



メタトランスクリプトミクスが集団レベルの遺伝子
発現研究をどのように可能にするか探索する

腸管マイクロバイオーム





ワークフローアプリケーション

シングルゲノムシーケンス

単一病原体のシーケンスは、単一の既知の微生物を解析する際の使用に最も適しています。^{*} これらのソリューションは、効率的な診断ツール、ワクチン、ターゲット療法を開発する上で、研究にとって価値ある洞察を得るのに役立ちます。

より多くをモニタリング



シングルゲノムシーケンスメソッドガイドをダウンロードして、ラボに最適なソリューションを選択

小さなゲノムの全ゲノムシーケンス

Illumina DNA Prep

培養した分離株の特性評価のための迅速かつ柔軟なライブラリー調製キット。
食品媒介疾患のアウトブレイクや医療関連感染の調査に最適

少ないステップと最短のハンズオンタイムによりライブラリー調製時間を短縮 (約 3.5 時間)	幅広い DNA インプット量をサポートし、わずか 1 ng からでもロバストかつ一貫性のある結果を取得
--	---

結核のターゲットシーケンス

Illumina and GenoScreen Deeplex[®] Myc-TB Combo Kit **

重大な公衆衛生の脅威に、よりタイムリーに対応できるよう、従来の培養ベースのメソッドよりもいち早く結核 (TB) 株と薬剤耐性プロファイルを同定

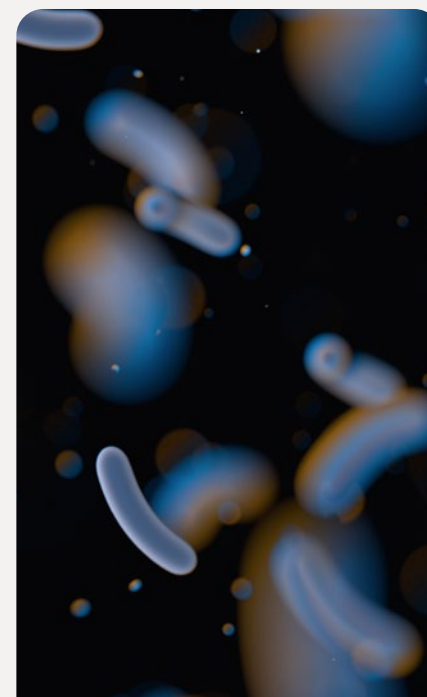
培養なしに痰から直接 48 時間未満で結果を生成	15 種類の抗結核薬に対する抵抗性を予測
--------------------------	----------------------

Deeplex Myc-TB Web App を介して、安全で自動化された解析と解釈しやすい結果を提供

結核菌 (細菌)



大腸菌 (細菌)



^{*} 社内資料。Illumina, Inc. 2024

^{**} 本製品は、すべての国 / 地域で利用できるわけではありません。販売担当者にお問い合わせください。



ワークフローアプリケーション

シングルゲノムシーケンス

ターゲットウイルスの特性評価

COVIDSeq™ Assay および COVIDSeq Test [🔗](#)

COVID サーベイランスとウイルス研究をサポートする、SARS-CoV-2 ウイルスの全ゲノム解析に対する、拡張性のあるシンプルで安価なソリューション

96 および 3072 サンプルキットバージョン

鼻咽頭スワブと廃水サンプルを含む複数のサンプルタイプに対応する柔軟なインプット

Illumina DRAGEN COVID Lineage App によって可能になった高精度なウイルス特性評価*

Illumina Microbial Amplicon Prep-Influenza A/B [🔗](#)

サーベイランスと季節性ワクチン研究のための、インフルエンザ A 型 /B 型ウイルスのシンプルかつ安価な全ゲノム特性評価

インフルエンザ A 型 /B 型ウイルスゲノム両方の 98% 以上を網羅†

効率的なワークフロー：抽出した RNA からシーケンス用ライブラリーまで 9 時間

DRAGEN Targeted Microbial App により、全ゲノム解析とバリエーション解釈を簡素化

Illumina Microbial Amplicon Prep [🔗](#)

さまざまな公衆衛生サーベイランスと微生物研究アプリケーションを可能にする、柔軟かつ効率的な NGS ライブラリー調製キット

ラボで設計されたプライマー、公表済みのプライマーまたは入手可能な市販のプライマーセットと組み合わせ可能

鼻咽頭スワブ、廃水、培養など、さまざまなサンプルタイプに適合できるように、柔軟性を強化

イルミナの強力な DRAGEN Targeted Microbial App により解析を簡素化

インフルエンザウイルス





ワークフローアプリケーション

多病原体シーケンス

ハイブリットキャプチャーによる濃縮シーケンスソリューションは、特定の病原体の存在が疑われる場合や、複数の既知の病原体をサーベイランスする場合に適しています。これらのソリューションは、非濃縮ライブラリーのショットガンメタゲノミクスシーケンスに必要な高いリード深度を必要とせず、複数の生物のターゲットシーケンスまたは全ゲノムシーケンスが可能です。*

より多くを解析



病原体のターゲットシーケンスにより、ラボのプロファイリング能力をどのように向上できるかを知る

ウイルス、人獣共通感染症および環境の幅広いサーベイランス

Viral Surveillance Panel v2

広域サーベイランス活動において、公衆衛生上最も重要なリスクとされるウイルスの信頼できる特性評価のための広範囲な全ゲノムシーケンス (WGS) パネル

公衆衛生上高リスクと同定される 200 を超えるウイルスおよびインフルエンザウイルスの 230 を超える抗ウイルス薬耐性バリエーションの WGS を実施

幅広い宿主および環境サンプルタイプとの互換性による利点

ショットガンシーケンスでは見落とされる可能性のある少量のウイルスを検出[†]

DRAGEN Microbial Enrichment Plus App による容易なデータ解析と

解釈

Pan-Coronavirus Panel

既知および近縁の新型コロナウイルスの研究とサーベイランスのために、入念に設計されたパネル

200 以上の既知のコロナウイルスの特性評価

使いやすい DRAGEN Targeted Microbial Enrichment App によるデータの解析と解釈

Respiratory Virus Enrichment Kit

一般的な呼吸器系ウイルスの高感度な検出と特性評価が可能な、広範囲の効率的なワークフロー

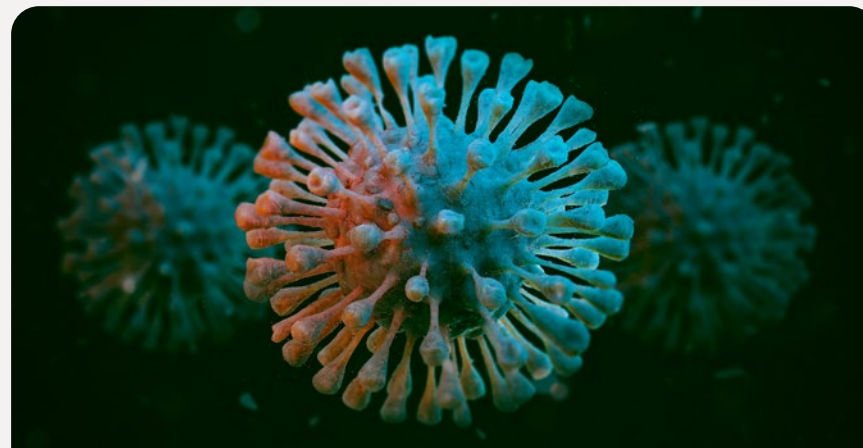
インフルエンザ A 型 / B 型ウイルス、SARS-CoV-2 など、40 を超える呼吸器系ウイルスの WGS を実施

ターゲットウイルスと新たな変異株の存在を同定し、さまざまなサンプルタイプから変異株を追跡

ショットガンシーケンスでは見落とされる可能性のある少量のウイルスを検出[†]

直観的な DRAGEN Microbial Enrichment Plus App によるデータの解析と解釈

コロナウイルス (COVID-19)





ワークフローアプリケーション

複数病原体のシーケンス

柔軟かつ包括的なシンドロームシーケンスと 抗菌薬耐性サーベイランス

Respiratory Pathogen ID/AMR Enrichment Panel Kit

臨床研究とサーベイランス用の、呼吸器病原体の信頼できる同定と定量、および関連する抗菌薬耐性の特性評価のために設計された包括的なパネル

呼吸器感染症に関連する 280 を超える
病原体を同定

DRAGEN Microbial Enrichment

26 の抗菌薬クラスに関連する 2,000 を
超えるマーカーの抗菌薬耐性の特性評価

Plus App で自動解析を実施

Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Panel Kit

臨床研究とサーベイランスのための、尿中病原菌とその関連する抗菌薬耐性を
検出するための最も広範囲なシーケンスベースのパネル

尿路感染症に関連する 170 を超える病
原体を同定

DRAGEN Microbial Enrichment

18 の抗菌薬クラスに関連する 3,700
を超えるマーカーの抗菌薬耐性の特性
評価

Plus App で自動解析を実施

より多くを検出



『Precision Metagenomics』eBook をダウンロード
してシーケンスの可能性についてもっと詳しく知る

コレラ菌(細菌)





シーケンスプラットフォーム

MiSeq™ i100 シリーズの紹介

セットアップからデータ解析まで最もシンプルなシーケンス

MiSeq i100 シリーズはすべてのレベルのユーザーにシーケンス能力を提供します。システムデザイン、シーケンスケミストリーおよびデータ解析統合における進歩により操作性の簡素化、卓越したスピード、実証済みの精度を実現します。

エンドツーエンドの NGS ソリューションの一部である MiSeq i100 シリーズは、感染症および微生物学に影響を及ぼすさまざまなアプリケーションで、即日結果が得られます。MiSeq i100 シリーズのシンプルさは、アウトブレイクの追跡、新規微生物の分類、マイクロバイオーーム研究など、さまざまなアプリケーションで、信頼性と確実性を備えたシーケンスを実現します

シンプルなランセットアップ



20 分未満で 3 つのステップを完了。詳細は MiSeq i100 シリーズのインフォグラフィックをダウンロード

柔軟性の向上



複数の試薬キットが幅広いスループットとアプリケーションに対応。詳細は MiSeq i100 シリーズバーチャル概要を確認





シーケンスプラットフォーム

より高度な柔軟性

スケーラブルなアウトプットにより、アプリケーションの拡大を実現

MiSeq™ i100 シリーズは、複数のフローセルオプションとリード長に対応する 10 種の試薬構成を提供します。サンプルスループットを即座に増やすことができ、sWGS からメタゲノミクスまで、さまざまなアプリケーションにより詳細なシーケンスを実施できます。

MiSeq i100 シリーズシステム[§]

MiSeq i100シリーズ

シーケンスシステム

出力範囲：1.5 ~ 15 Gb

リード長：100 bp × 1 ~ 300 bp × 2

フローセル：5M および 25M

MiSeq i100 シリーズ Plus システム

MiSeq i100シリーズ

PLUS

シーケンスシステム

出力範囲：1.5 ~ 30 Gb

リード長：100 bp × 1 ~ 300 bp × 2

フローセル：5M、25M、50M および 100M



§ 2025 年発売予定。

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。

M-GL-02402 v2.0-JPN 9



シーケンスプラットフォーム

ラボに適したプラットフォームを選択

信頼できるテクノロジーと実証済みの性能により、微生物学者と感染症研究者は自信をもってさらに探索を推し進め、ラボは日々のワークフローを最適化できます。

より多くを探索



イルミナシーケンスプラットフォームの詳細を見る

				
主な仕様	iSeq™ 100 システム	MiSeq i100 シリーズ	NextSeq 1000 および NextSeq 2000 システム	NovaSeq™ X シリーズ
フローセルあたりの最大出力	1.2 Gb ^a	30 Gb ^b	540 Gb ^a	8 Tb ^c
ランタイム (範囲)	~9.5 ~ 19 時間 ^e	~4 ~ 15 時間 ^d	~8 ~ 44 時間 ^d	~17 ~ 48 時間 ^d
ランあたりの最大リード数 (シングルリード)	4M ^a	100M ^a	1.8B ^a	26B (シングルフローセル) ^c 52B (デュアルフローセル) ^{c,e}
最大リード長	150 bp × 2	300 bp × 2	300 bp × 2	150 bp × 2
最適なアプリケーションとメソッド ^f				
小さな WGS	✓	✓	✓	
微生物集団 多様性解析	✓	✓		
ショットガンメタゲノミクス		✓	✓	✓
微生物遺伝子発現 / メタトランスクリプトミクス		✓	✓	✓
微生物探索		✓	✓	✓
病原体のターゲットサーベイランス	✓	✓	✓	

a. P4 フローセルランに基づく最大仕様。P4 フローセルは NextSeq 2000 システムでのみ使用できます。

b. 100M フローセルランに基づく最大仕様。100M フローセルは MiSeq i100 Plus システムでのみ使用できます。

c. 仕様は、サポートされるクラスター密度で NA12878 で作成されたイルミナ PhiX コントロールライブラリーまたは TruSeq DNA ライブラリーに基づいています。
性能はライブラリータイプやクオリティ、インサートサイズ、ローディング濃度、およびその他の実験要因に

応じて変わることがあります。

d. ランタイムには、NextSeq 1000 または NextSeq 2000 システムでのクラスター形成、シーケンス、ベースコーリングを含みます。ランタイムには、NovaSeq X システムでの自動オンボードクラスター形成、シーケンス、自動ポストランウォッシュおよびベースコーリングを含みます。

e. ランタイムには、クラスター形成、シーケンス、ベースコーリングおよびクオリティスコアリングを含みます。

f. チェックマークは、シーケンスシステムに最適なアプリケーションまたはメソッドを示します。



データ解析

データを意味のある結果に変換

直観的で効率的なイルミナのデータ解析ソリューションは、当社のシーケンスソリューションと同一の卓越した精度、アクセシビリティ、セキュリティスタンダードで構築されています。このアプリは、バイオインフォマティクスの経験を問わず、微生物研究の幅広い分野に対応しています。

簡単なアクセス

解析を簡素化する、使いやすいゲノミクスクラウドコンピューティングプラットフォーム、BaseSpace™ Sequence Hub について知る

アプリの概要

Microbiome Metatranscriptomics App [🔗](#)

メタゲノミクスサンプルの分類およびパスウェイ濃縮解析を実施します。4 ステップのパイプラインを用いて微生物集団からの RNA シーケンスライブラリーを解析します。

16S Metagenomics App [🔗](#)

原核生物の 16S 小サブユニット rRNA 遺伝子のアンプリコンシーケンスからの DNA を解析します。分類統計データを視覚化します。

SRST2 App [🔗](#)

MLST データベース中の ST (シーケンスタイプ) および / または病原性遺伝子、耐性遺伝子、およびプラスミドレプリコンのシーケンスデータベース中のリファレンス遺伝子の存在をレポートします

Deeplex Myc-TB Web App**

Illumina and GenoScreen Deeplex Myc-TB Combo Kit から安全な自動解析および簡単な解釈結果を提供します。

DRAGEN small Whole Genome Sequencing (sWGS) [🔗](#)

DRAGEN sWGS App で単一の微生物ゲノムのリードをリファレンスゲノムにマッピングできます。(2025 年前半発売予定)

DRAGEN Microbial Enrichment Plus App [🔗](#)

サンプル QC、ウイルス WGS、病原体検出と定量、抗菌薬耐性 (AMR) マーカープロファイリングのワークフローにより、イルミナの感染症および微生物学のハイブリットキャプチャー濃縮パネルキットの使いやすく強力な二次解析を提供します。

DRAGEN Metagenomics Pipeline [🔗](#)

ショットガンメタゲノミクスサンプルのリードとリファレンスゲノムをアライメントし、最下位の共通分類レベル (属レベルまで) に分類します。複雑な微生物サンプルを分類学的に分類します。

DRAGEN Targeted Microbial App [🔗](#)

COVIDSeq Test や Illumina Microbial Amplicon Prep など、イルミナの感染症および微生物学アンプリコンパネルキットで生成されたシーケンスライブラリーを解析します。



** BaseSpace Sequence Hub では利用できません。

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。

M-GL-02402 v2.0-JPN 11

ラボとイルミナが力を合わせれば、NGS を活用した微生物学および感染症研究の利点をすべての人にもたらすことができます

イルミナがお手伝いします [🔗](#)

イルミナでは、ライブラリー調製からシーケンス、データ解析、共有まで、統合された NGS ワークフローを網羅するテクノロジーとサポートを取り揃えています。最適化されたエンドツーエンドソリューションにより、比類ない精度、シンプルな操作性、迅速なターンアラウンドタイムを体験できます。

イルミナは世界の健康の促進に取り組んでいます [🔗](#)

イルミナは、製品だけでなく、幅広い教育リソース、サポート、トレーニングプログラムの提供を通じて研究を促進しています。一緒に変化をもたらしましょう。

NGS が微生物学研究の目標をどのようにサポートできるかについて知る [🔗](#)

次世代シーケンサー（NGS）は、微生物ゲノミクスの次の扉を開き、微生物がヒトおよび環境に与える影響について新たな洞察をもたらしています。次世代シーケンサーを用いて、最も微小な生物の最も細かい詳細を調べることで、全体像を把握できます。次世代シーケンサーにより、どのような微生物学的アプローチが可能になるかご確認ください。

微生物学アプリケーションに最適なワークフローを見つける [🔗](#)

次のワークフローから推測は不要になります。NGS Workflow Finder は、お使いの微生物学および感染症アプリケーションに対する個別化したソリューションの提案とリソースを提供します。



ご質問、ご意見、ご相談を随時受け付けています。 jp.illumina.com をご覧ください。

Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810
jp.illumina.com

© 2025 Illumina, Inc. All rights reserved すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc または各所有者に帰属します。商標および登録商標の詳細は jp.illumina.com/company/legal.html をご覧ください。
Pub. No. M-GL-02402v2.0-JPN 15MAY2025