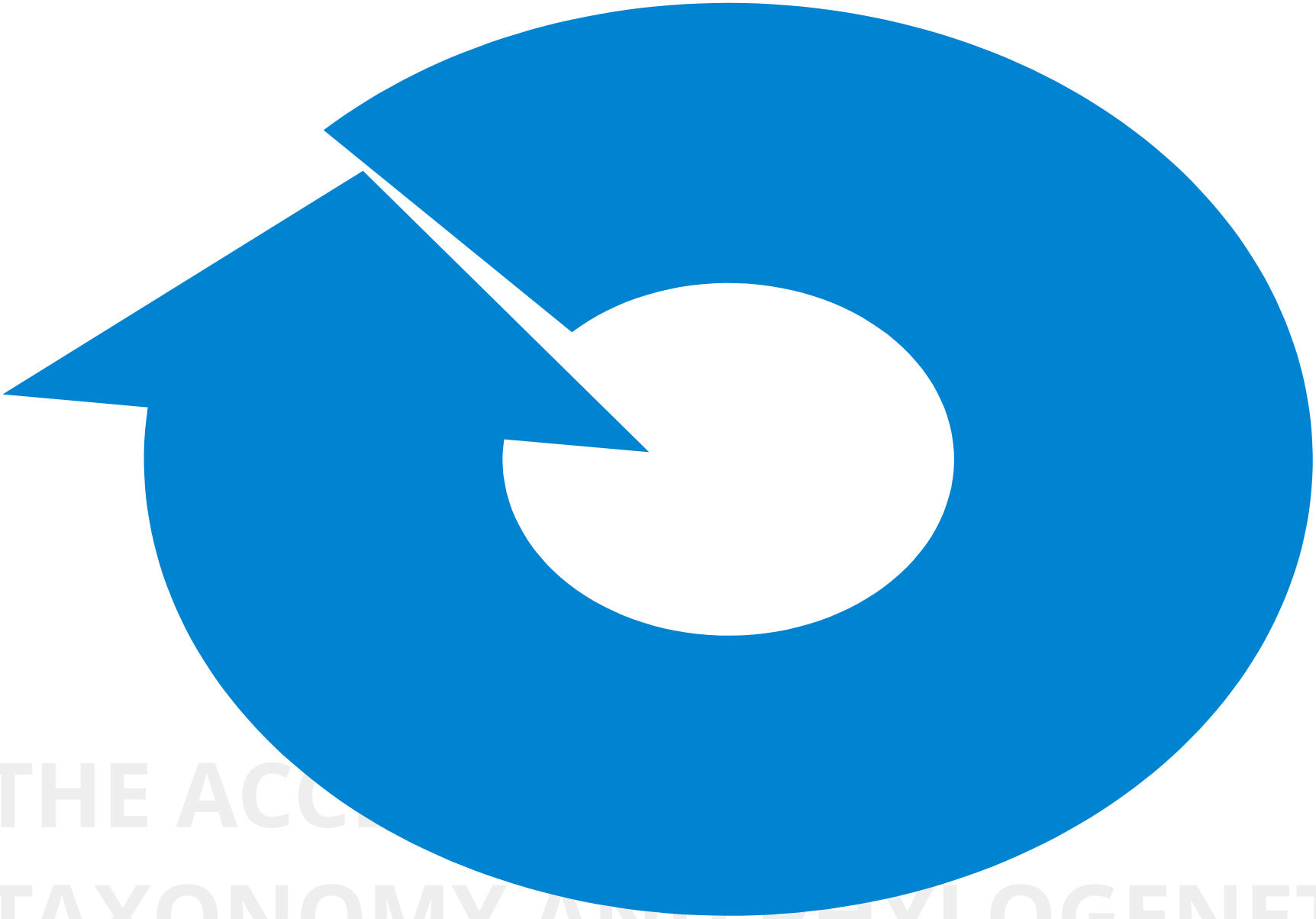
高スループットシーケンサのコモディティ化が変えた分類学と系統学の研究サイクル

神戸大・理
田辺晶史

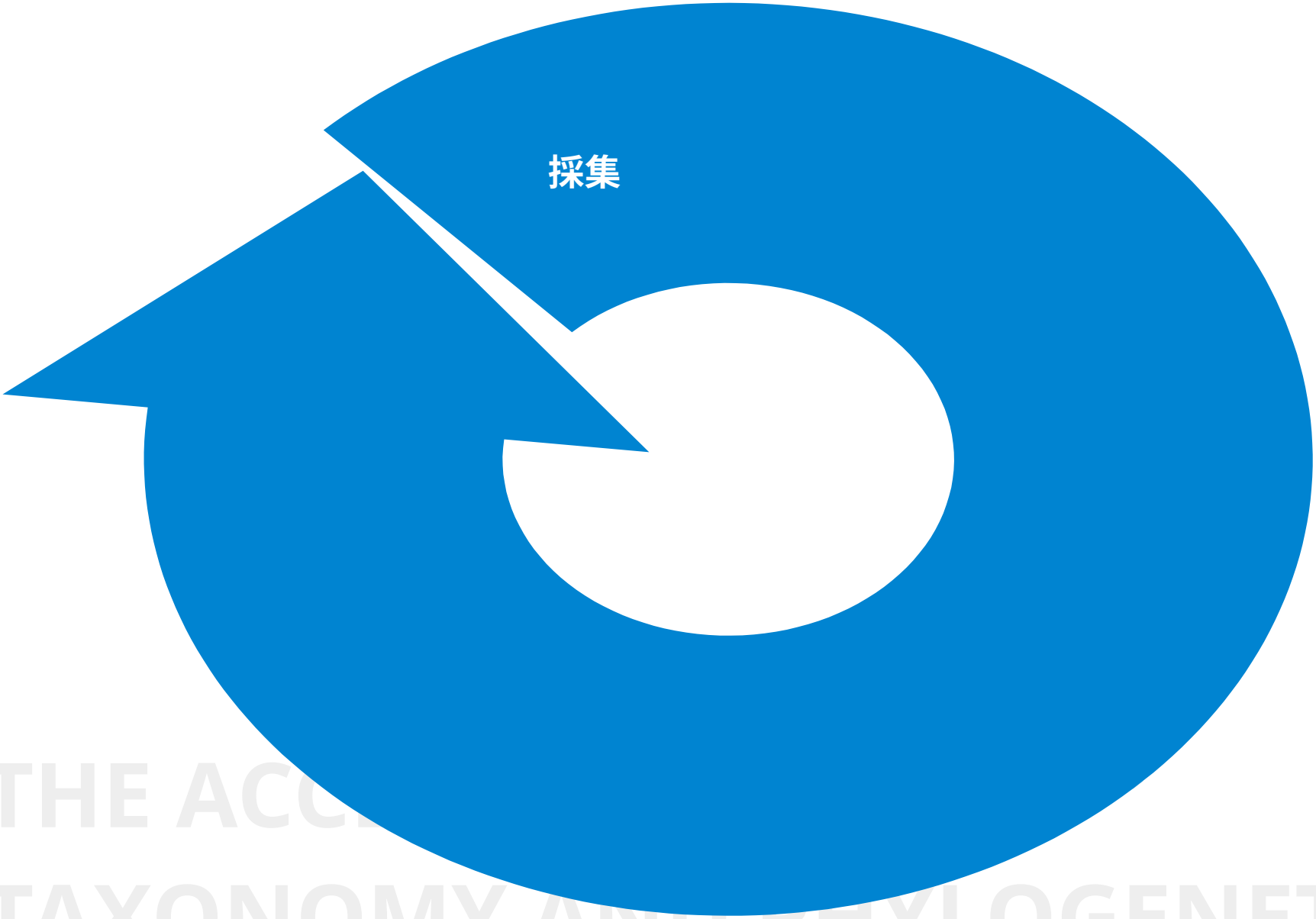
THE ACCELERATED TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

分類学における研究サイクル



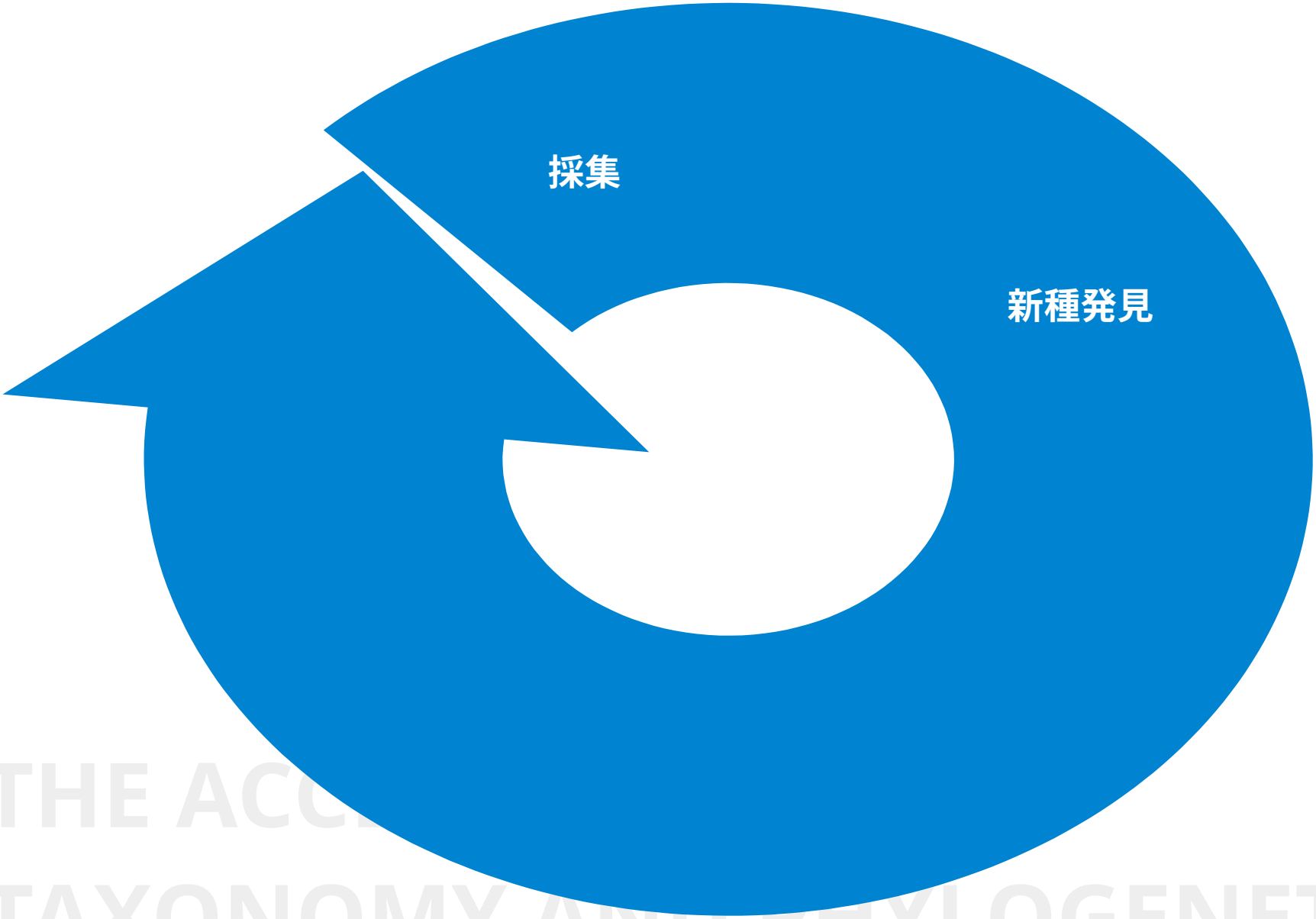
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

分類学における研究サイクル



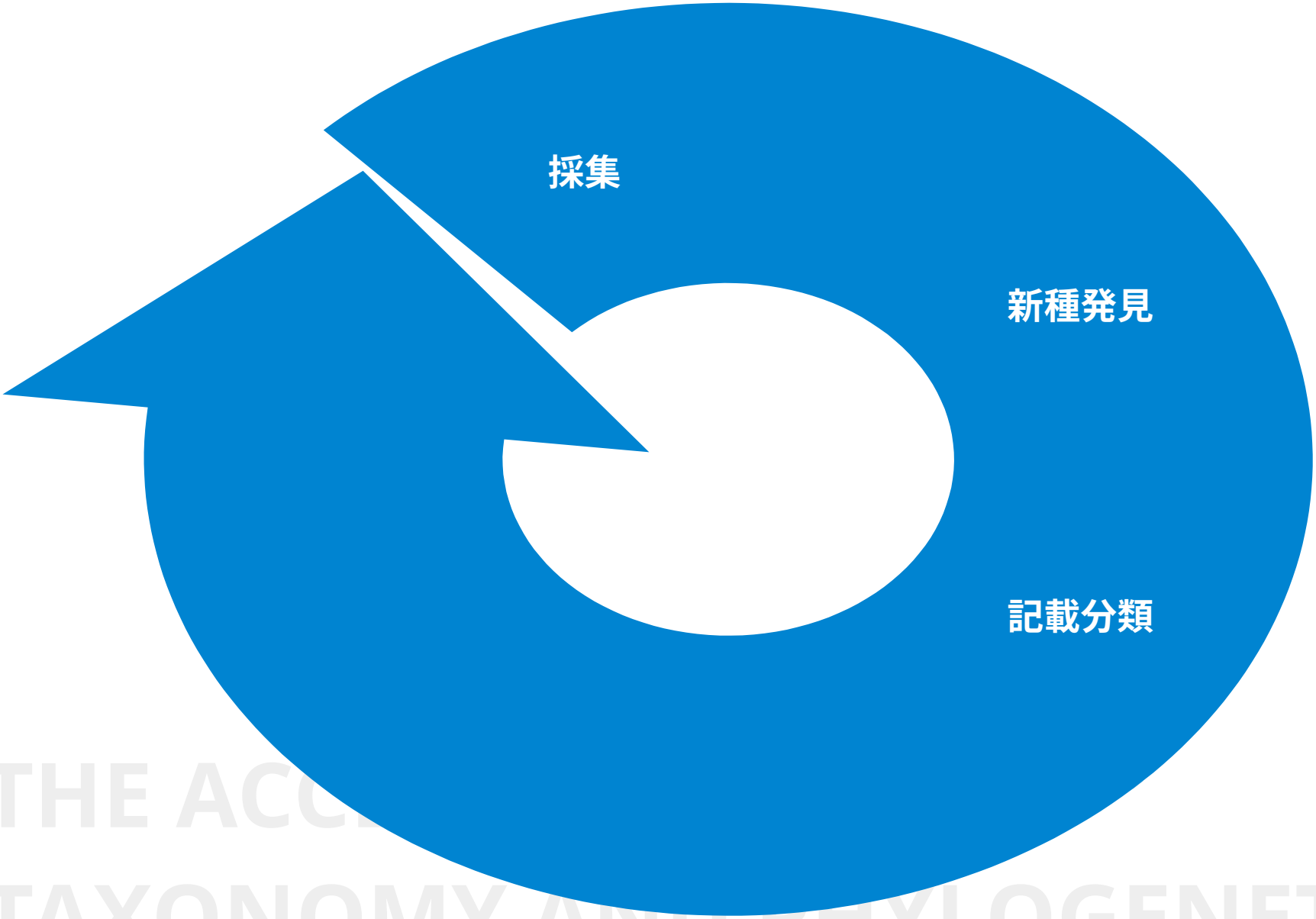
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

分類学における研究サイクル



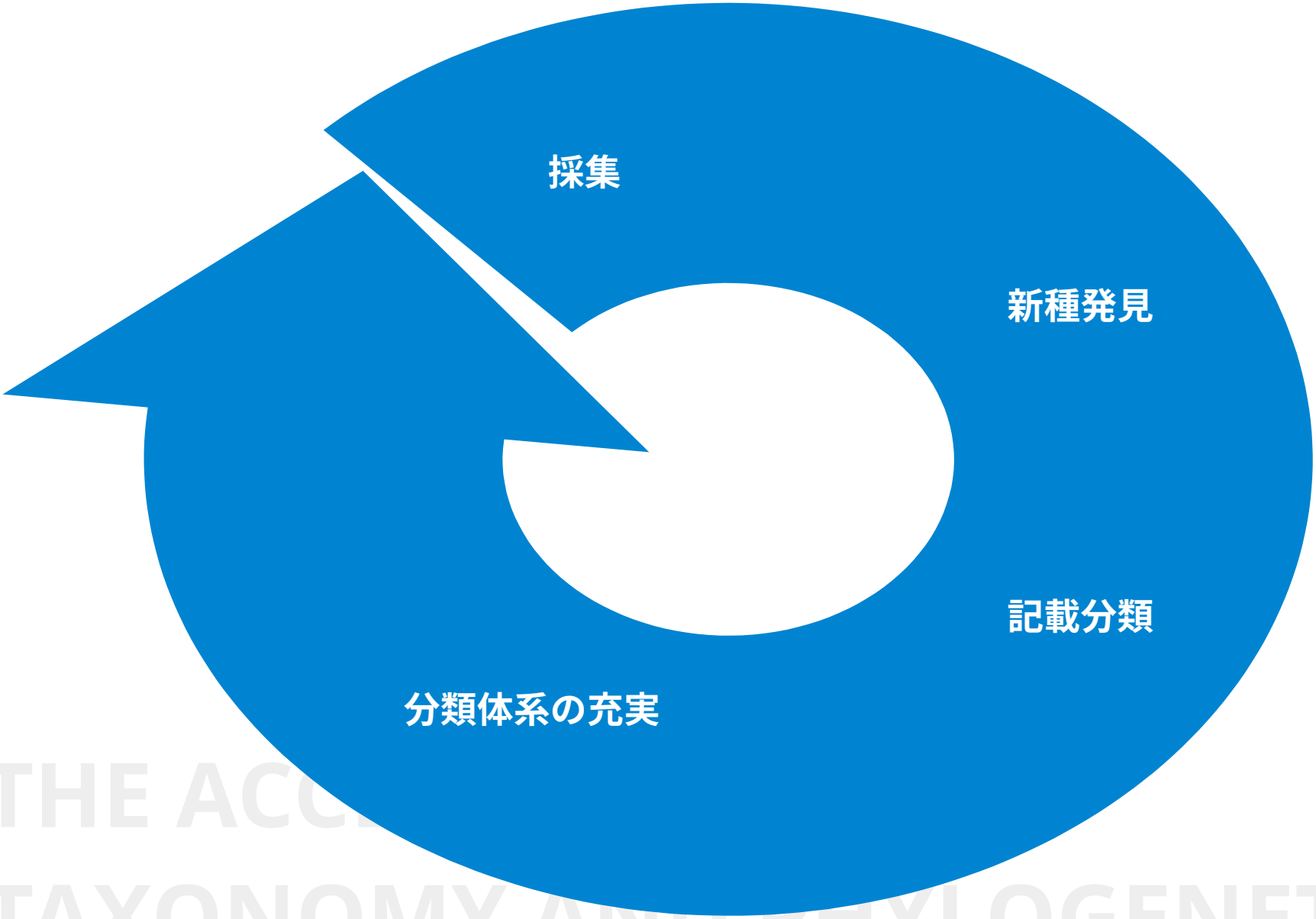
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

分類学における研究サイクル



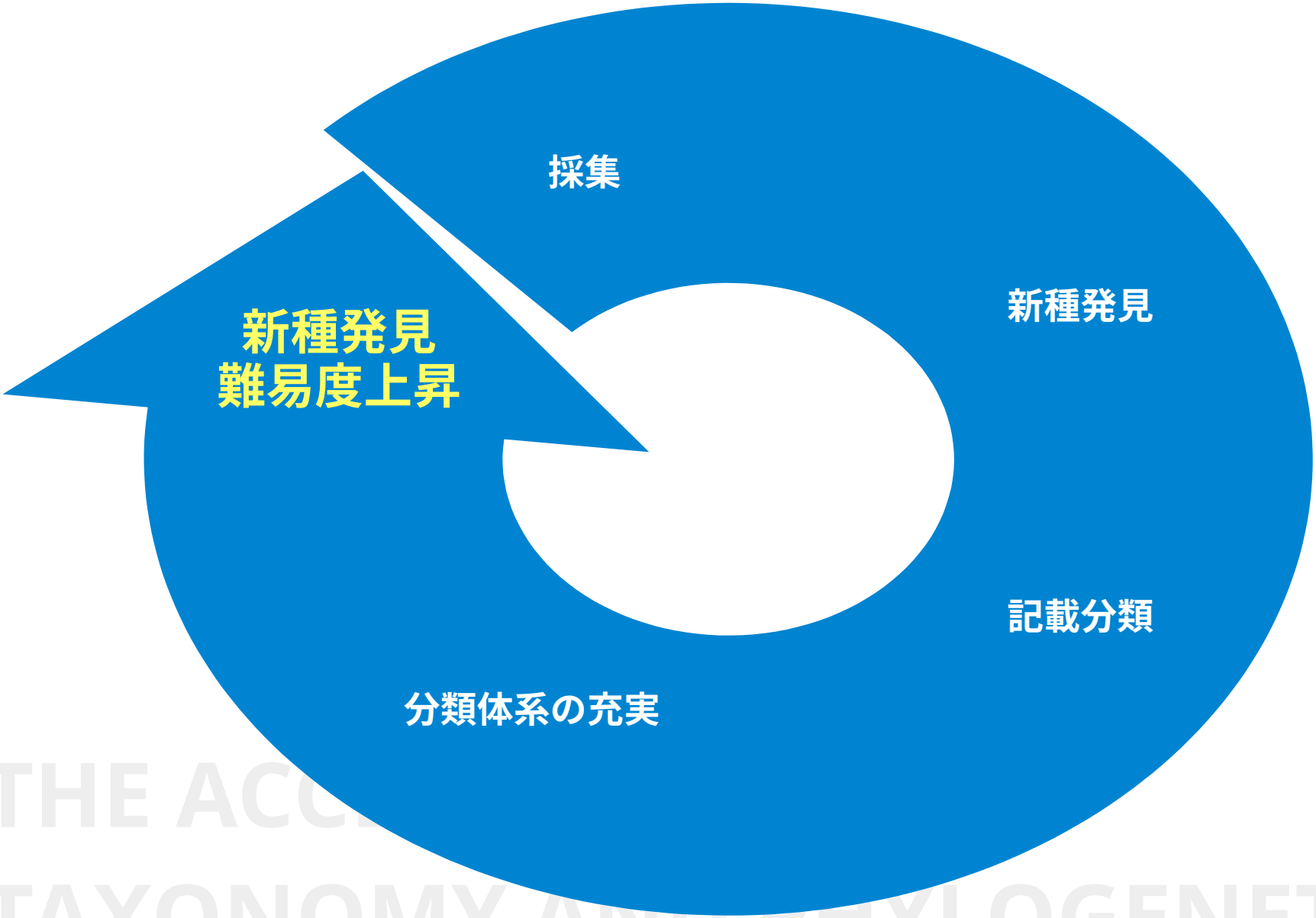
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

分類学における研究サイクル



THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

分類学における研究サイクル



THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→

メタゲノム
環境 DNA

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

⇓

生物相の把握

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

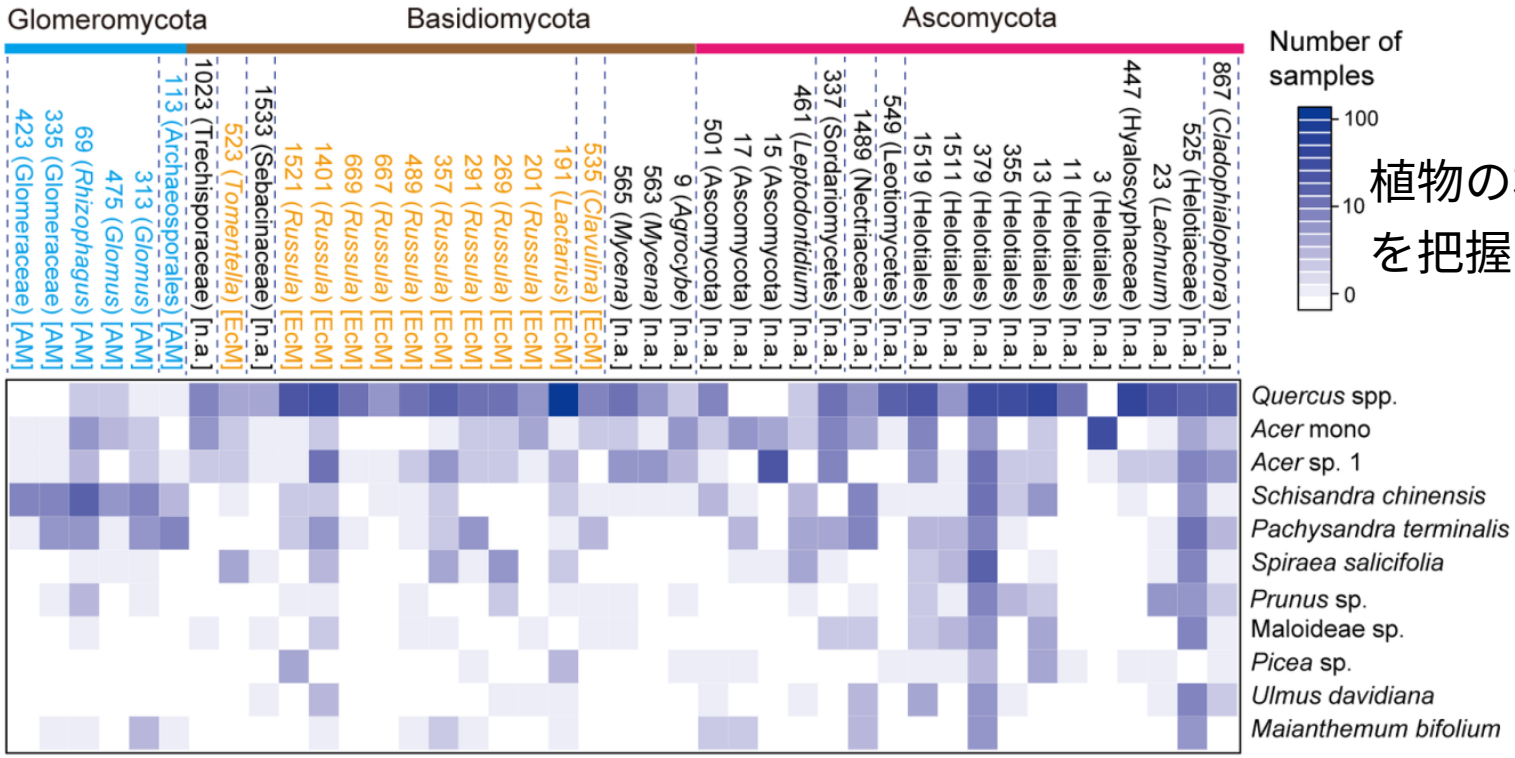
→ 生物種名

⇓

生物相の把握

植物の根に共生する真菌相を把握できる

(Toju et al. 2013)



TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

↓

生物相の把握

植物の根に共生する真菌を把握できる

(Toju et al. 2013)

メタバーコーディング

TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノム・環境 DNA シーケンスで生物相が把握できる

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

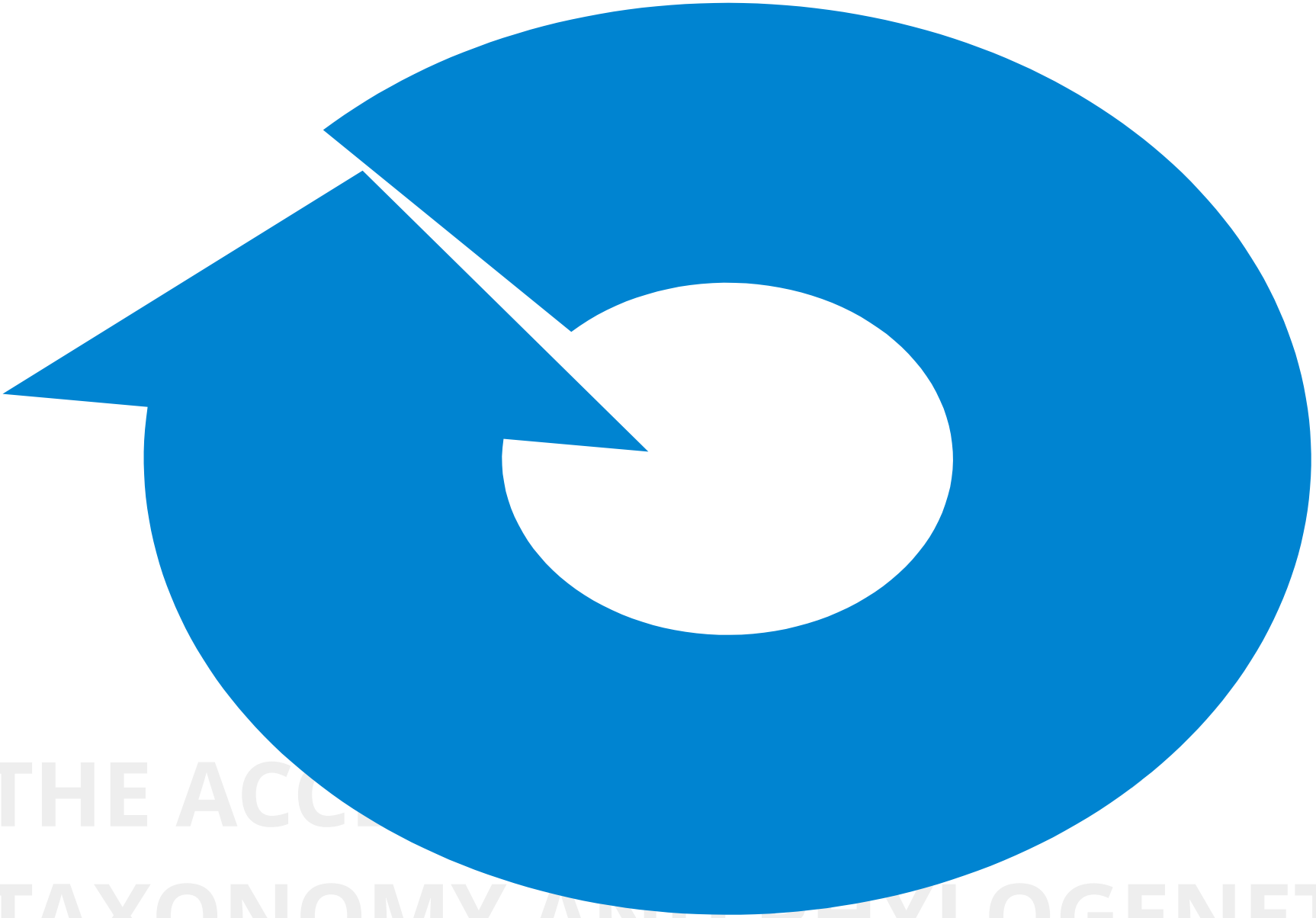
→ 塩基配列

→ 生物種名

膨大な労力を要する直接観察なしに
生物相を把握できる

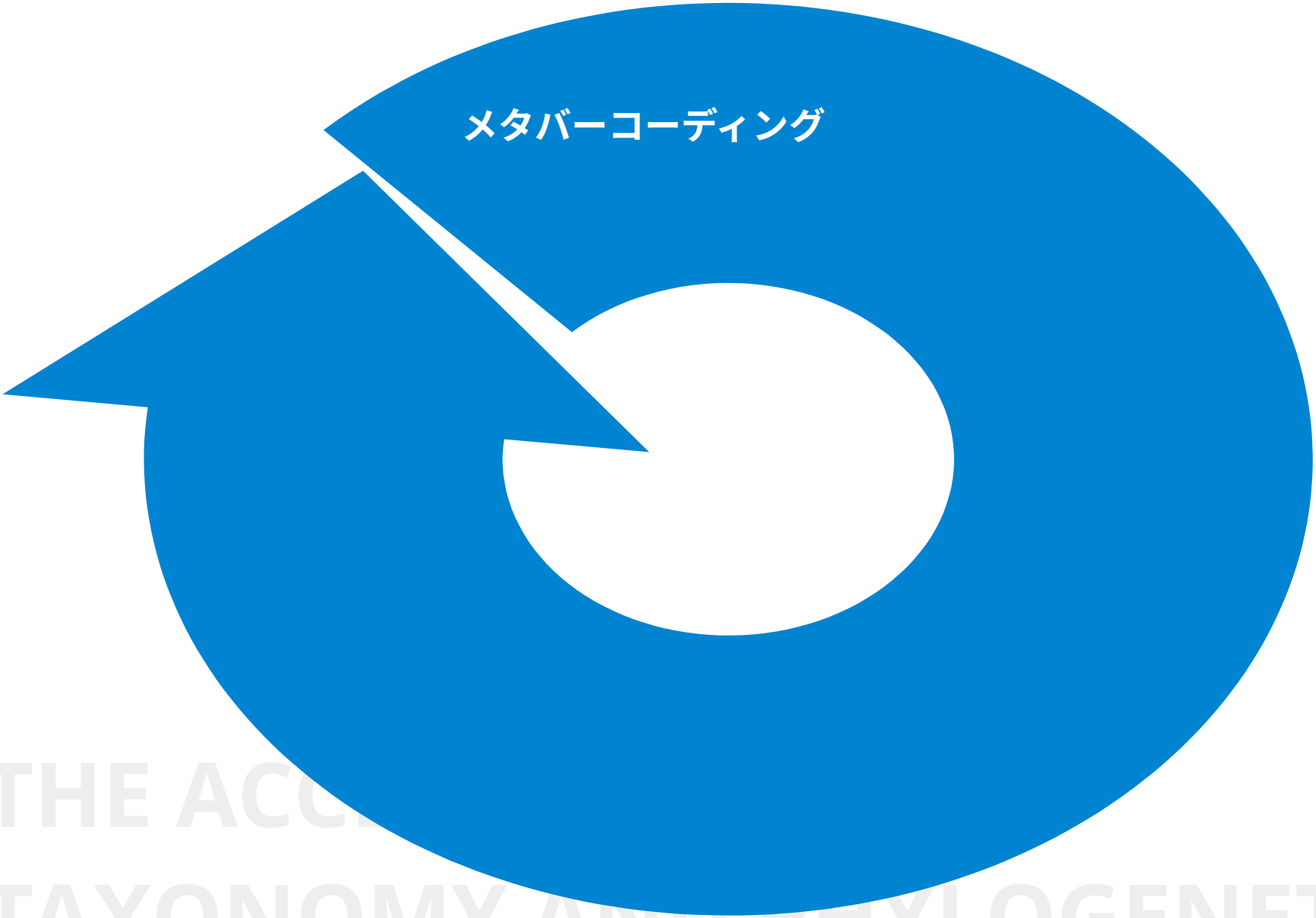
植物の根に共生する真菌相
を把握できる
(Toju et al. 2013)

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



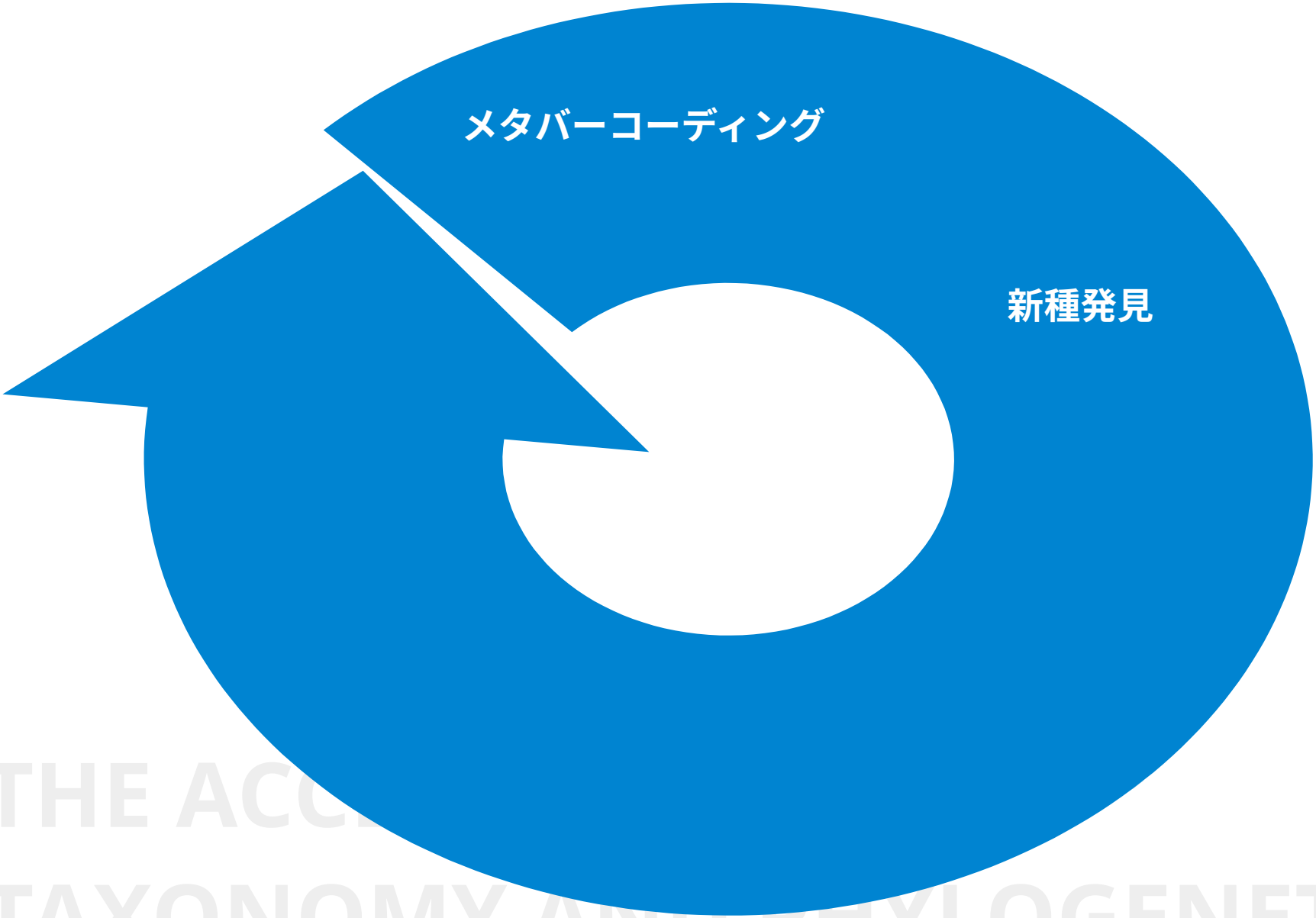
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



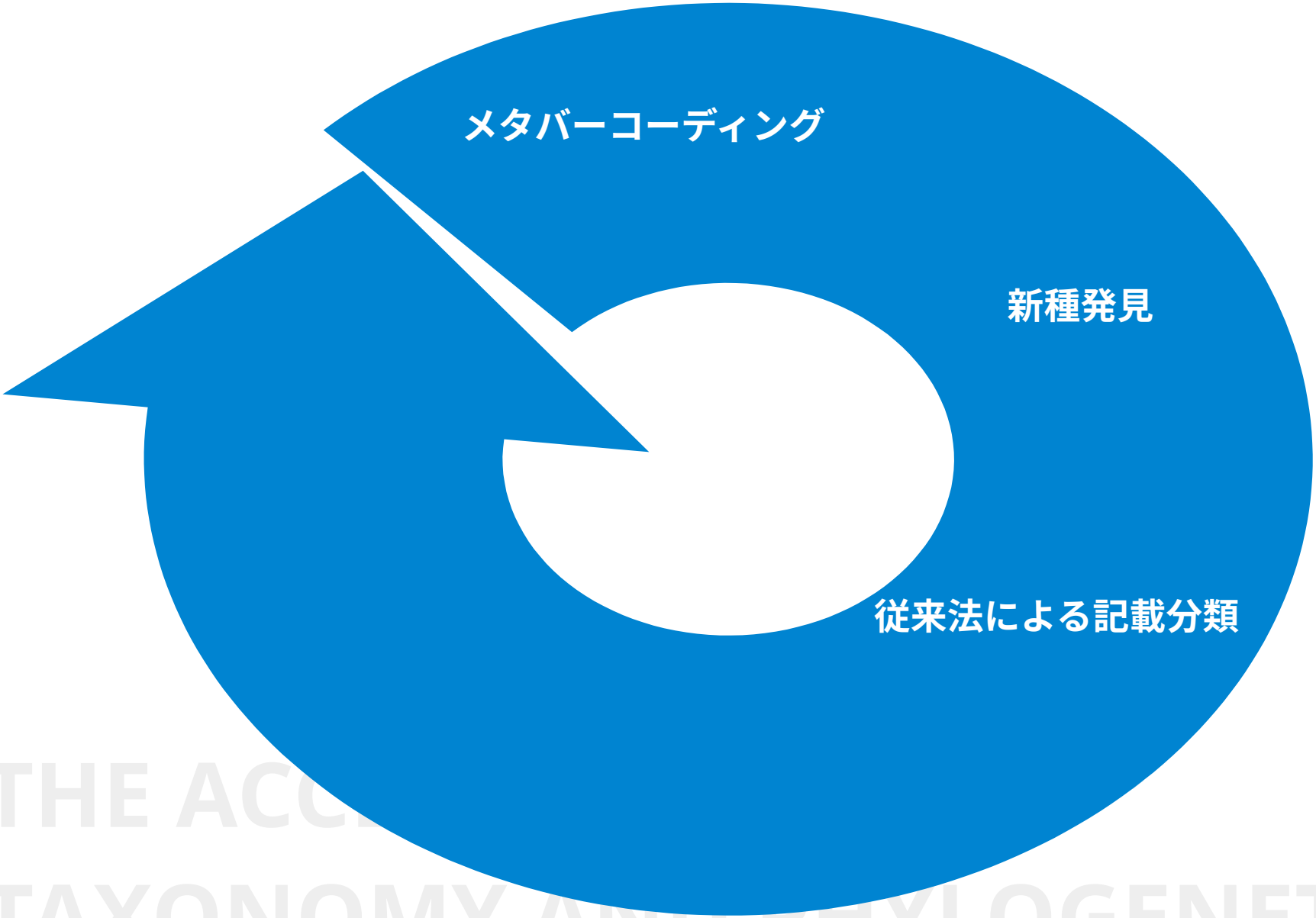
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



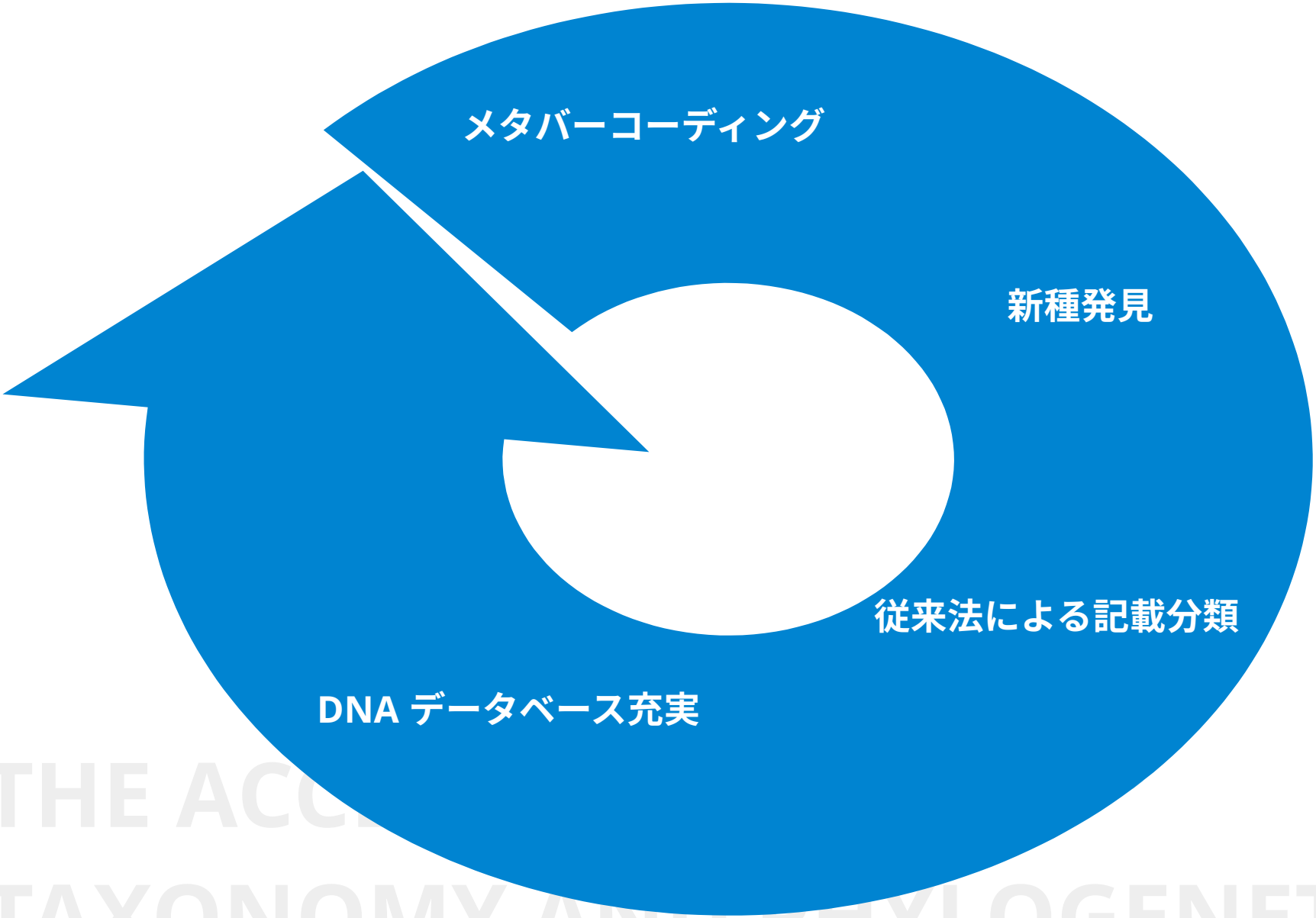
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



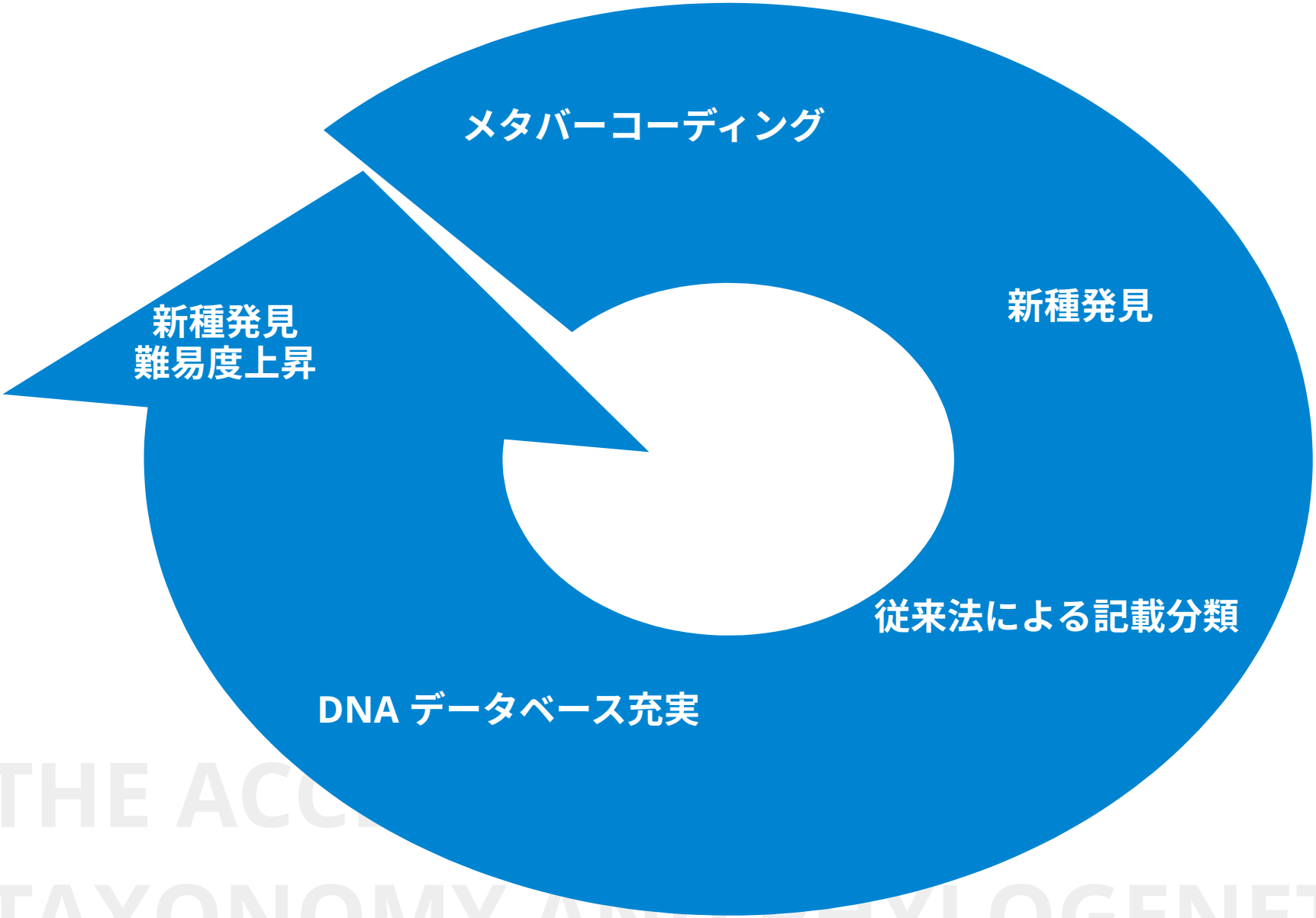
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



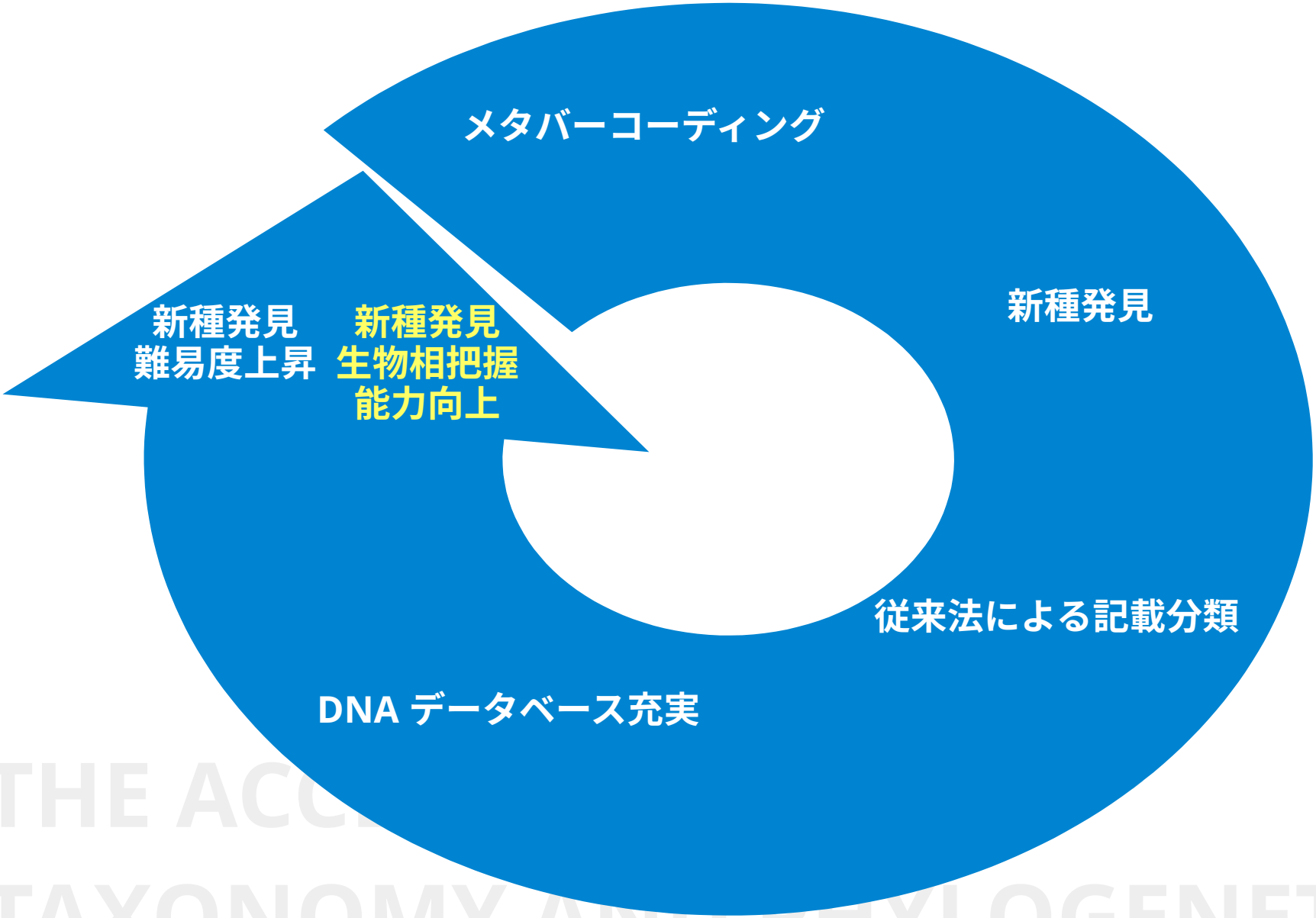
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



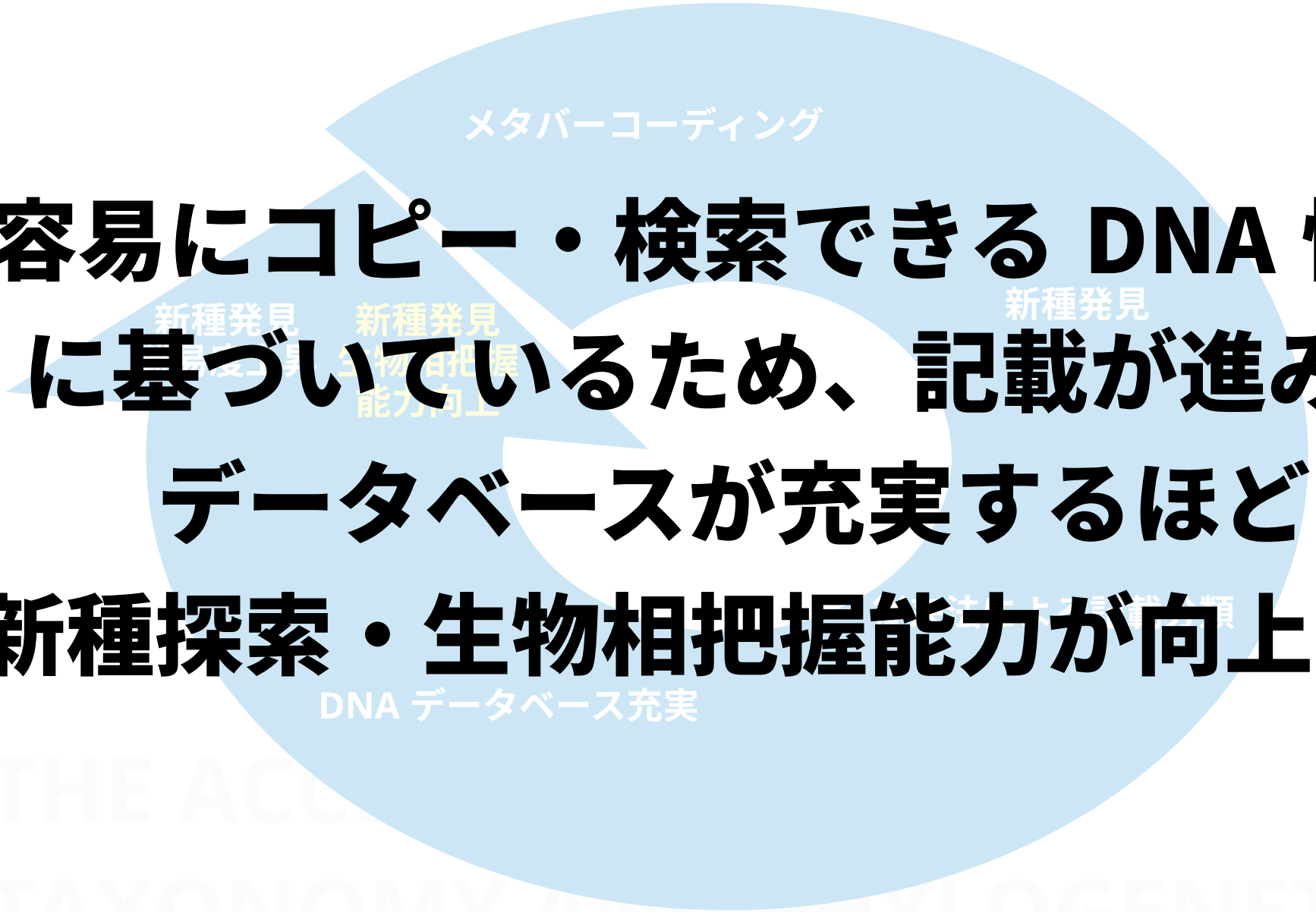
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディング時代の分類学の研究サイクル



容易にコピー・検索できる DNA 情報に基づいているため、記載が進み、データベースが充実するほど新種探索・生物相把握能力が向上する

THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

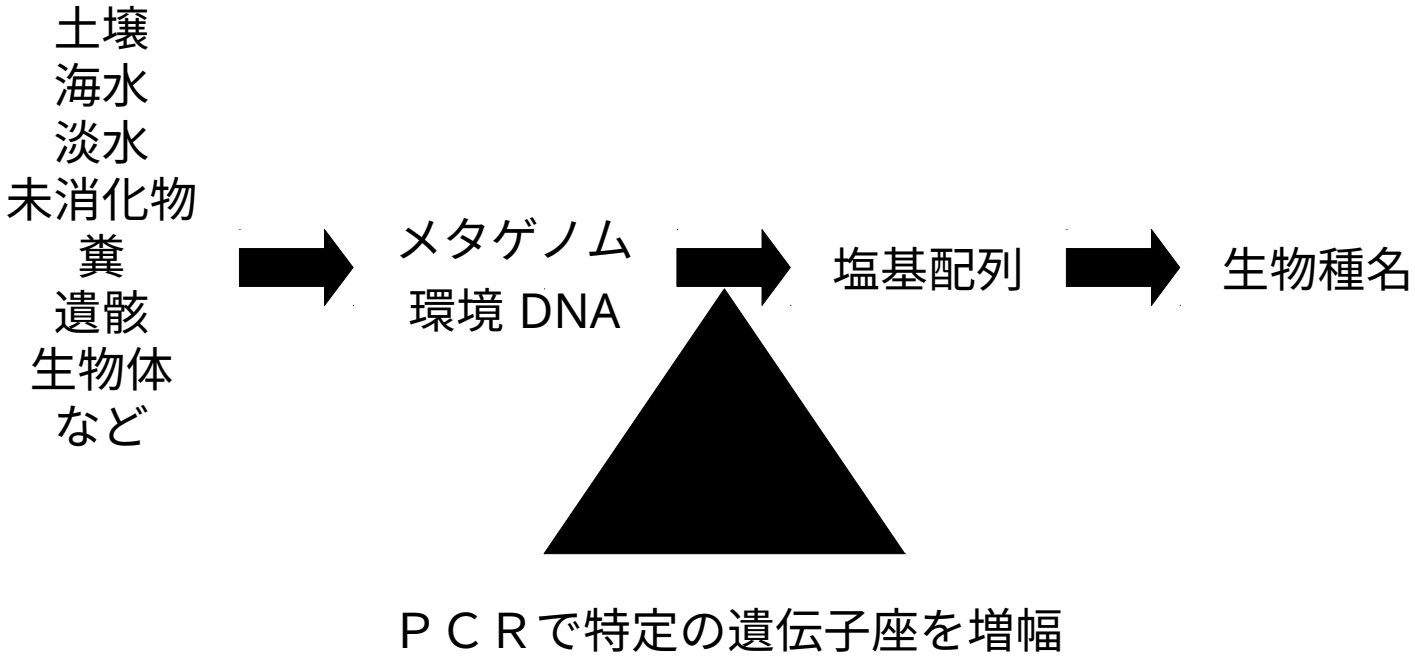
→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列 → 生物種名

ＰＣＲで特定の遺伝子座を増幅
同時にサンプル識別用タグ配列付加

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

ＰＣＲで特定の遺伝子座を増幅
同時にサンプル識別用タグ配列付加
多サンプルを混合してＨＴＳで解読

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming
低品質な配列を除去 …… quality-filtering

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming
低品質な配列を除去 …… quality-filtering
ノイズの多そうな配列を除去 …… denoising

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming
低品質な配列を除去 …… quality-filtering
ノイズの多そうな配列を除去 …… denoising
キメラと思われる配列を除去 …… chimera removal

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming
低品質な配列を除去 …… quality-filtering
ノイズの多そうな配列を除去 …… denoising
キメラと思われる配列を除去 …… chimera removal
類似度ｎ％以上の配列をまとめる …… clustering

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名

タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming
低品質な配列を除去 …… quality-filtering
ノイズの多そうな配列を除去 …… denoising
キメラと思われる配列を除去 …… chimera removal
類似度ｎ％以上の配列をまとめる …… clustering
類似する既知配列からホスト生物を推定… taxonomic assignment

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

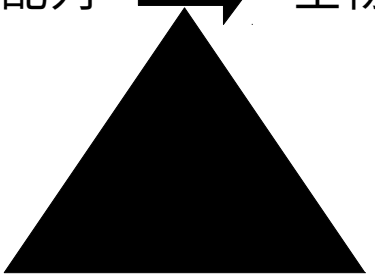
メタバーコーディングのプロセスと情報処理

土壌
海水
淡水
未消化物
糞
遺骸
生物体
など

→ メタゲノム
環境 DNA

→ 塩基配列

→ 生物種名



タグ配列に基いて由来サンプルを特定 … demultiplexing
配列から低品質な部位を除去 …… quality-trimming
低品質な配列を除去 …… quality-filtering
ノイズの多そうな配列を除去 …… denoising
キメラと思われる配列を除去 …… chimera removal
類似度ｎ％以上の配列をまとめる …… clustering
類似する既知配列からホスト生物を推定… taxonomic assignment

統合解析パッケージ

QIIME
http://qiime.org/

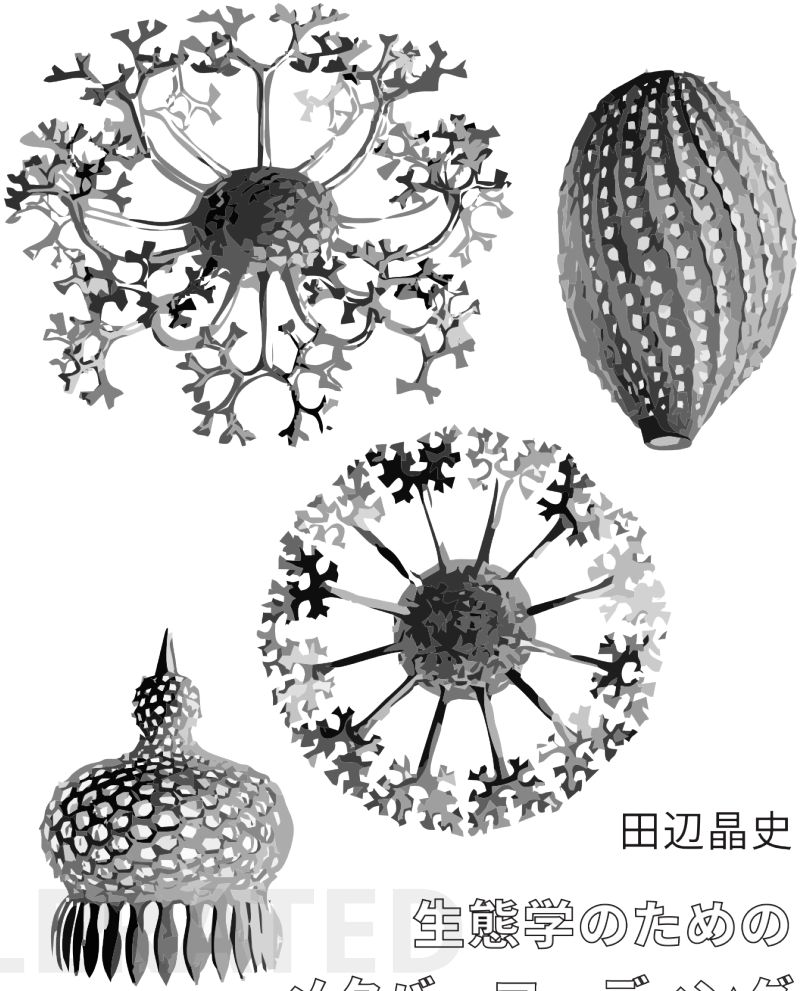
mothur
http://www.mothur.org/

Claident
https://www.claident.org/

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

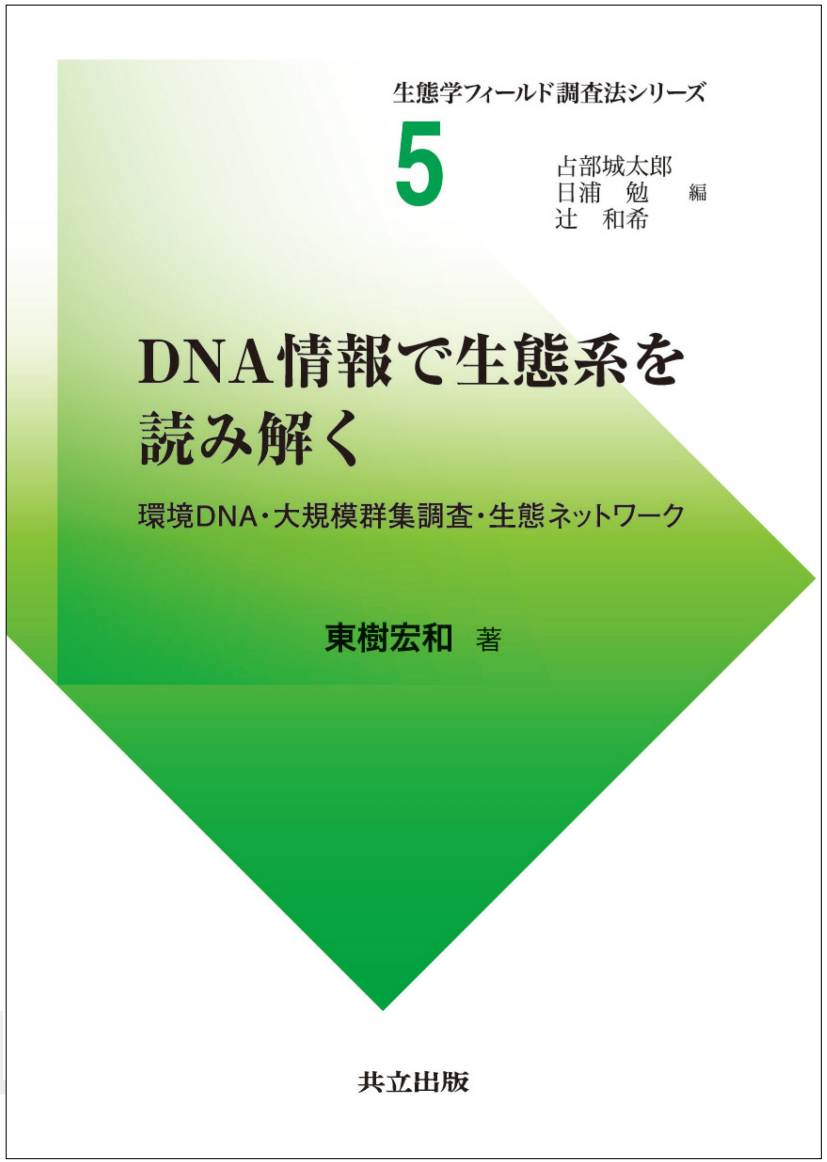
参考テキスト無償公開中

生態学のためのメタバーコーディングと DNA バーコーディング　検索



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

ライブラリ作成法やメタバーコーディング後の分析はこちら



THE ACCE
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
- 環境 DNA

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
- 環境 DNA

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
  - 高濃度
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
  - 高濃度
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない
  - 低濃度

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
  - 高濃度
  - 破砕して抽出を推奨
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない
  - 低濃度

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
  - 高濃度
  - 破砕して抽出を推奨
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない
  - 低濃度
  - 破砕せず抽出を推奨

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
  - 高濃度
  - 破砕して抽出を推奨
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない
  - 低濃度
  - 破砕せず抽出を推奨

ただし、両者を分離して採集することは困難

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

メタゲノムと環境 DNA

- メタゲノム
  - 多種多個体から抽出したゲノムの混合物
  - サンプルに個体が入っている
  - 高濃度
  - 破砕して抽出を推奨
- 環境 DNA
  - 多種多個体から排出された環境中の DNA
  - サンプルに個体は入っていない
  - 低濃度
  - 破砕せず抽出を推奨

ただし、両者を分離して採集することは困難

||

両者を一度に採集できる

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造

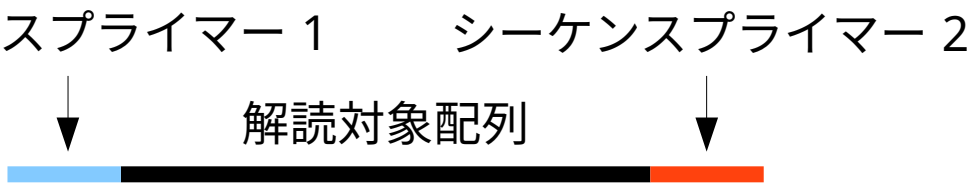
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造

解読対象配列

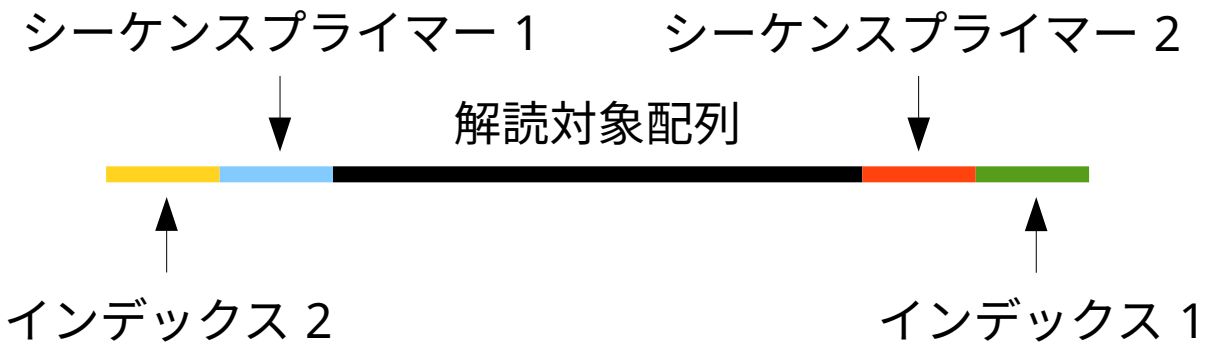
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



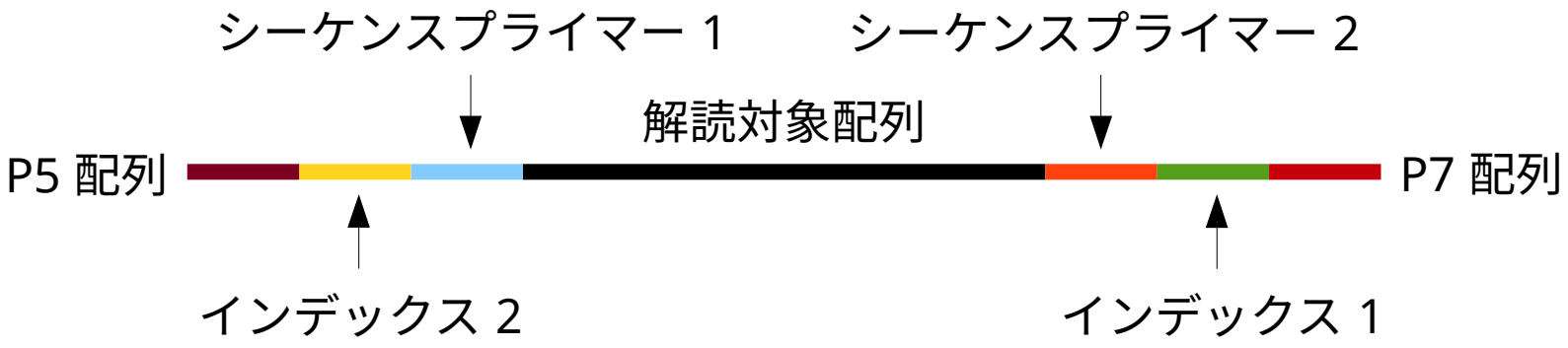
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



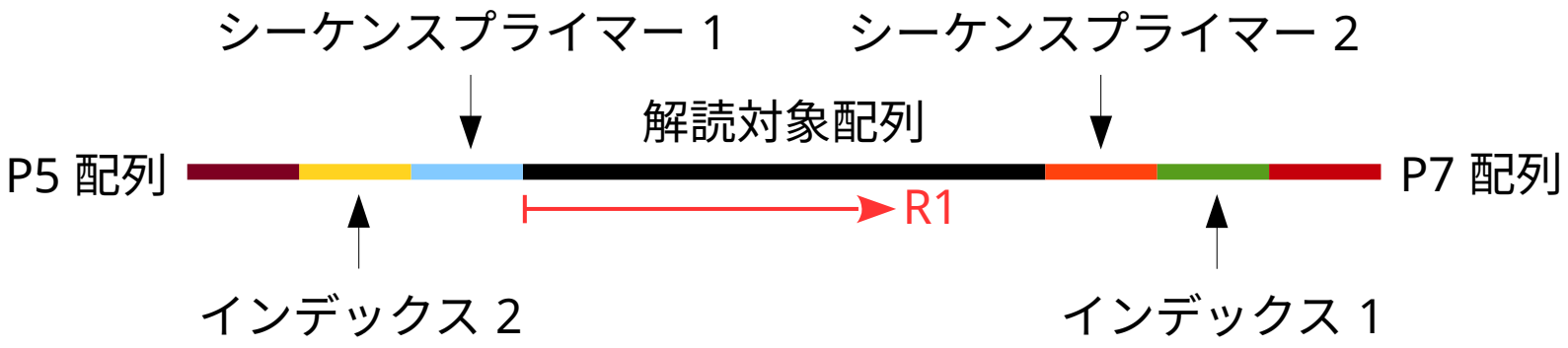
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



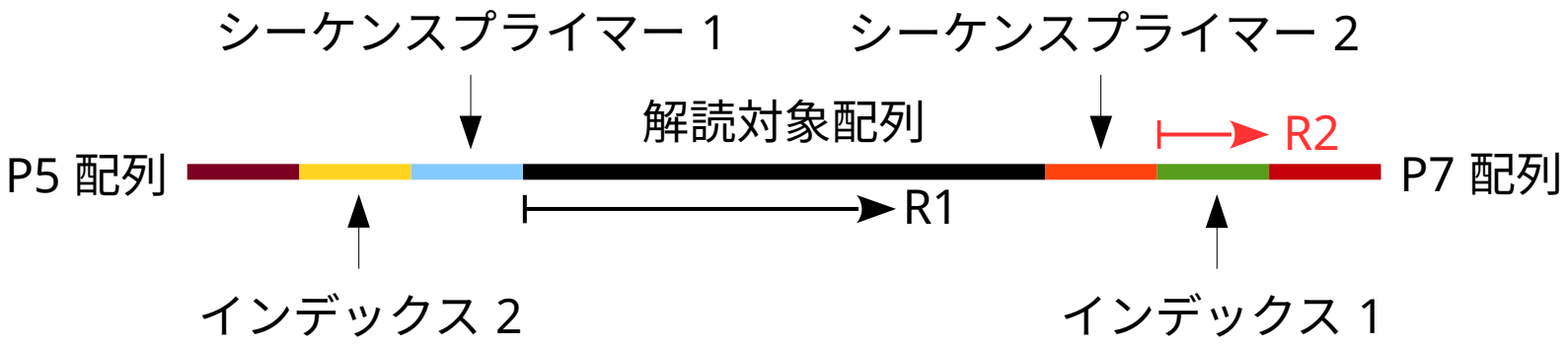
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



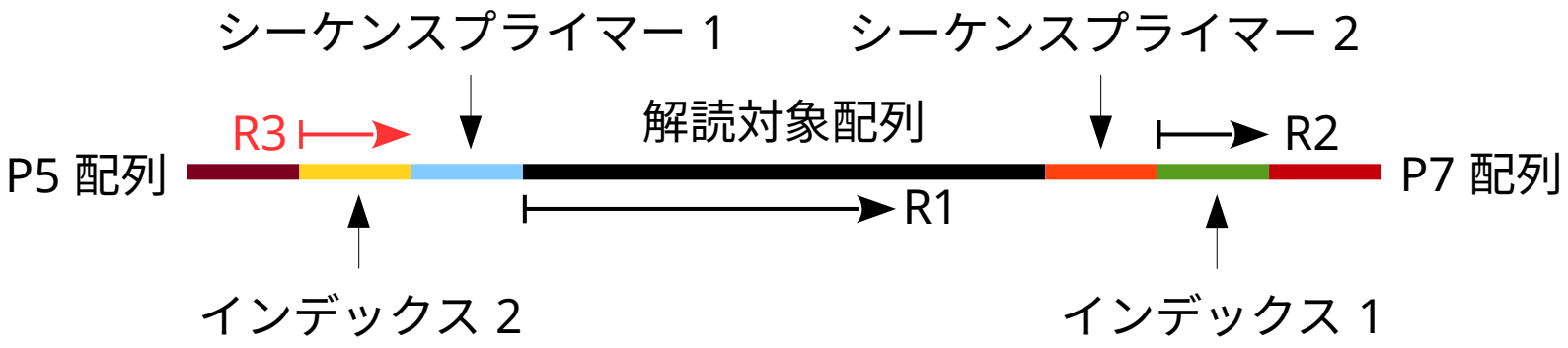
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



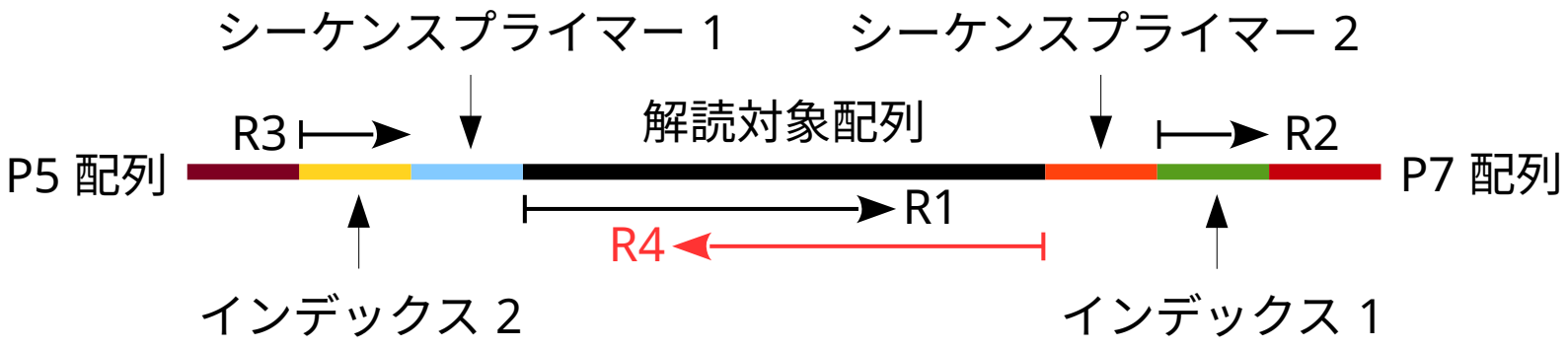
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



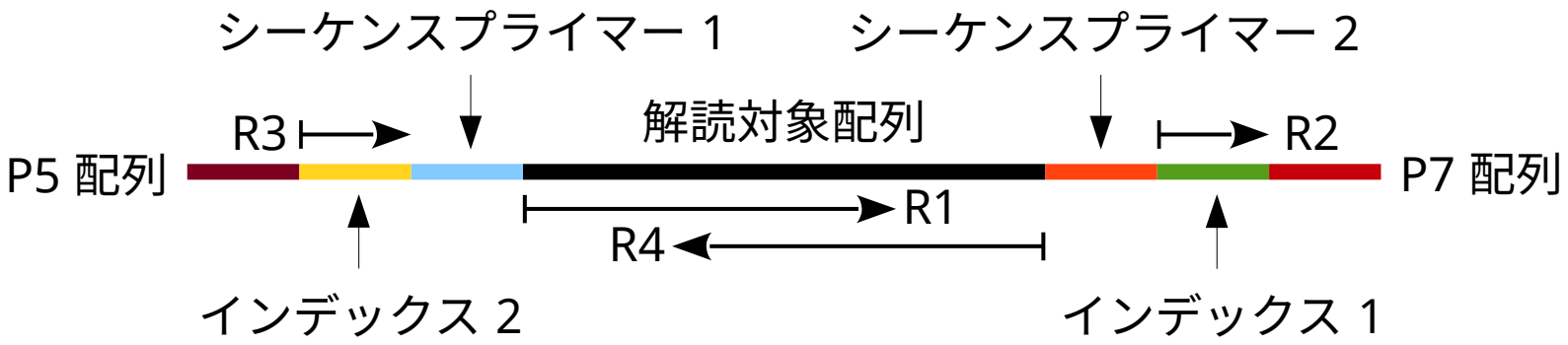
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの構造



シーケンスプライマーには Nextera タイプと TruSeq タイプがある
両者は混合してシーケンスできないことに注意が必要

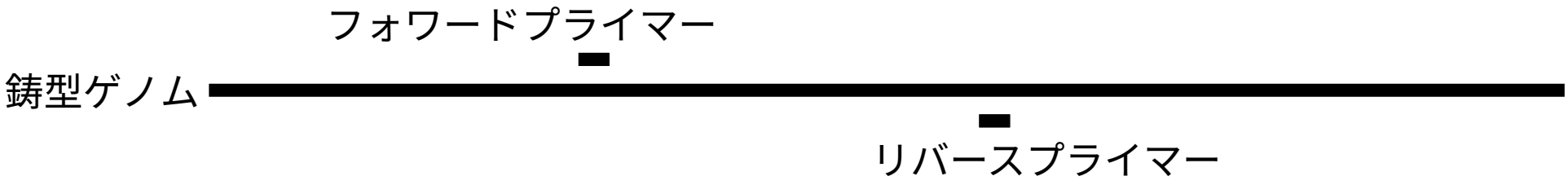
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成

鋳型ゲノム

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成

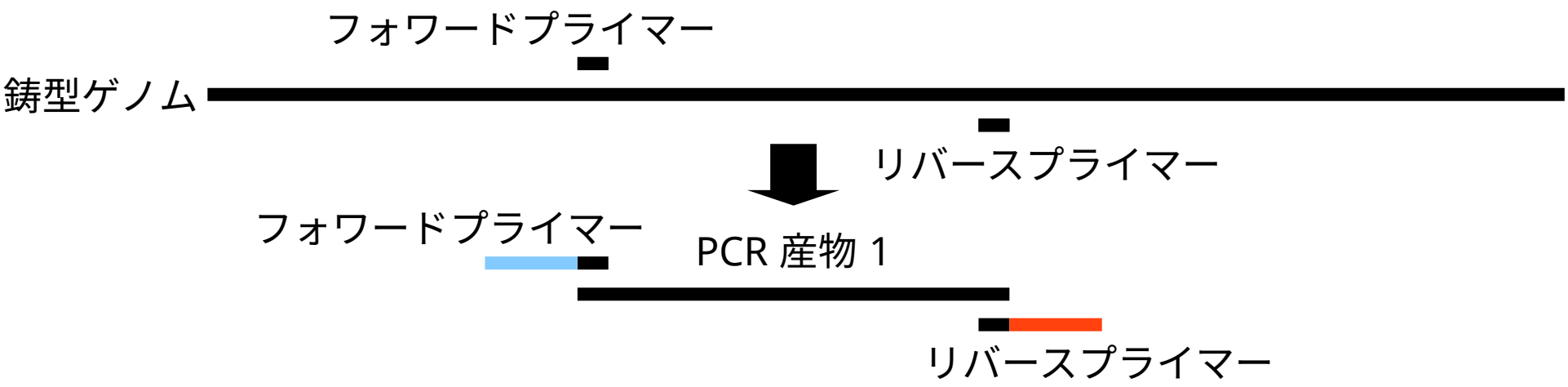


THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成

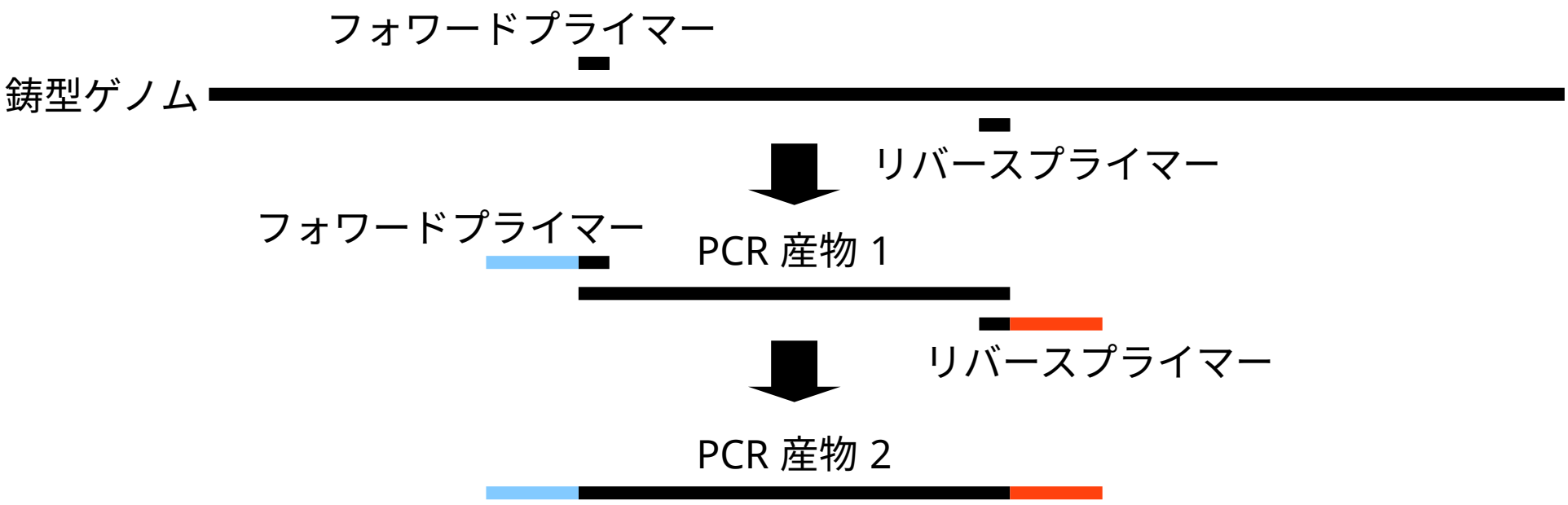
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成



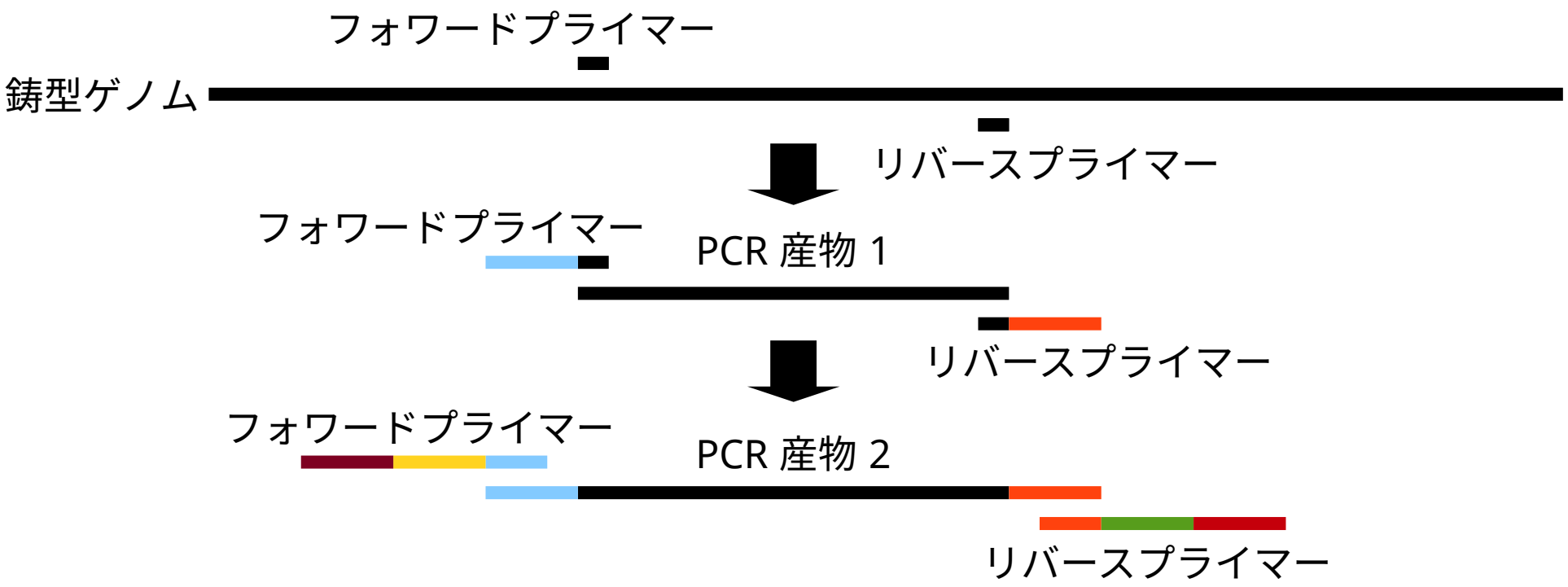
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成



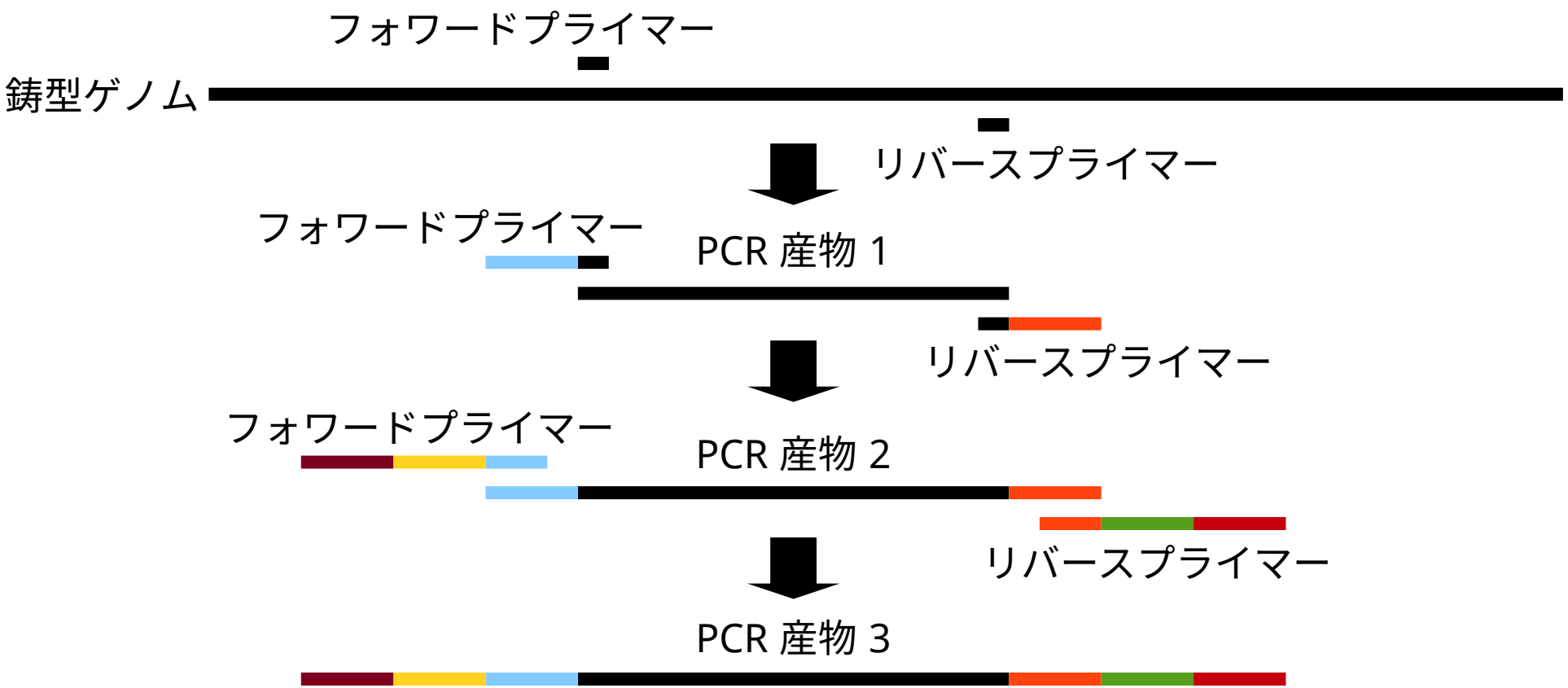
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成



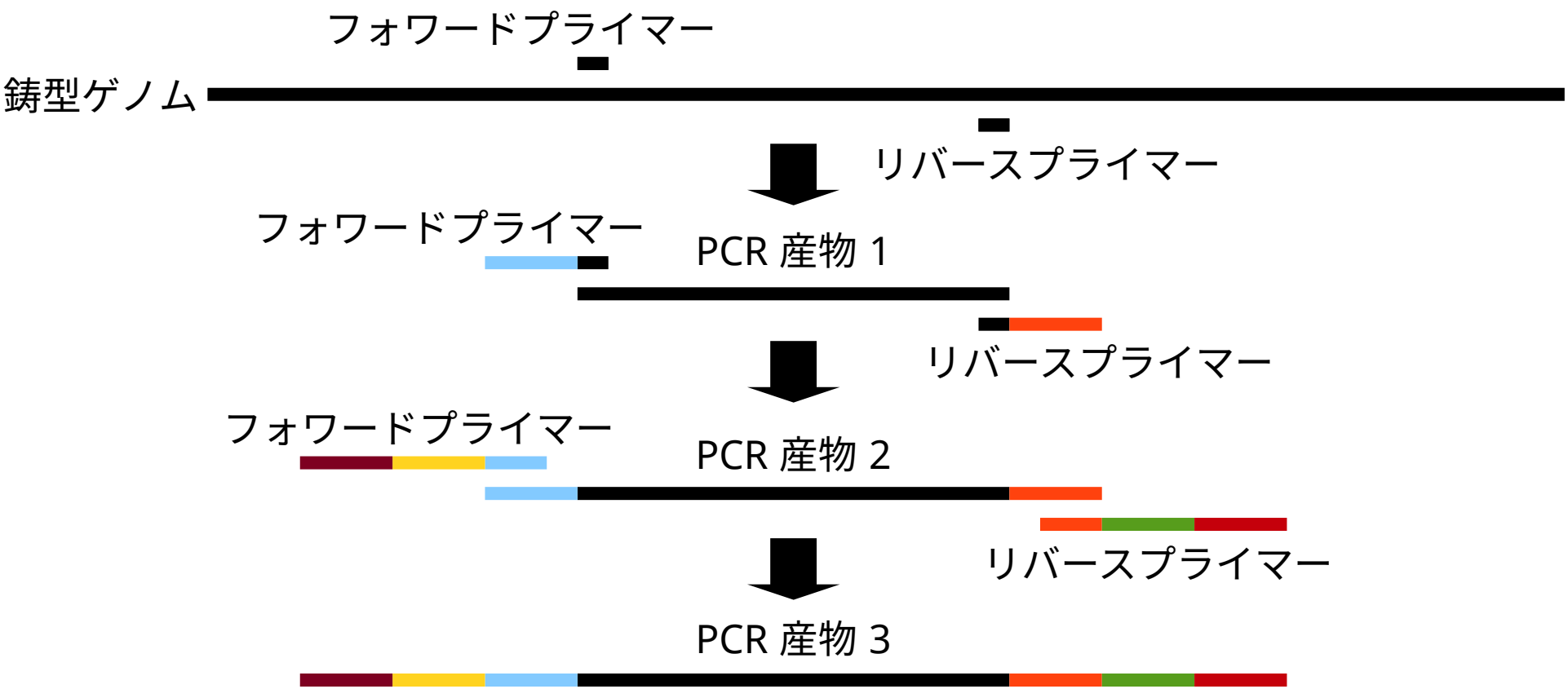
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

イルミナ社 HTS 用デュアルインデックスライブラリの作成



インデックスプライマーを別の領域の解読に使いまわすことができる

12+8 種類のインデックスで 96 サンプル識別できる

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

Taxonomic assignment の方法

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

Taxonomic assignment の方法

- 系統樹に基づく方法
  - pplacer (Matsen et al. 2010) 最尤法
  - RAxML-EPA (Berger et al. 2011a) 最尤法
  - PaPaRa (Berger et al. 2011b) 最節約法

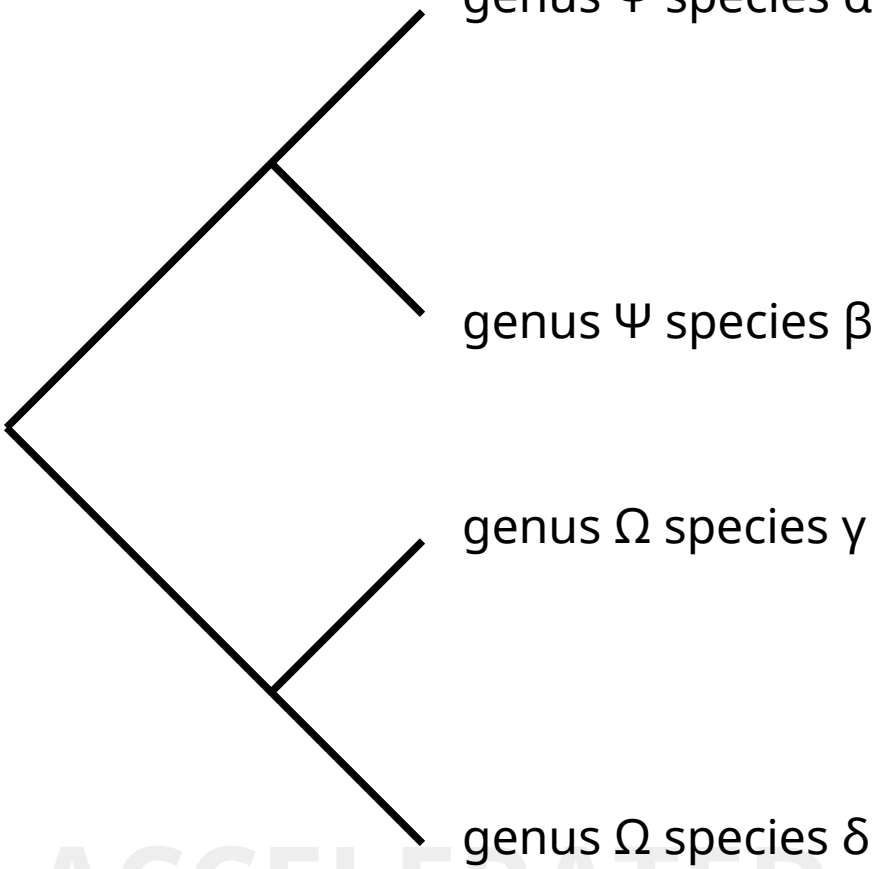
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

Taxonomic assignment の方法

- 系統樹に基づく方法
  - pplacer (Matsen et al. 2010) 最尤法
  - RAxML-EPA (Berger et al. 2011a) 最尤法
  - PaPaRa (Berger et al. 2011b) 最節約法
- 配列の類似度に基づく方法
  - QCauto method (Tanabe and Toju 2013)

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

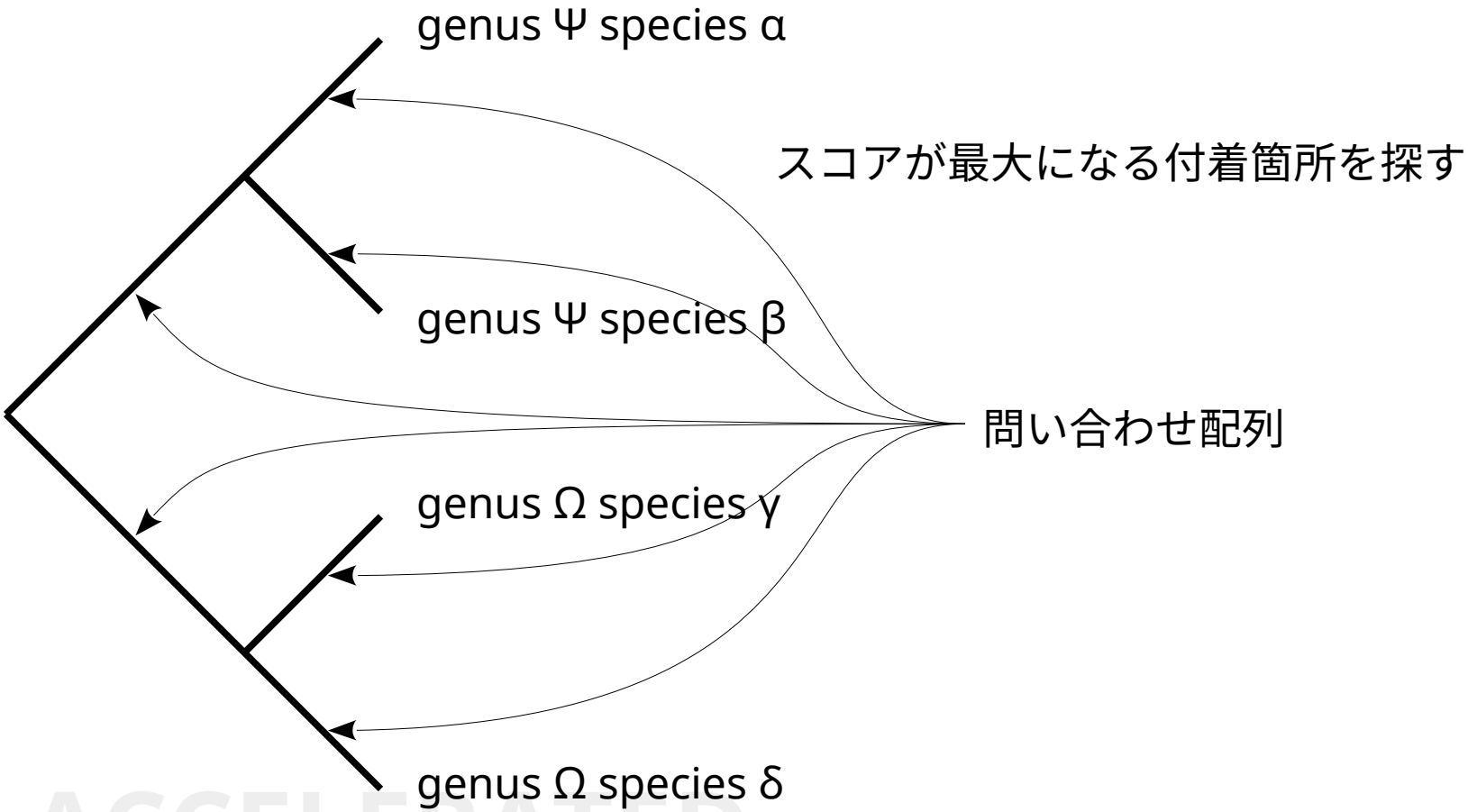
系統樹に基づく方法



問い合わせ配列

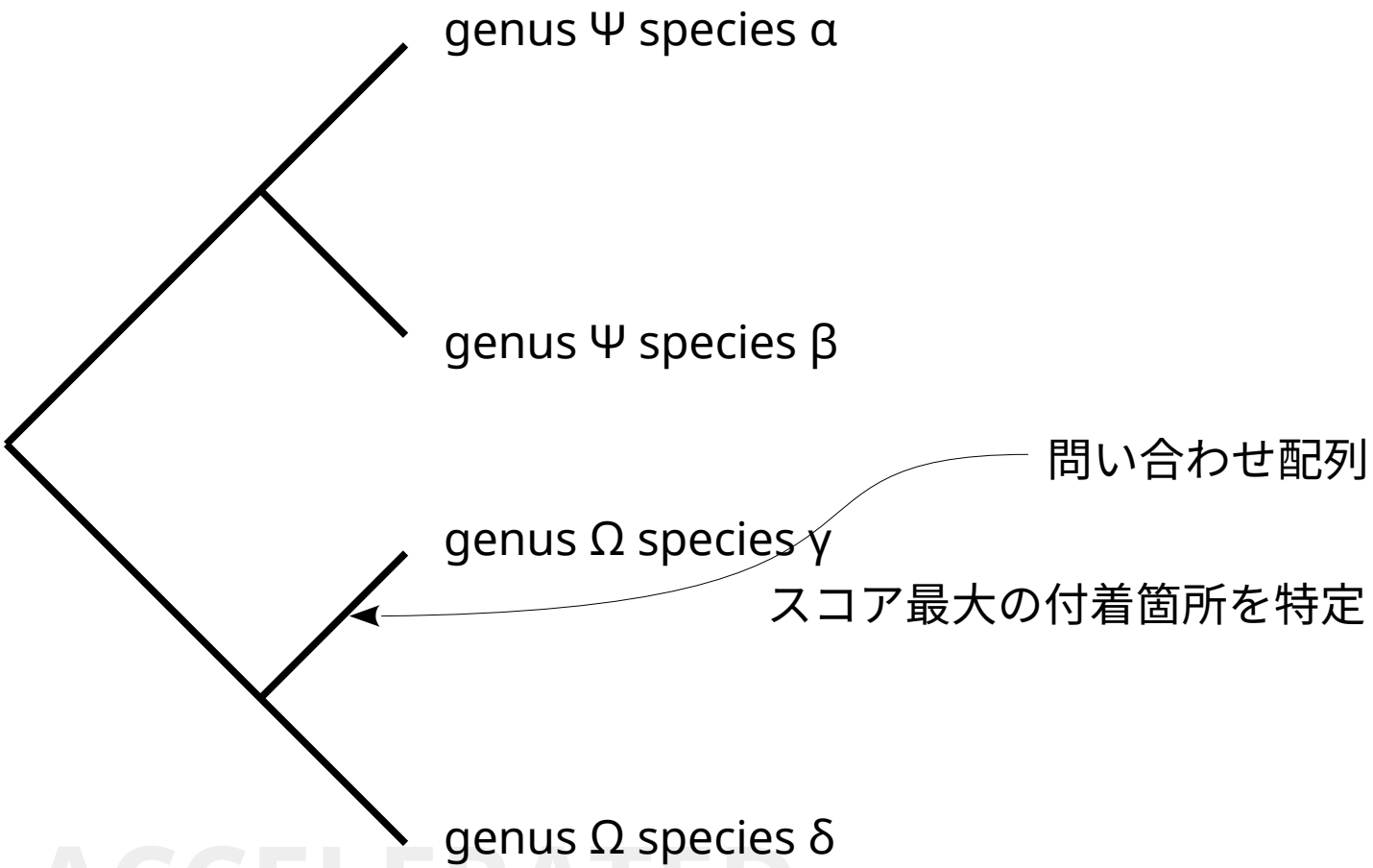
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法



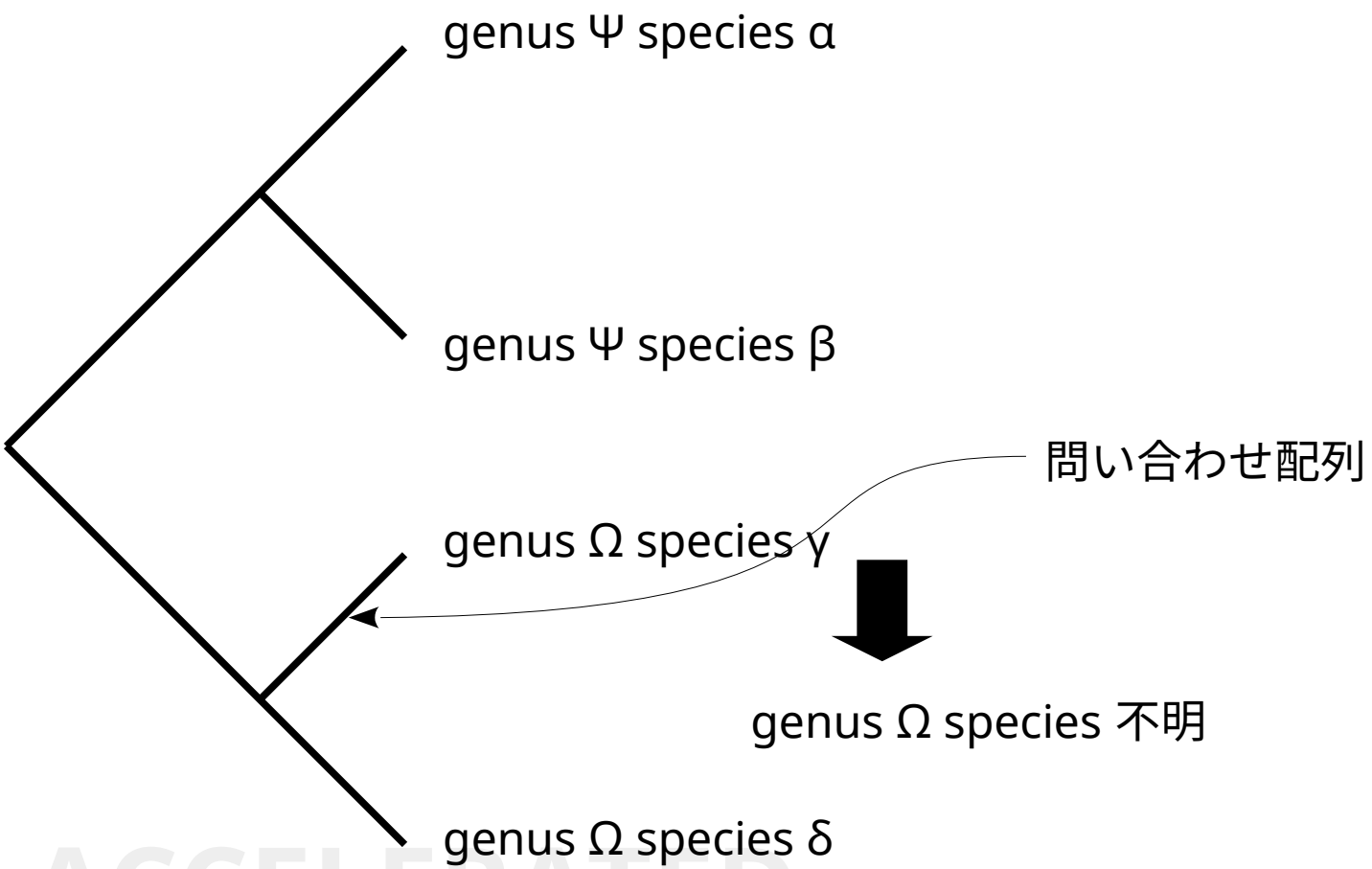
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**
- 既知系統樹が**必要**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**
- 既知系統樹が**必要**
- **上記が満たされていれば**どの遺伝子座でも適用可能

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**
- 既知系統樹が**必要**
- **上記が満たされていれば**どの遺伝子座でも適用可能
- **上記が満たされていれば**どの分類群にも適用可能

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**
- 既知系統樹が**必要**
- **上記が満たされていれば**どの遺伝子座でも適用可能
- **上記が満たされていれば**どの分類群にも適用可能
- 現実的な時間で計算可能

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**
- 既知系統樹が**必要**
- **上記が満たされていれば**どの遺伝子座でも適用可能
- **上記が満たされていれば**どの分類群にも適用可能
- 現実的な時間で計算可能
- 生物学的背景がある

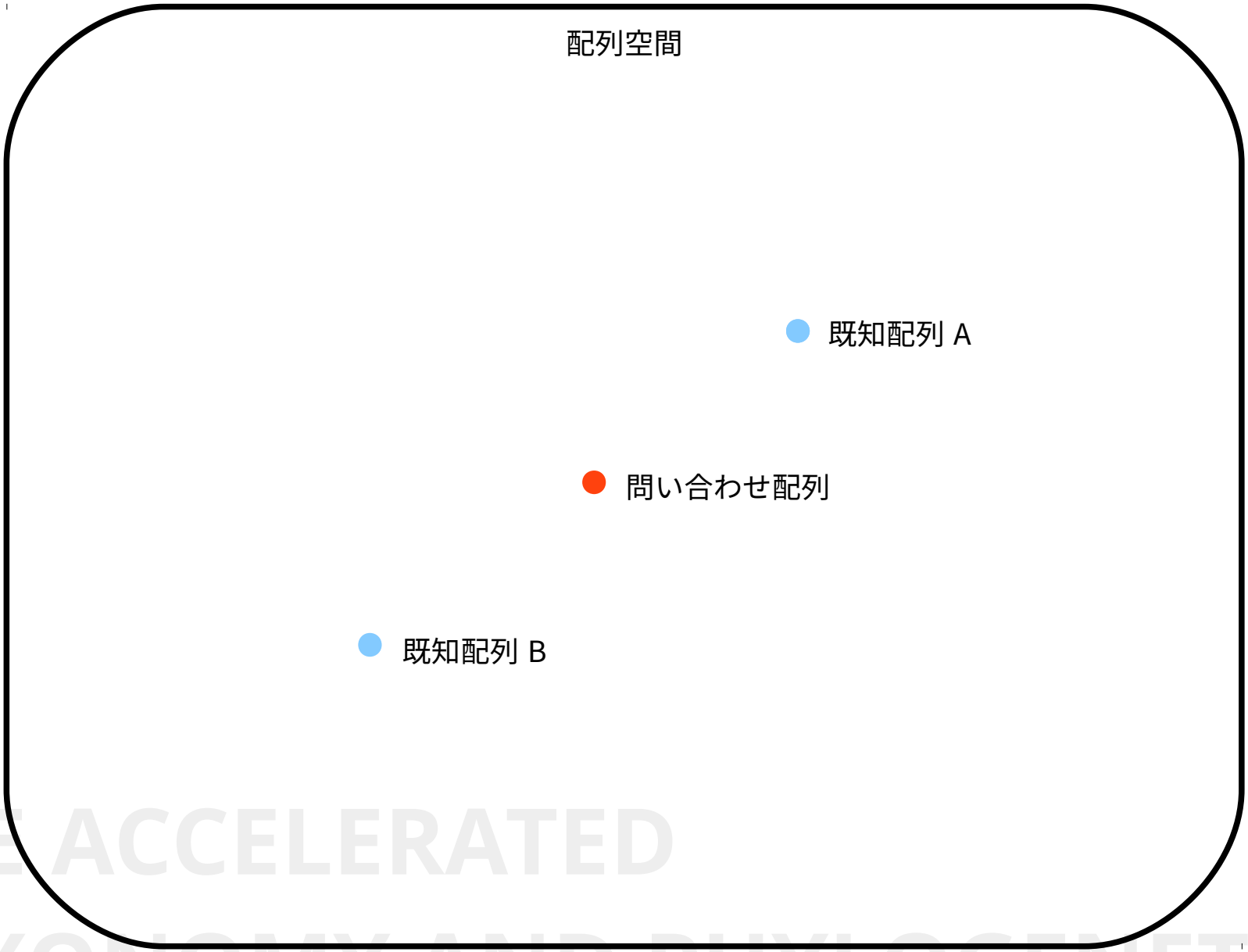
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統樹に基づく方法の特徴

- 多重整列が**必要**
- 既知系統樹が**必要**
- **上記が満たされていれば**どの遺伝子座でも適用可能
- **上記が満たされていれば**どの分類群にも適用可能
- 現実的な時間で計算可能
- 生物学的背景がある
- **「既知の綱の未知の目」といった答えを正しく出す**

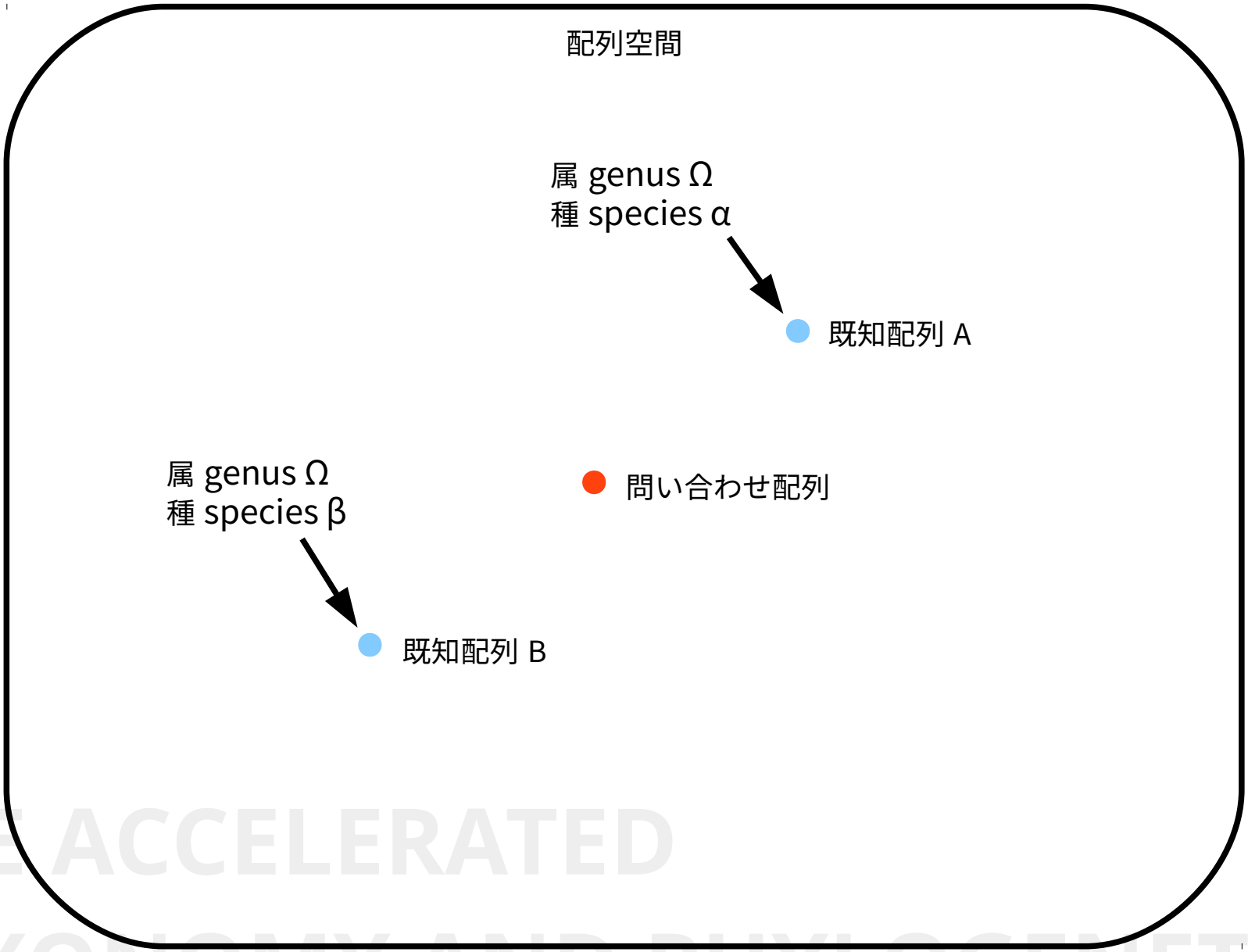
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法による分子同定のイメージ



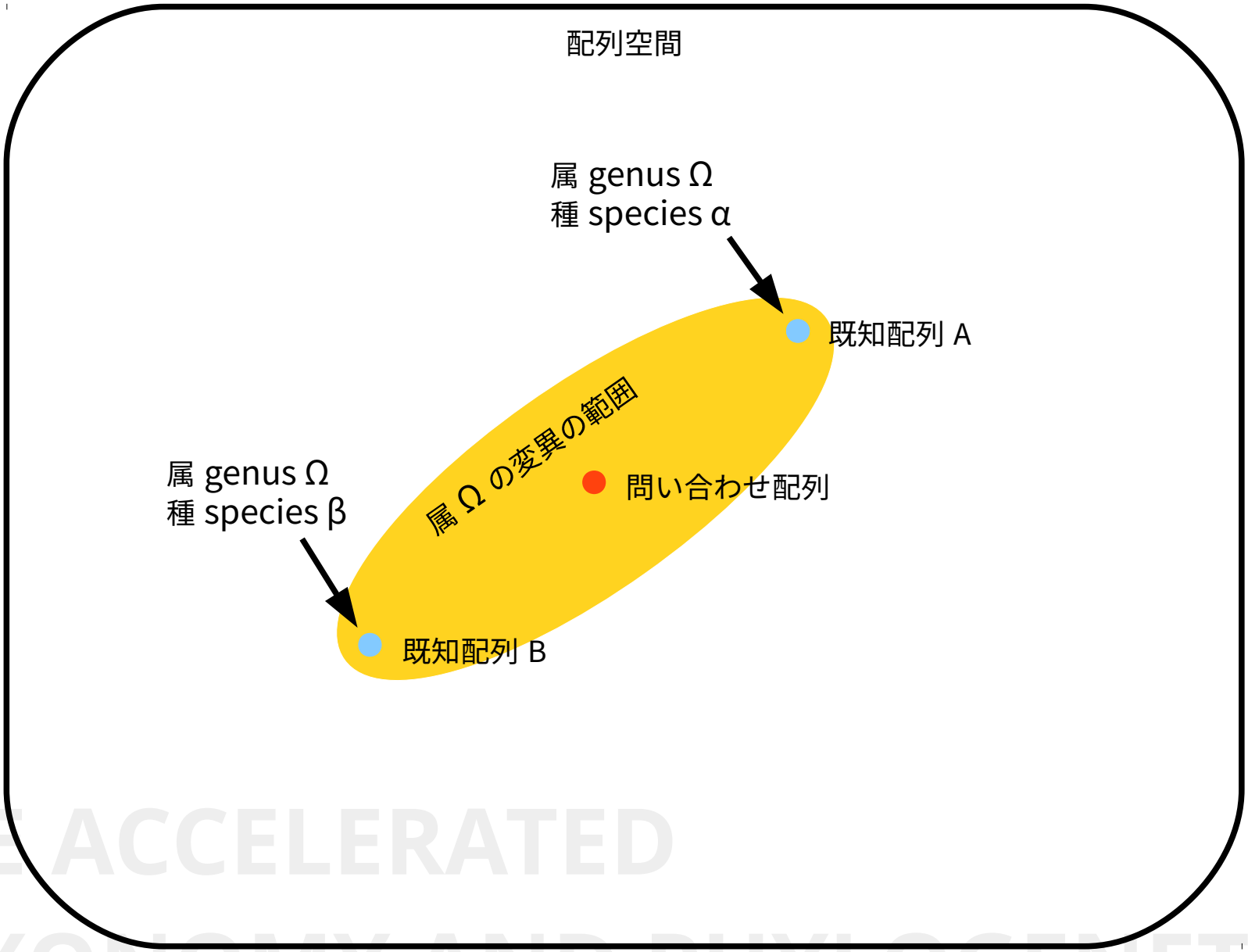
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法による分子同定のイメージ



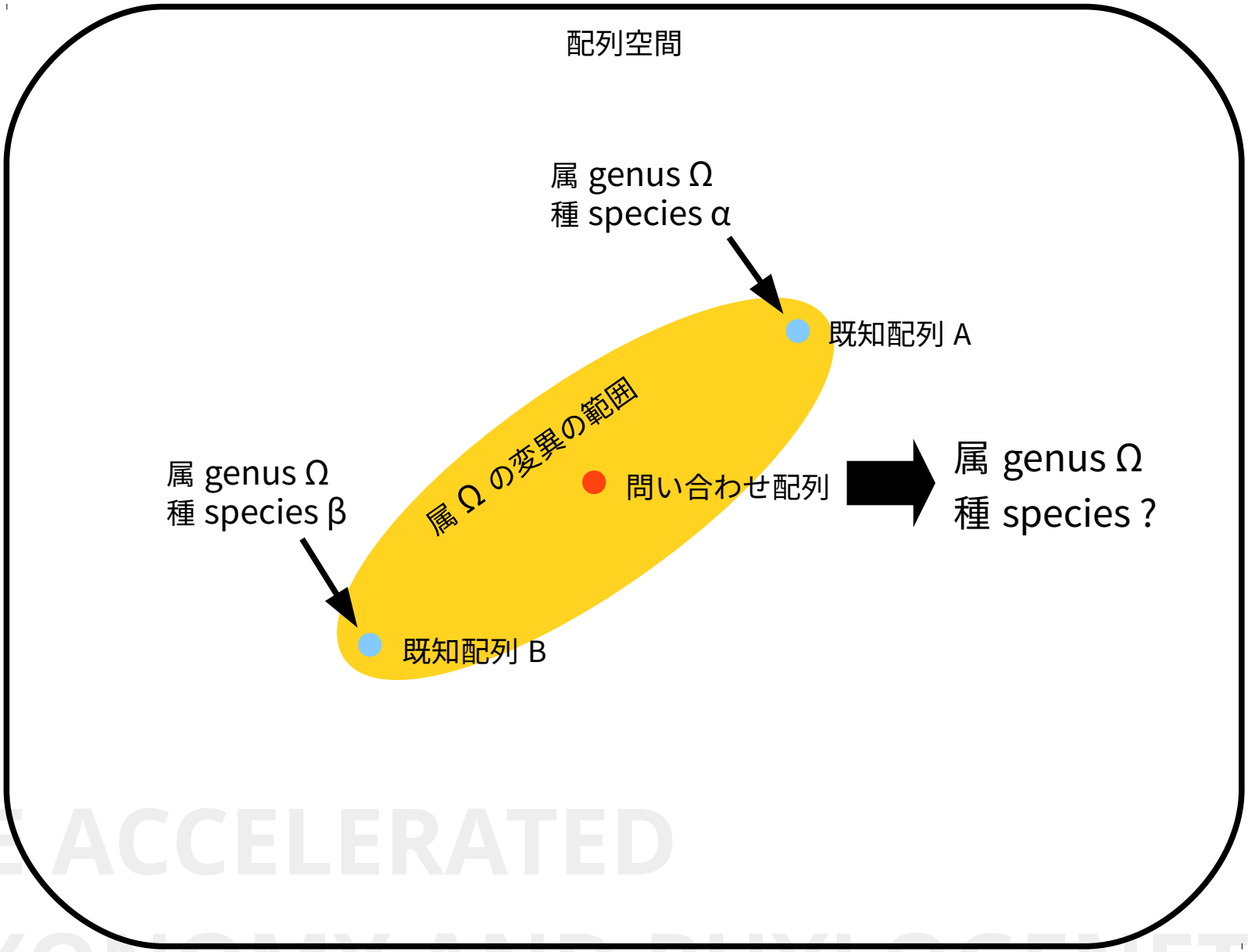
THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法による分子同定のイメージ



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法による分子同定のイメージ



THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

- 多重整列が**不要**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

- 多重整列が**不要**
- 既知系統樹が**不要**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

- 多重整列が**不要**
- 既知系統樹が**不要**
- **どの遺伝子座でも適用可能**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

- 多重整列が**不要**
- 既知系統樹が**不要**
- **どの遺伝子座でも適用可能**
- **どの分類群にも適用可能**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

- 多重整列が**不要**
- 既知系統樹が**不要**
- **どの遺伝子座でも適用可能**
- **どの分類群にも適用可能**
- 現実的な時間で計算可能

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

- 多重整列が**不要**
- 既知系統樹が**不要**
- **どの遺伝子座でも適用可能**
- **どの分類群にも適用可能**
- 現実的な時間で計算可能
- 生物学的背景がある

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

QCauto 法の特徴

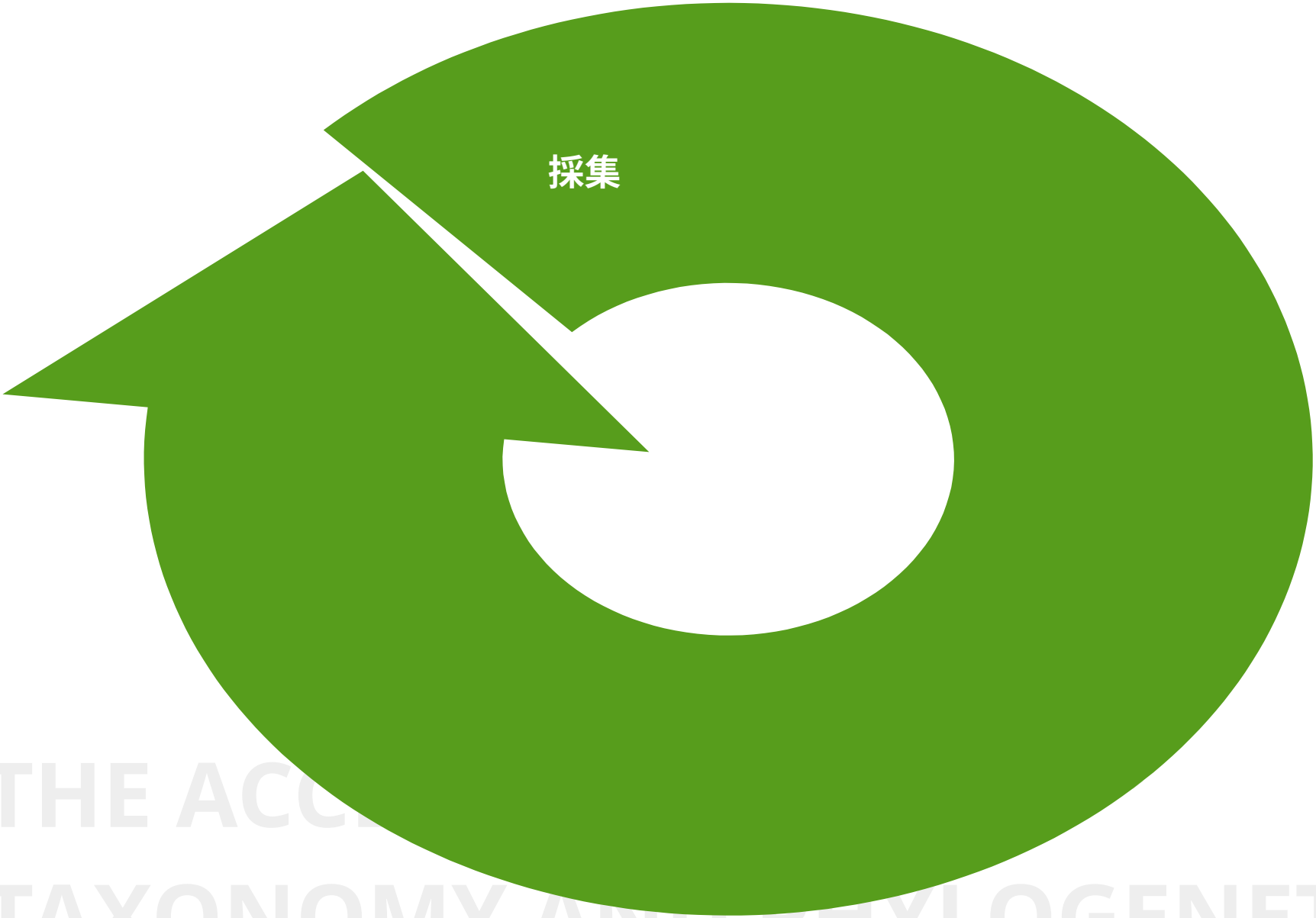
- 多重整列が**不要**
- 既知系統樹が**不要**
- **どの遺伝子座でも適用可能**
- **どの分類群にも適用可能**
- 現実的な時間で計算可能
- 生物学的背景がある
- **「既知の綱の未知の目」といった答えを正しく出す**

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル

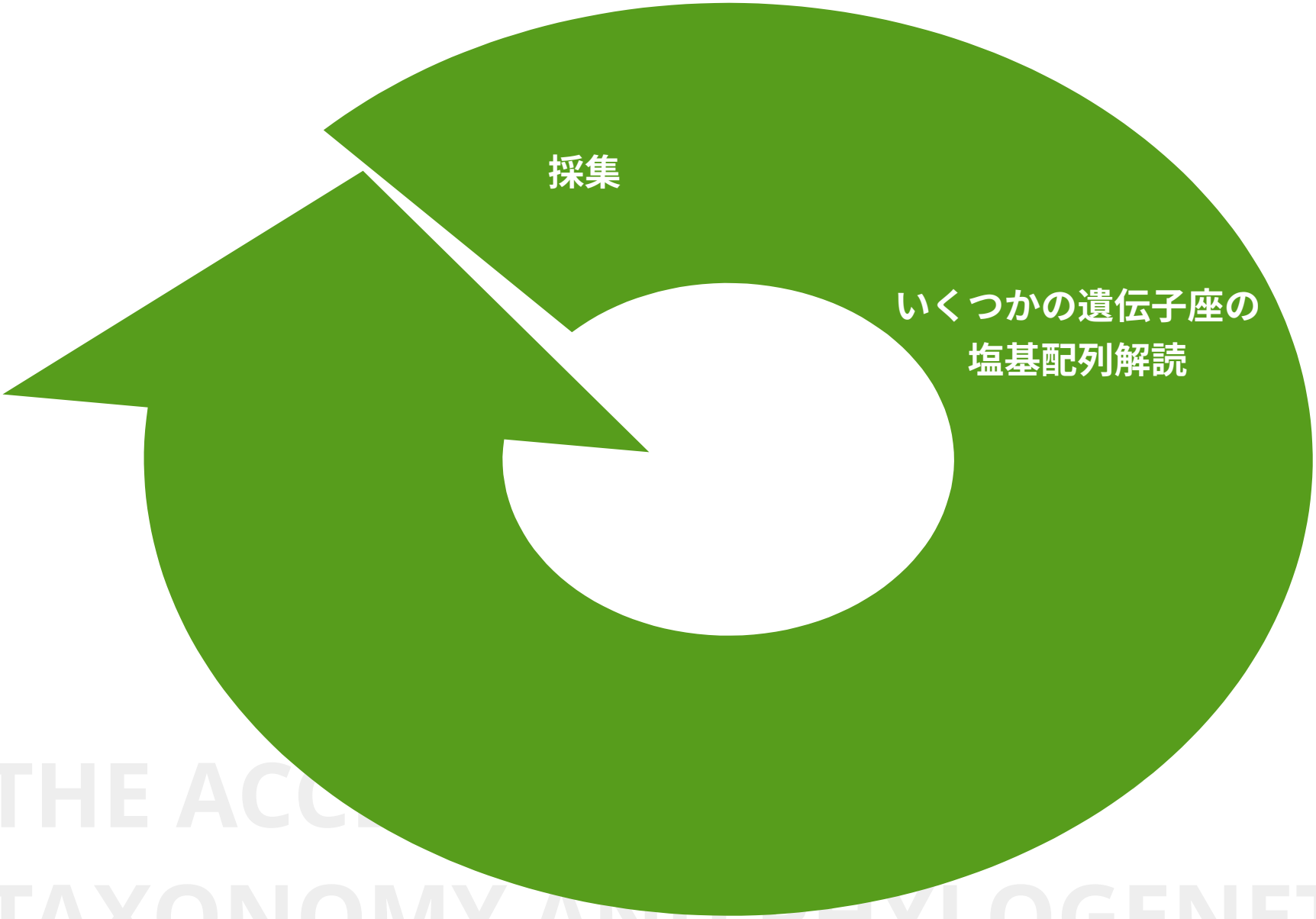
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



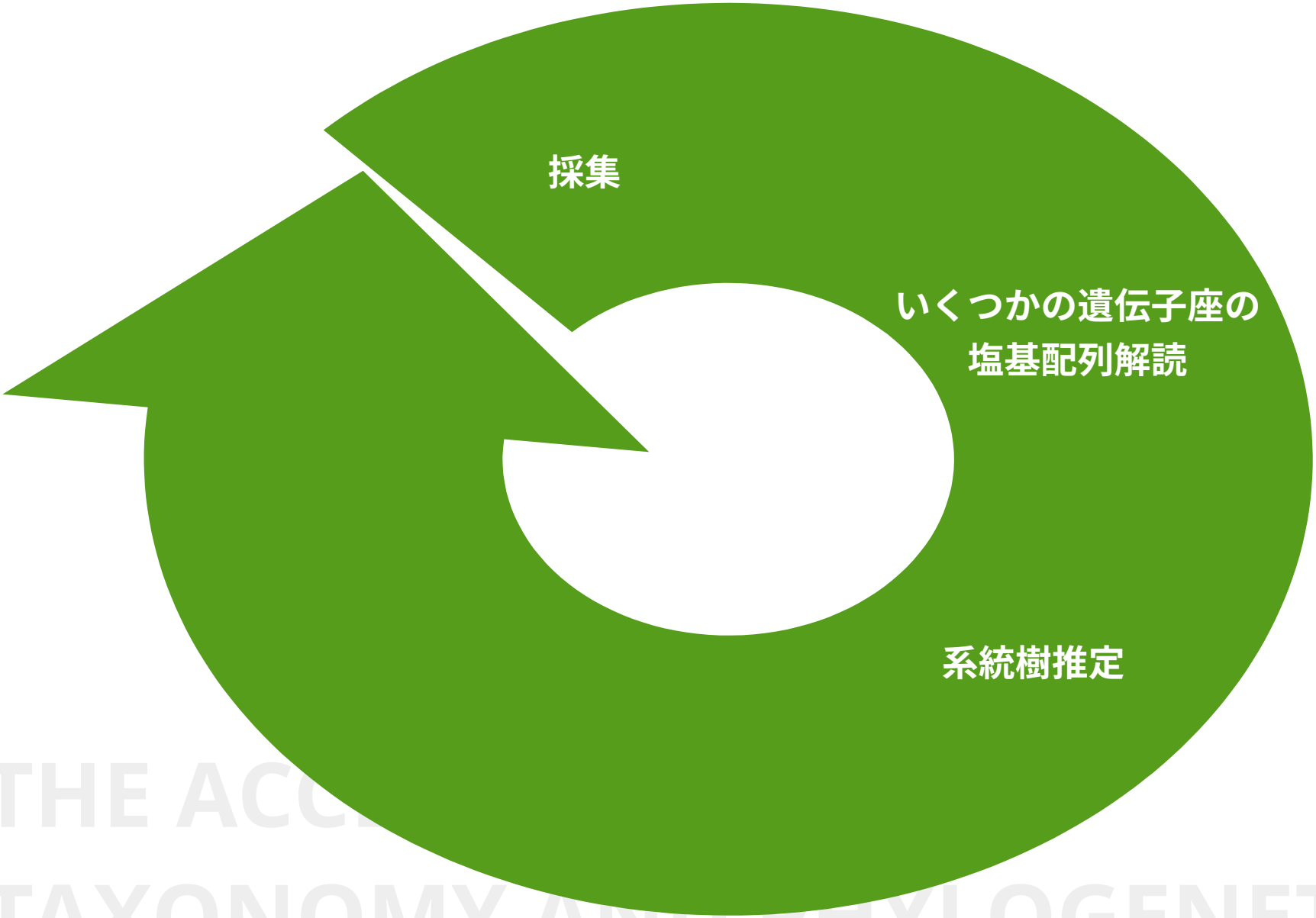
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



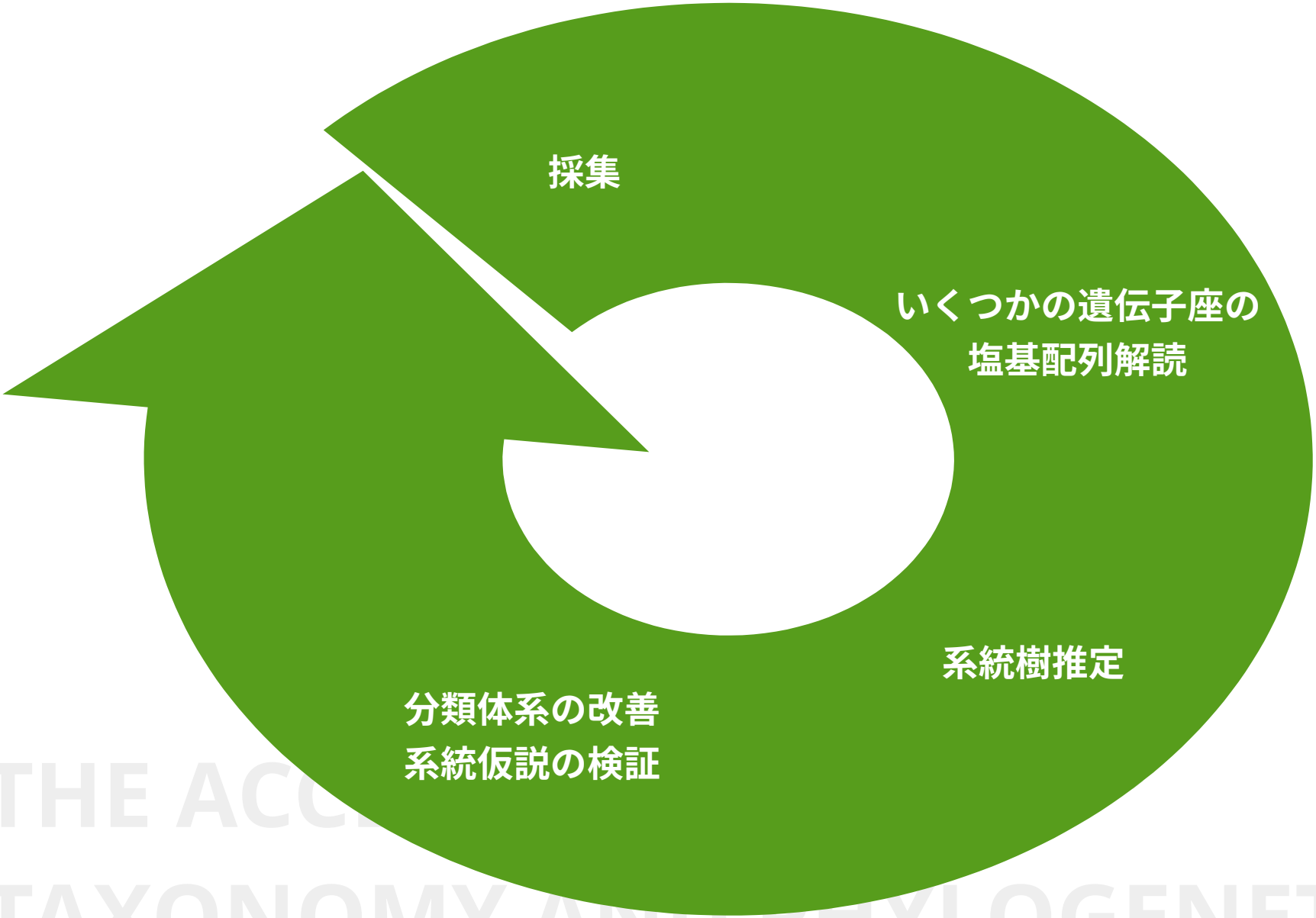
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



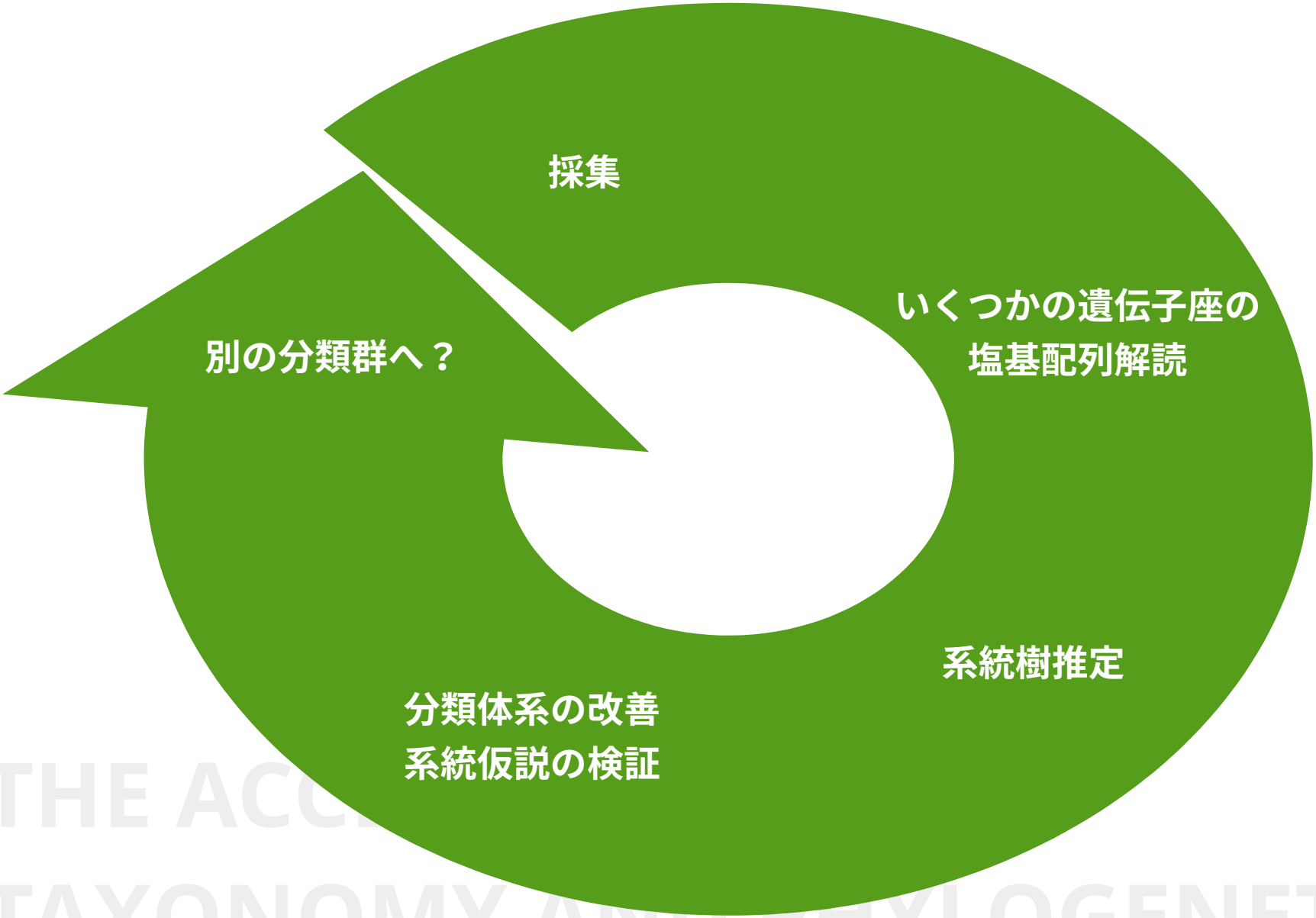
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



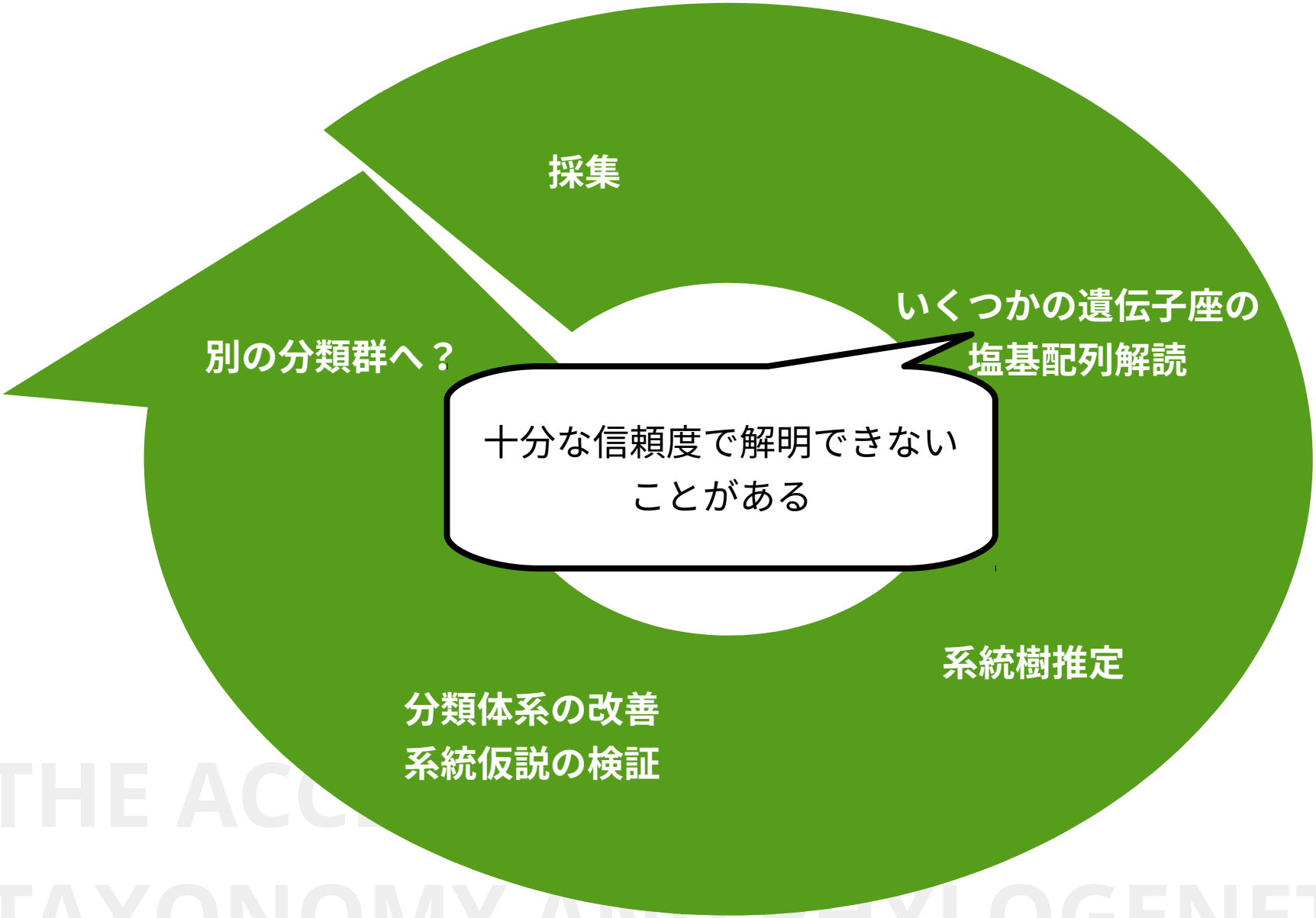
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



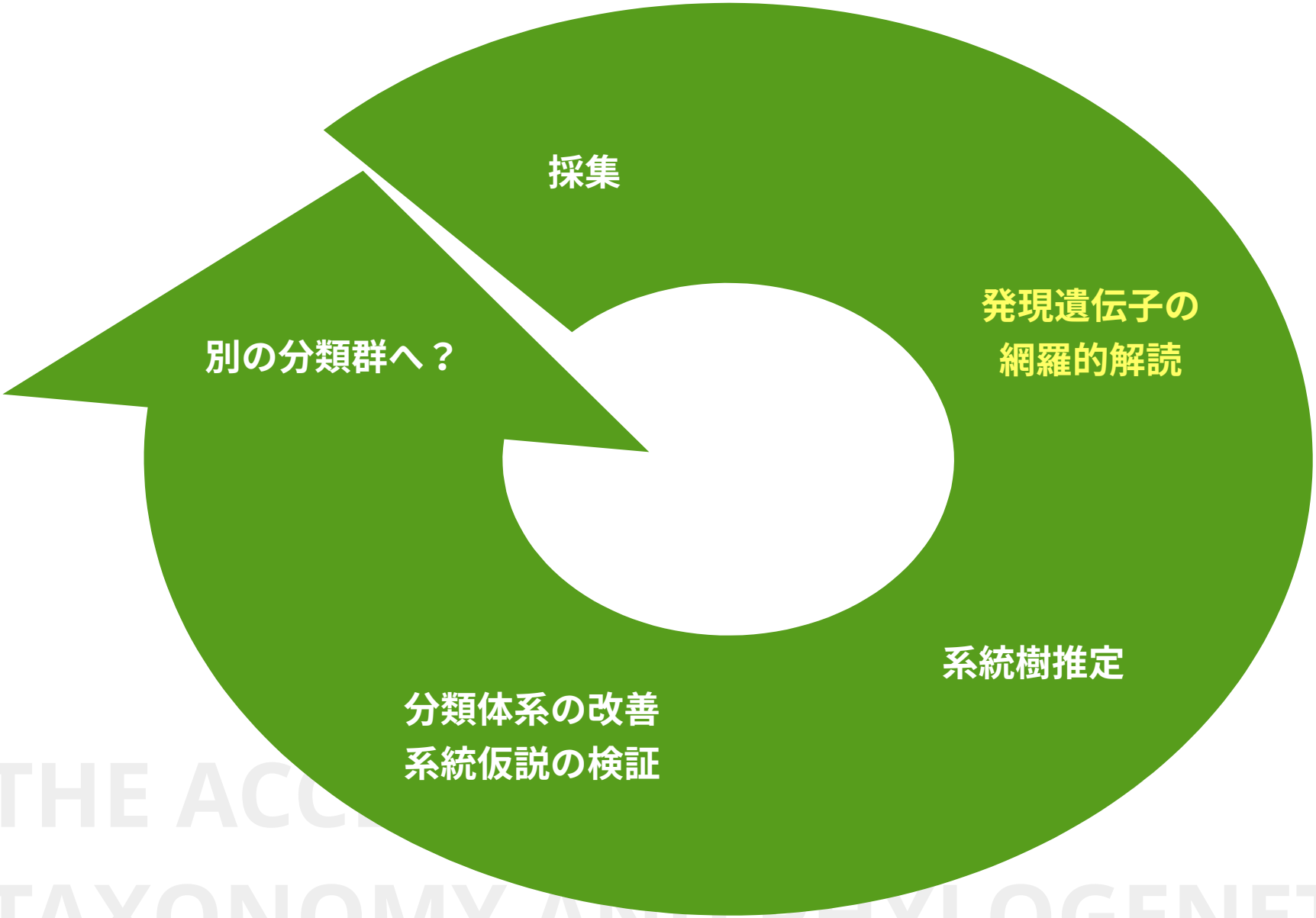
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



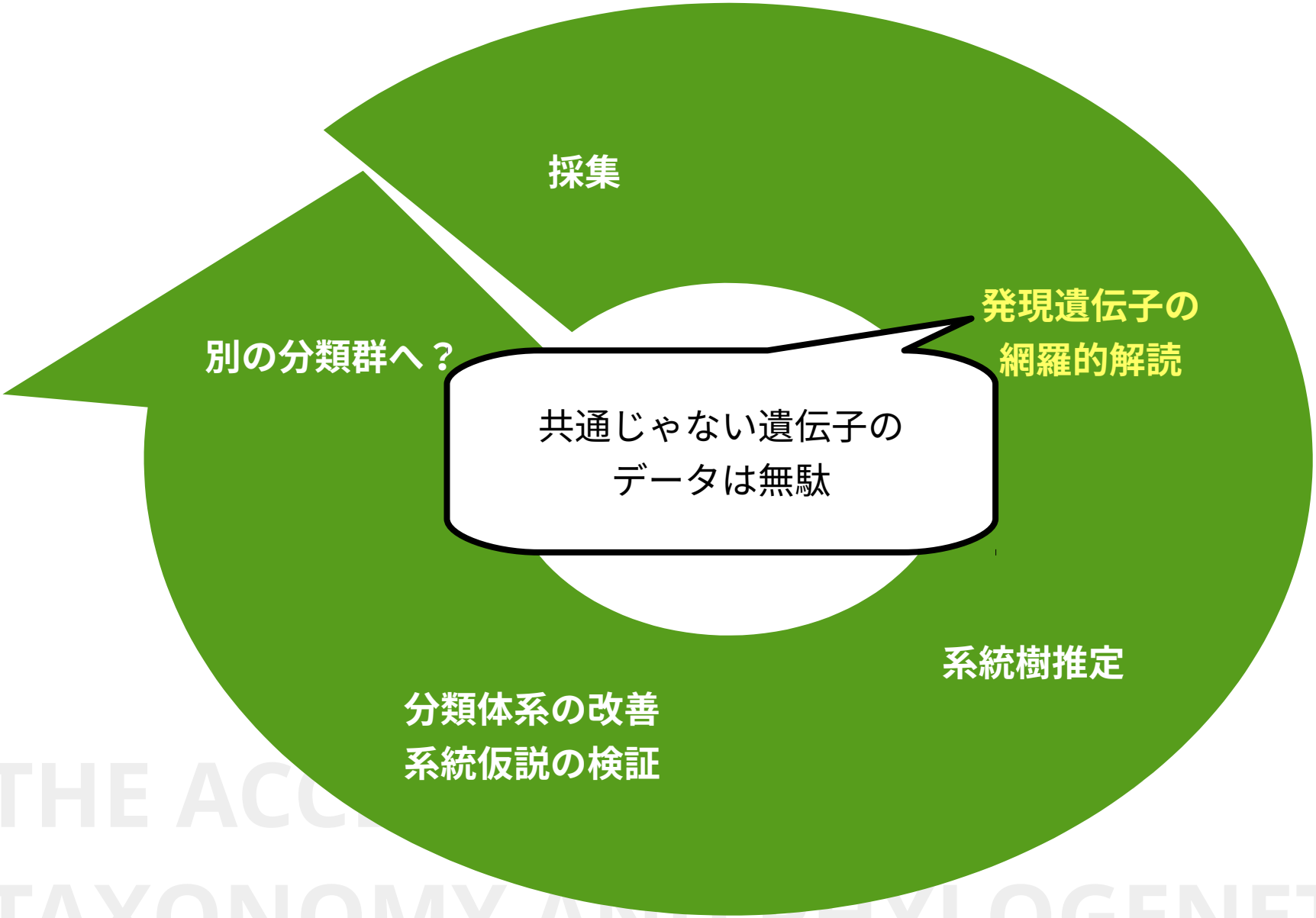
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



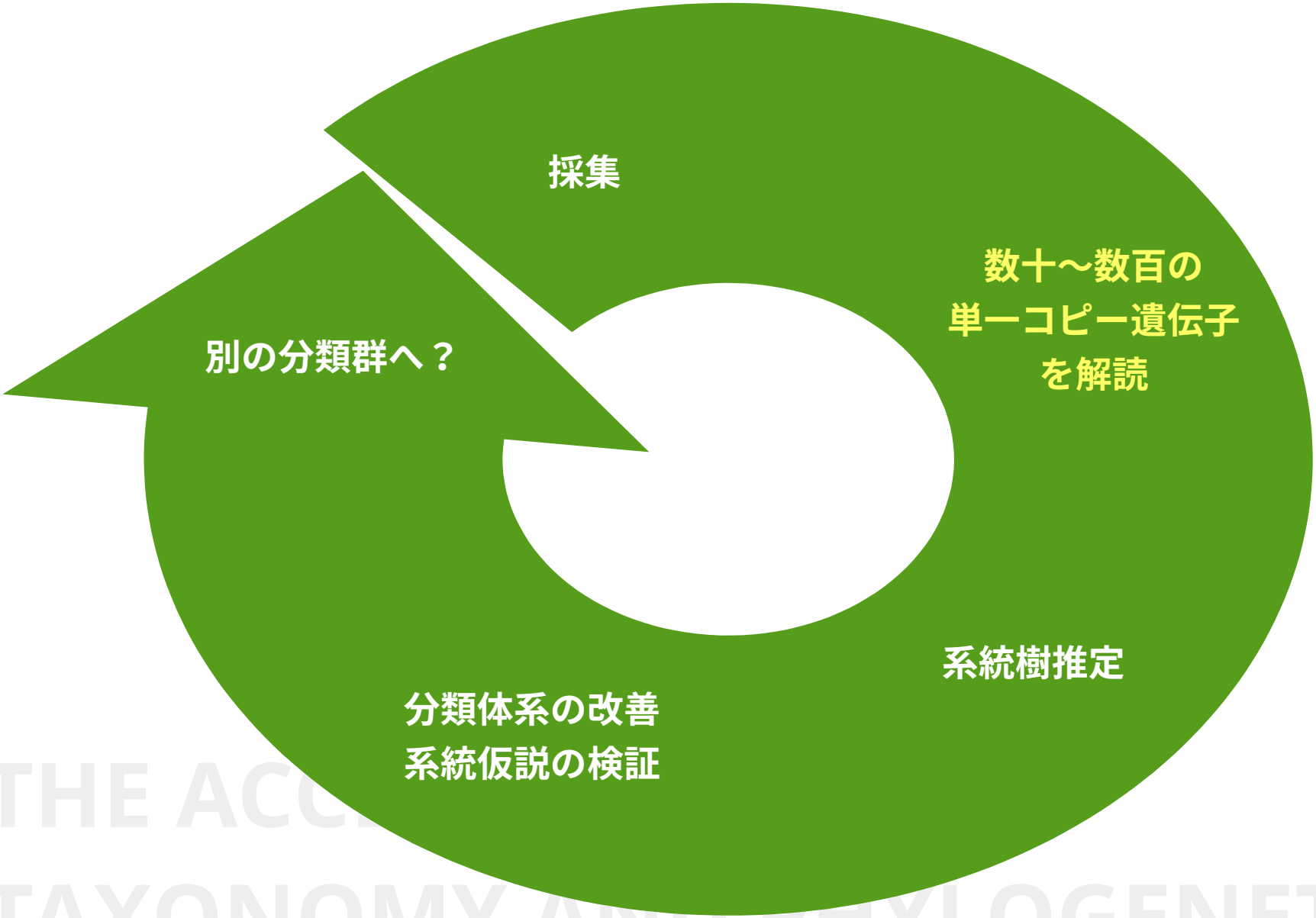
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



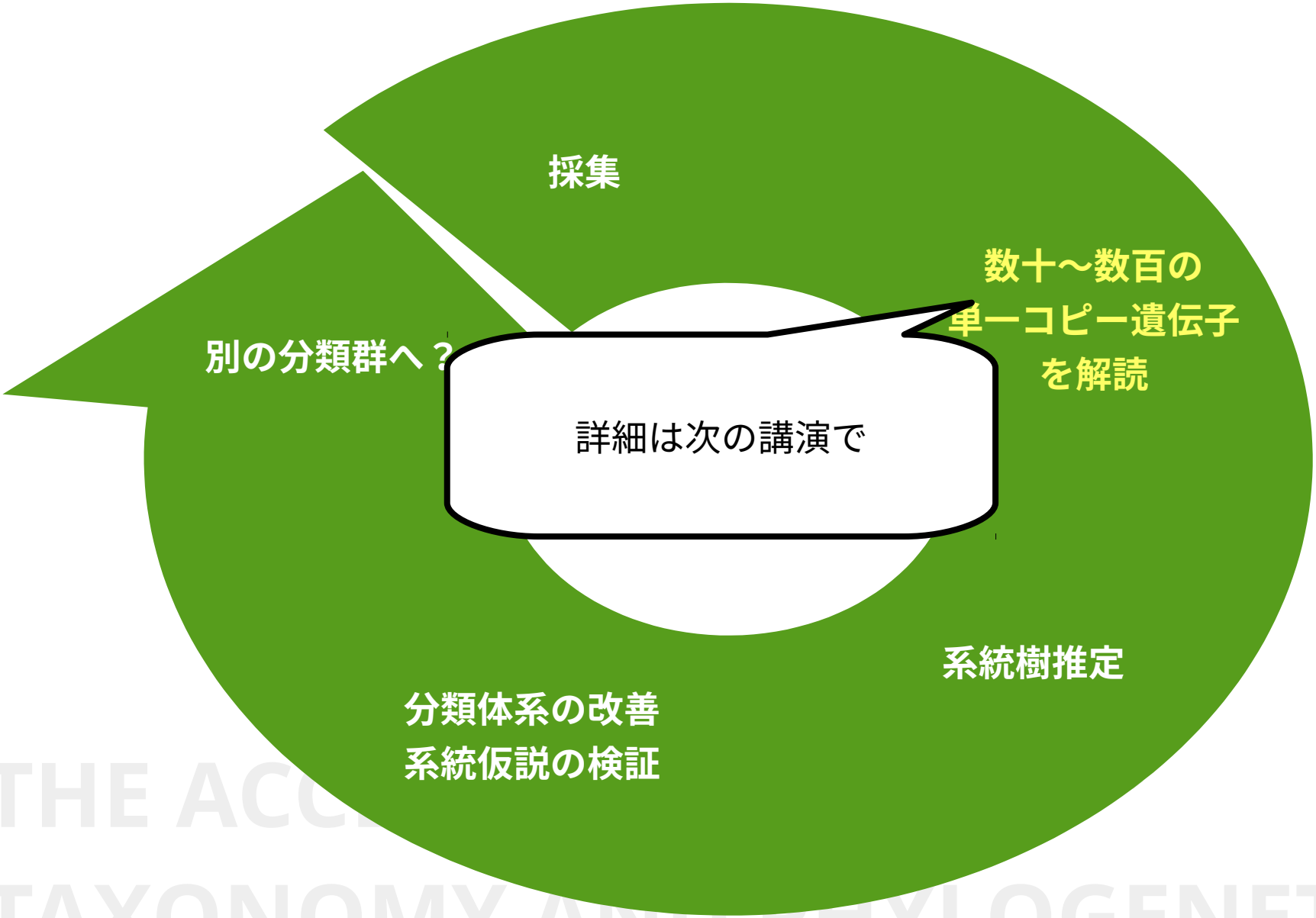
THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

系統学における研究サイクル



THE ACC
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して PCR (Bio-Rad, RainDance など)

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して PCR (Bio-Rad, RainDance など)
- ロングアンプリコンシーケンス

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して PCR (Bio-Rad, RainDance など)
- ロングアンプリコンシーケンス
  - SSU/LSU rRNA 全長などが解読可能 (Oxford Nanopore, PacBio, 10xGenomics)

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して PCR (Bio-Rad, RainDance など)
- ロングアンプリコンシーケンス
  - SSU/LSU rRNA 全長などが解読可能 (Oxford Nanopore, PacBio, 10xGenomics)
    - より低レベルの分類階層まで同定しやすく

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して PCR (Bio-Rad, RainDance など)
- ロングアンプリコンシーケンス
  - SSU/LSU rRNA 全長などが解読可能 (Oxford Nanopore, PacBio, 10xGenomics)
    - より低レベルの分類階層まで同定しやすく
- メタ rRNA シーケンス

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

今後注目の技術

- 微小液滴技術 (Micro-droplet technology)
  - 細胞を単離してシーケンス (10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して合成ロングリードシーケンス (Moleculo, 10xGenomics)
  - DNA 分子を単離して PCR (Bio-Rad, RainDance など)
- ロングアンプリコンシーケンス
  - SSU/LSU rRNA 全長などが解読可能 (Oxford Nanopore, PacBio, 10xGenomics)
    - より低レベルの分類階層まで同定しやすく
- メタ rRNA シーケンス
  - ユニバーサルプライマーで増幅できない生物を発見可能に

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS

まとめ

- メタバーコーディングで高速に新種候補をスクリーニングできる
- メタバーコーディングデータの解析は Claident
- メタゲノムと環境 DNA は適した抽出法が異なる
- イルミナ社 HTS 用ライブラリの構造に注意
- Taxonomic assignment は系統樹に基づく方法か QCauto 法を推奨
- 高次系統関係の推定には RNA-seq より単一コピー遺伝子を狙って読む
- 今後は微小液滴技術・ロングアンプリコンシーケンス・メタ rRNA シーケンスに期待

THE ACCELERATED
TAXONOMY AND PHYLOGENETICS