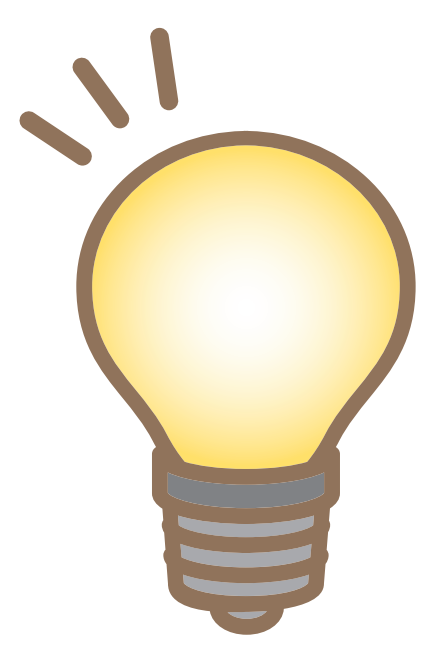


マイクロバイオーム解析の 精度管理に向けて

Improving the reliability and comparability of microbiome measurements

複雑なマイクロバイオームの動態解析のための精度管理技術開発

Development of measurement standards for high-throughput 16S rRNA gene-based microbiome study



マイクロバイオームを解析する際の
精度管理用人工核酸
標準物質を開発

A novel technology for improving microbiota measurements by high-throughput sequencing has been developed

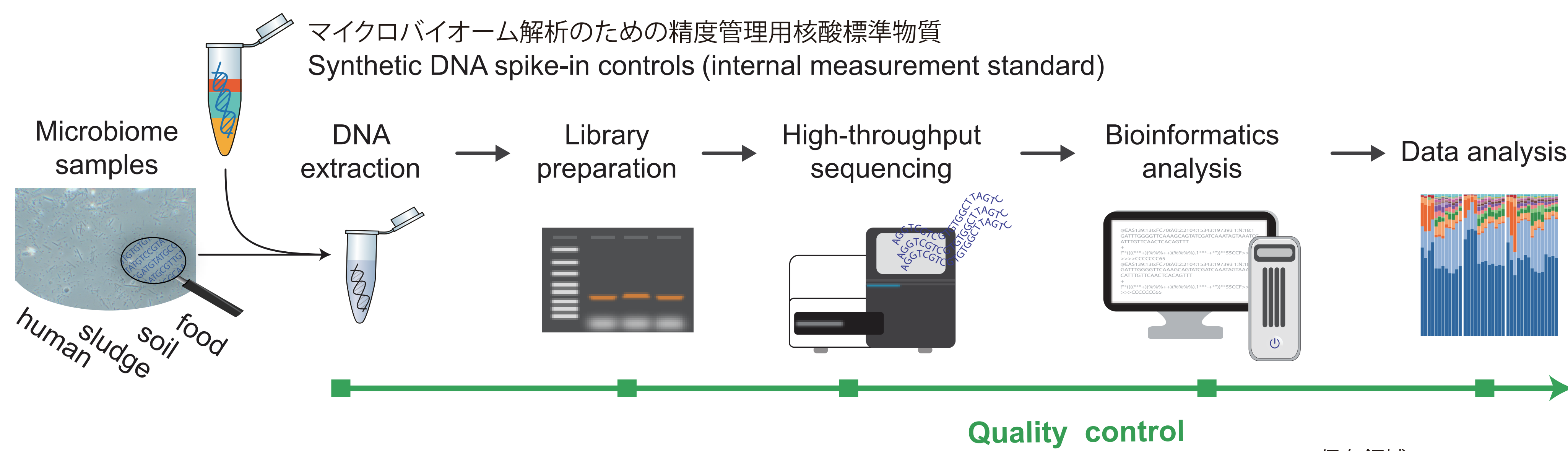
マイクロバイオーム解析時に
内部標準として
試料に添加して利用

The technology is based on synthetic nucleic acid sequences serving as internal spike-in materials to be used as quantitative controls

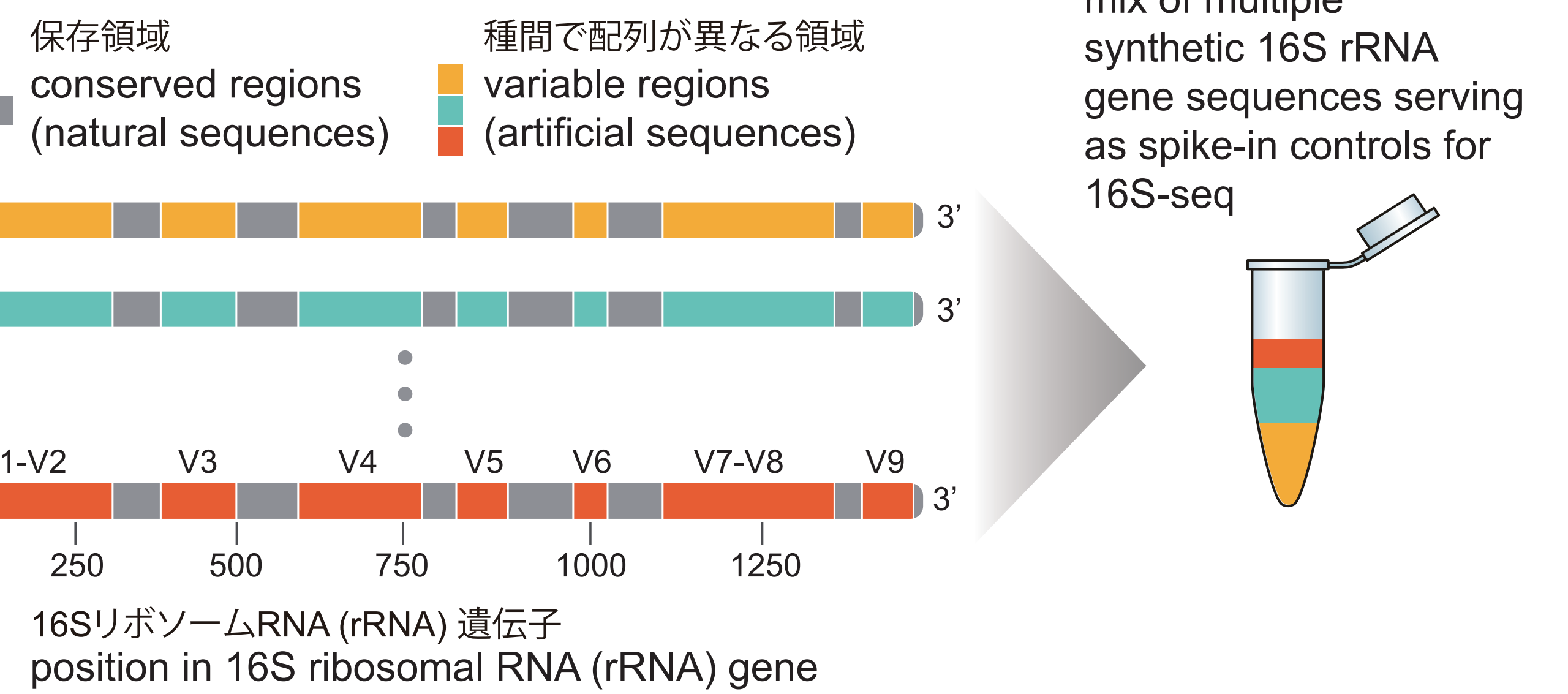
次世代シーケンサー
などによる
マイクロバイオーム
解析の標準化に貢献

Routine usage of the spike-in controls will facilitate standardization, thereby accelerating microbiome R&D in a range of sectors

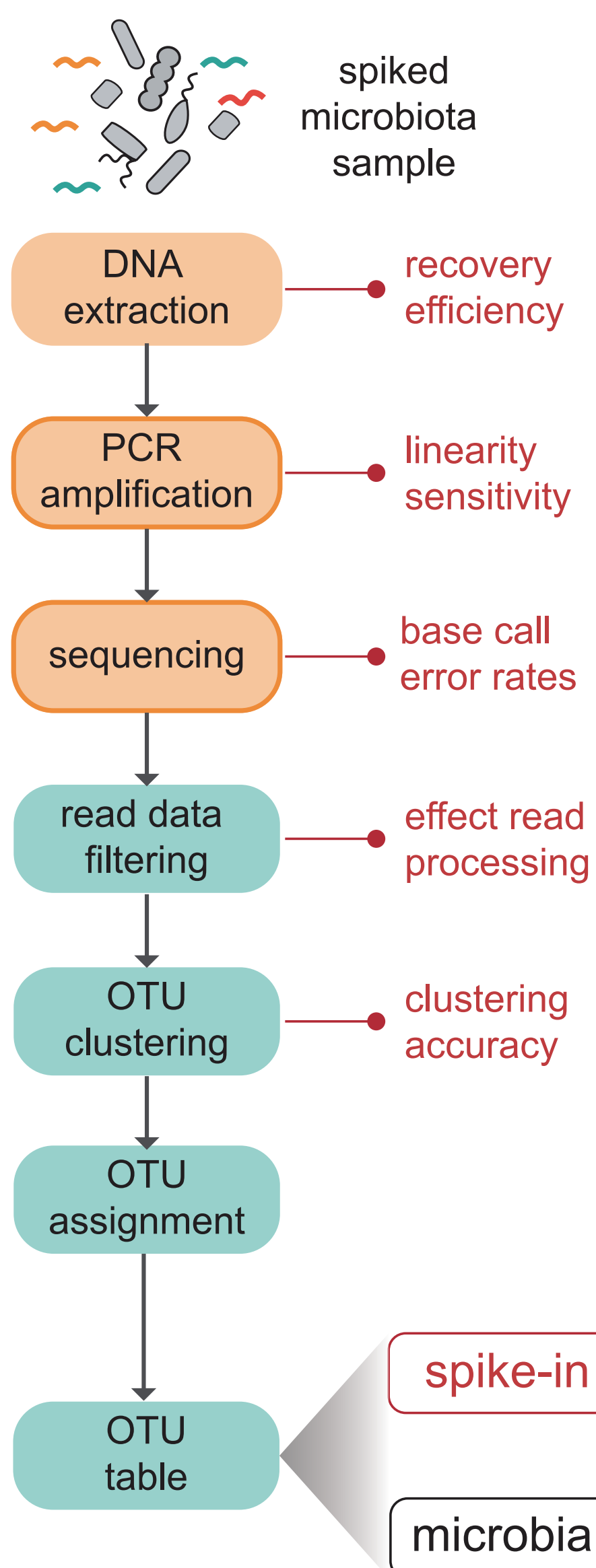
マイクロバイオーム解析のプロセス



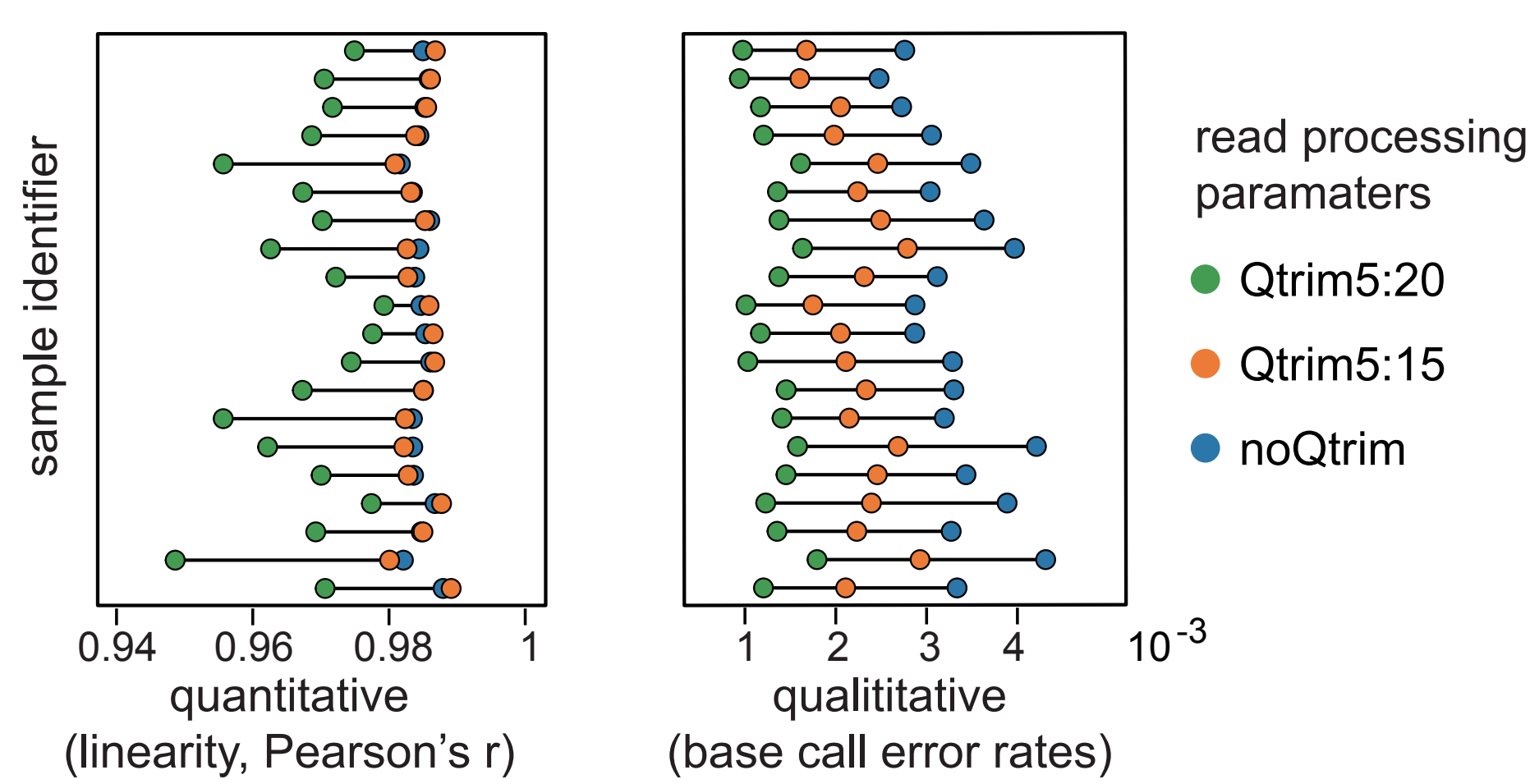
今回開発した人工核酸標準物質
(人工 16S rRNA 遺伝子) と
内部標準用混合物



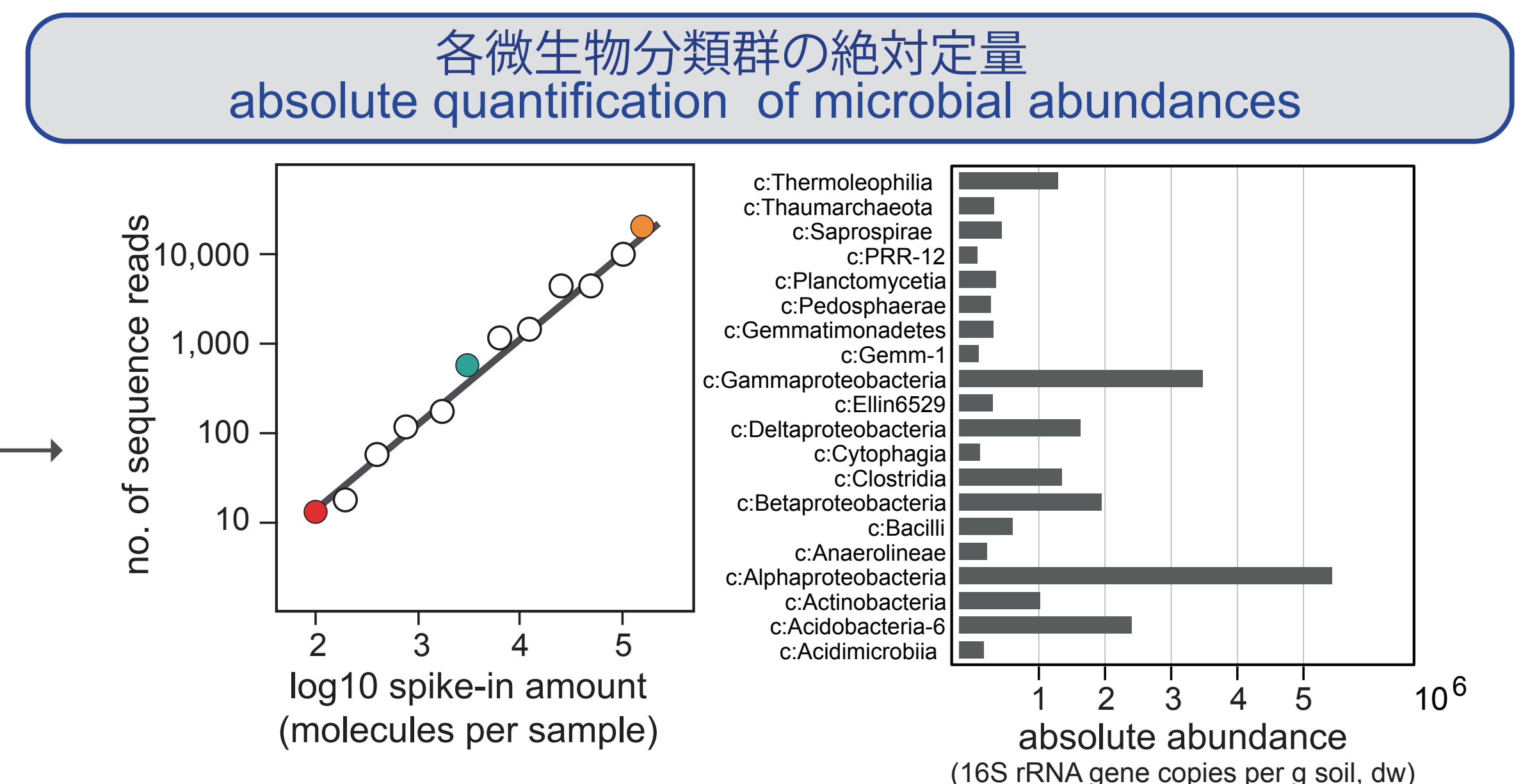
内部標準を添加したマイクロバイオーム試料の解析過程と各過程での精度管理の対象となる指標 (赤字)



次世代シーケンスの精度管理 (定量性、塩基配列の読み取り精度)
quality control across experimental & computational workflow



内部標準を用いた精度管理の例



関口 勇地
Yuji Sekiguchi

バイオメディカル研究部門
Biomedical Research Institute