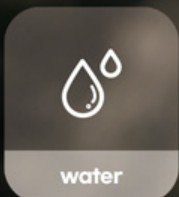
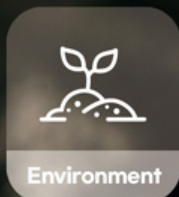


바이오팩트의 Metagenome 분석을 소개합니다!

샘플 내 미생물의 분류, 계통, 다양성을 포함한 군집 정보를 알기 쉽게 제공합니다.



Metagenome (NGS) Sequencing Service



BIOFACT
BIOFACTORY

본 사 | 34028 대전광역시 유성구 테크노8로 70 (용산동537) 대표번호 1670-5695 Tel. 042-867-5695
서울지사 | 04788 서울특별시 성동구 광나루로 130 서울숲 IT캐슬 1008호 Tel. 02-851-5695
www.bio-ft.com | info@bio-ft.com

Metagenome Sequencing Service

특정 환경에 존재하는 모든 생물체를 분석하는 연구 분야로서, 배양 없이 샘플에서 존재하는 모든 미생물의 유전자 정보를 NGS 분석 방법을 이용해 통합적으로 알아내는 분석 방법

- Amplicon (16S/18S rRNA, ITS, Customized) Metagenome Sequencing

환경 샘플에서 PCR 방법으로 다양한 미생물이 섞여있는 샘플에 어떤 미생물이 존재하는지, 그리고 그 상대적인 양은 얼마인지 분석이 가능한 방법

- Taxonomic profiling
- Comparison analysis of microbial community
- Diversity statistics (alpha-, beta- diversity)
- OTU (Operational Taxonomic Unit) 클러스터링, 분석
- ASV (Amplified Sequence Variant) 분석

Sample Requirements

- Amount ≥ 200 ng
- Volume ≥ 20 μ l Prediction genomic region
- Concentration ≥ 10 ng / μ l
- OD_{260/280} ratio 1.8 ~ 2.0

- Shotgun Metagenome Sequencing

환경 샘플에서 추출한 DNA를 무작위로 쪼개서 작은 조각을 시퀀싱하여 미생물의 종 구성, 유전자 기능 및 대사경로를 연구하는 방식의 분석 방법

- Remove host sequences
- Metagenome assembled genomes
- Prediction genomic region
- Gene annotation & ARG, MGE, resistome
- Taxonomy assign

Sample Requirements

- Amount ≥ 2 μ g
- Volume ≥ 20 μ l Prediction genomic region
- Concentration ≥ 100 ng / μ l
- OD_{260/280} ratio 1.8 ~ 2.0

Workflow

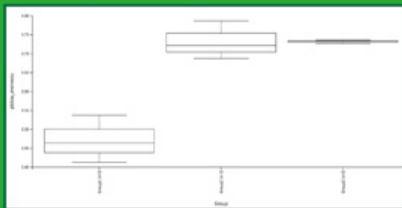
Sample Preparation

QC & Library Construct

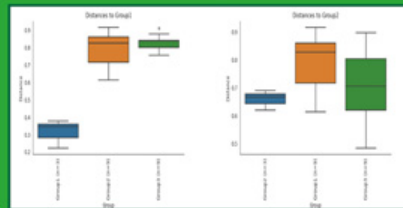
DNA Sequencing

Bioinformatics Analysis

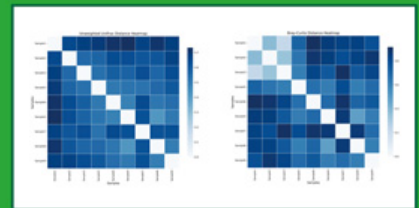
< Example. Analysis Data >



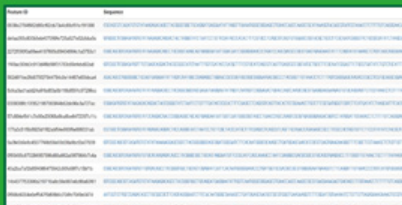
Alpha Diversity



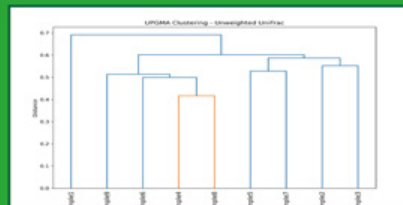
Beta Diversity



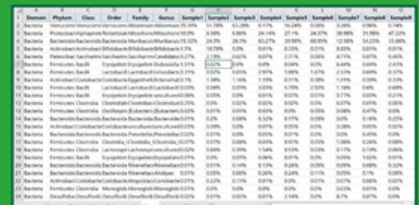
Heatmap



Sequence Table



Phylogenetic Tree



Taxonomy analysis

NGS Instrument - PacBio, Oxford Nanopore Technologies (ONT), Illumina

Other NGS Bioinformatics Service

- Whole genome sequencing
- Whole exome sequencing (Human, Animal)
- Korean Chip.v2
- DTC Service
- RNA sequencing
- Small RNA sequencing (miRNA)
- Epigenome
- SNP/SSR/INDEL