



MTP

Microbiome Taxonomic Profiling

マイクロバイオーム
プロファイリングソフトウェア
(16S rRNA菌叢解析)



✓CJ Bioscience社独自のデータベースで
精度の高い種の識別が可能

✓初めてでも簡単に操作でき、
多彩なグラフ化や菌種の詳細が閲覧できます。

フィルジェン株式会社

数回クリックするだけで 分類学的および機能的バイオマーカーを発見

MTPは微生物群集プロファイリングのための Webベースのアプリケーションです

微生物叢分析またはメタゲノム分析は、環境中にどのような微生物種が存在するかを特徴付けるためや試料中のそれらの相対存在量を測定するために使用されます。16SrRNA遺伝子の次世代シーケンスは、細菌集団を客観的に調査し、その構成要素の相対的な存在量を測定することができる最も標準的な解析です。

EzBioCloudでのMTP(Microbiome Taxonomic Profiling)分析は、CJ Bioscience社の広範囲・精査済み・分類学的に検証済みのデータベースを使用します。同社のアルゴリズムやデータベースにより簡単にそして最も正確にサンプルを特徴づけること、種レベルまで下げそれらと比較することに最適化させています。また、16S遺伝子コピー数に関するCJ Bioscience社のアルゴリズムは正確な存在量の推定値を得るために解析結果を補正および正規化することができます。

厳選されたデータを採用し頻繁に更新されるゲノムデータベースを使うことで16Sデータからの機能的バイオマーカー予測をより正確にします。

Workflow



Upload raw data as FASTQ

Single MTP Browser

MTP Set Browser

Comparative
MTP Analyzer

ファイルのインポートだけで簡単解析-バイオインフォマティクスのスキルがなくてもOK!

	一次分析	二次分析
分析モジュール	Single Microbiome Taxonomic Profiling(MTP) Browser	MTP Set Browser and Comparative Analyzer
目的	単一のマイクロバイオームサンプルの分類学的説明	単一もしくは複数グループのMTPセットの比較
詳細	<ul style="list-style-type: none"> ・アルファ多様性 統計 ・タグ付けによるデータ組織化 ・門から種までの分類結果の閲覧 ・腸内微生物叢分類群の閲覧 ・分類構成のインタラクティブな可視化 箱ひげ図、Kronaチャート、円棒グラフなど ・ATCC®/ZymoBIOMICS®を含む マイクロバイオームスタンダードとの比較 	<ul style="list-style-type: none"> ・グループの分類構成を比較する ・アルファ、ベータ多様性グループ比較 ・PERMANOVA testを使用した ベータグループ有意性解析 ・分類学的バイオマーカー発見 (LEfSe) ・機能的バイオマーカー発見 (PICRUST) ・Human Microbiome Project (HMP) データおよび他の公表データ (> 20,000) との 即時比較

主要なMTPサービス

- ✓最新かつ適格な分類法データベース、EzBioCloud
- ✓キメラフィルタリングと種レベル同定のための効果的な解析
- ✓種レベルの分類、バイオマーカーの発見
- ✓リードカウント正規化および16SrRNAコピー数補正
- ✓16SrRNAシーケンスによって出力された、illuminaやPacBio CCSデータ、その他FASTQ/FASTAファイルに対応
- ✓20,000以上の公共マイクロバイームデータとの比較
- ✓様々な16SrRNA領域データの互換性
- ✓10,000種以上のゲノムデータを用いた16rRNA分類プロファイルからの機能的予測

16S-based MTP	
Input data	FASTQ from 16SrRNA amplicon sequencing
分類タイプ	分類学および予測機能プロファイル
分類タイプ	門～種
分析時間	メーカーのサーバーにて 安全に高速解析

多くの研究者がマイクロバイーム研究および出版物のためにEzBioCloudツールを使用しています。以下のリストはEzBioCloudを使用した最新の科学論文の一部です。

Animal microbiome

Silvana T. Tapia-Paniagua et al.

Modulation of intestinal microbiota in *Solea senegalensis* fed low dietary level of *Ulva ohnoi*

Frontier in Microbiology

Human microbiome

LG Jang et al.

The combination of sport and sport-specific diet is associated with characteristics of gut microbiota: an observational study

Journal of the International Society of Sports Nutrition

Industrial microbes

NY Kim et al.

Formate-removing inoculum dominated by *Methanobacterium congolense* supports succinate production from crude glycerol fermentation

Journal of Industrial Microbiology & Biotechnology

柔軟なアルファ多様性解析

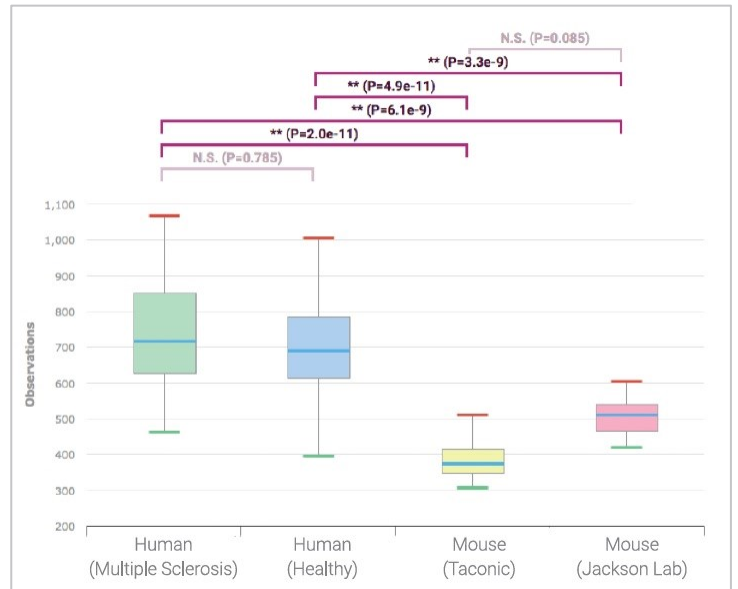
✓豊富な種の結果

(Observed species/OTUs、ACE
Chao1、Jack knife、
Rare fractionカーブ)

✓多様性指数

(Shannon's index、Non-parametric
Shannon's index、Simpson's index、
Phylogenetic Diversity(PD)index)

✓ライブラリーのカバレッジ



Example data>

系統多様性指数を計算し、4セットの微生物叢サンプルについて比較した。ペアワイス統計的有意性は、ウィルコクソン順位和検定を用いて計算した。N.S.=有意差無し

柔軟なベータ多様性解析

✓豊富なサンプル評価

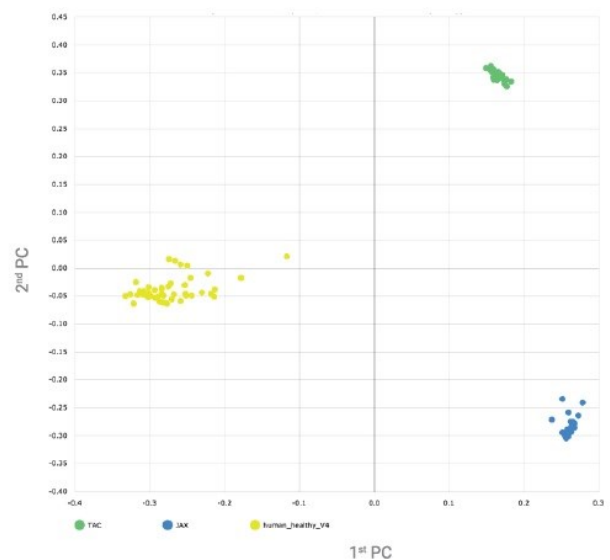
(UniFrac distance、Generalized UniFrac
distance、Bray-Curtis dissimilarity、
Jensen-Shannon divergence)

✓統計解析

(UPGMAクラスタリング、Principal
Coordinate Analysis(PCoA)、Beta set-
significance analysis)

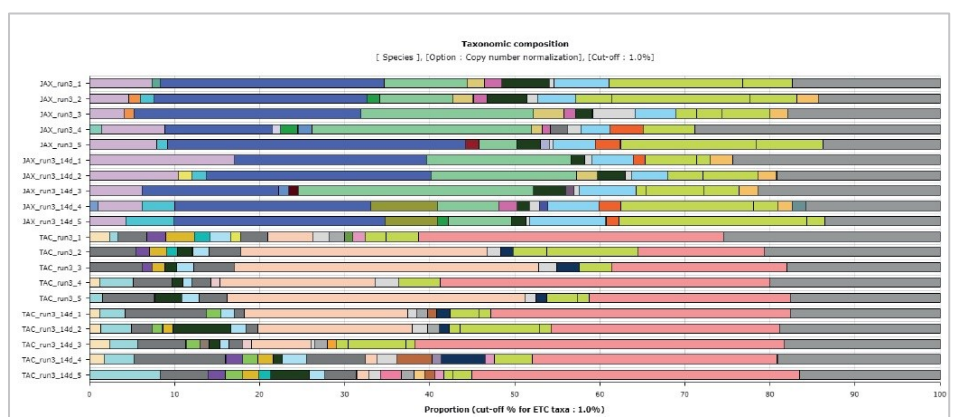
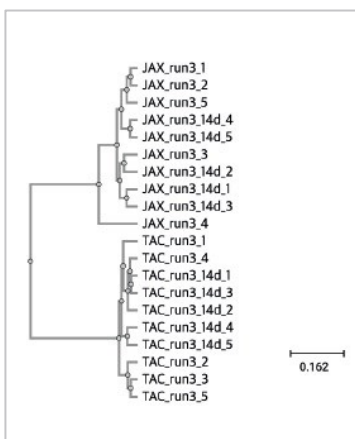
✓データの視覚化

(2D&3D Scatter plots、階層クラスタリング、
樹形図)



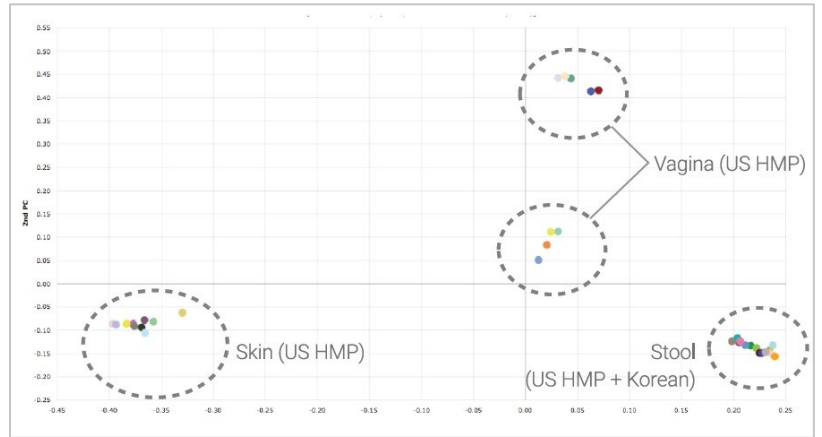
Example data> Jensen-Shannon divergenceを用いた
PCoAプロット、

ヒト (●) マウス (Jackson Lab ●) 、マウス (Taconic ●)



20,000以上の公共データとの比較解析

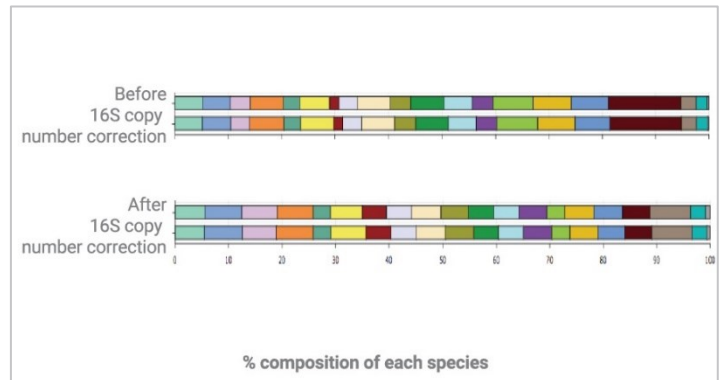
- ✓事前アップロードされた公開データを選択して新しいMTPセットを作成
- ✓データ品質を向上させるために大量のデータをダウンロードする必要はありません。
- ✓異なる16S領域のデータをまとめて分析するなどの面倒な作業は不要



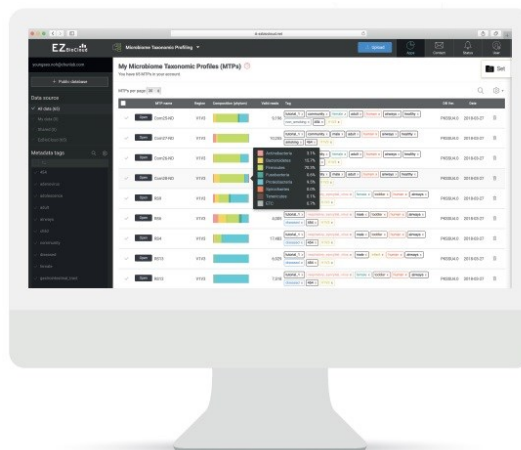
Example data>
健康な韓国人からの腸マイクロバイオームサンプル（V3V4領域）を米国ヒトマイクロバイオームプロジェクトデータ（V1V3領域）と比較した。米国と韓国からの便試料は、それぞれクラスターを形成した。

本質的な正規化および補正アルゴリズム

- ✓各種の相対的存在量は、それらのゲノムにおける異なる16SrRNAコピー数によって補正されます。
- ✓2019年5月現在EzBioCloudの16SrRNAコピー数データベースは3,214種からの情報を保持しています。
- ✓希薄化による柔軟な正規化オプション



Example data>
20種の混合物を含むATCC®Microbiome Standards MSA-1002™を、Illumina MiSeqシステムを用いて配列決定した。16コピー数補正アルゴリズムは、より正確なデータを生成します。



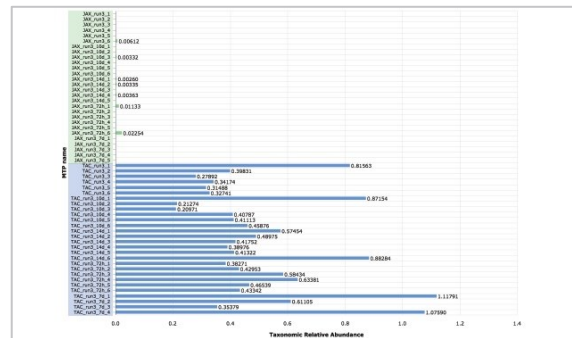
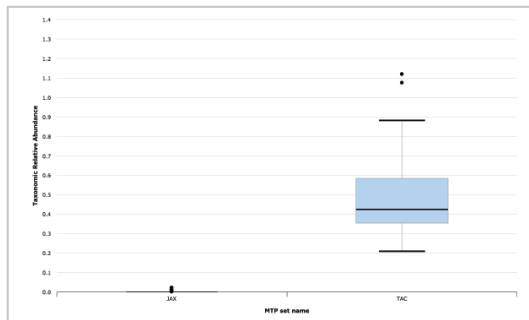
数分以内の種レベルのバイオマーカーと 機能的なバイオマーカーの発見

✓Kruskal-Wallis H検定およびLEfSe分析に基づいて最大100 MTPを含む最大5セットを簡単に比較し、バイオインフォマティクスの専門知識なしでバイオマーカーを発見できます。



Discover
Taxonomic
Biomarkers

Taxon name	Taxon rank	Taxonomy	LDA effect size	p-value	p-value (FDR)	JAX	TAC
Enterobacter	Genus	Bacteria: Actinobacteria: Coriobacterii: Coriobacteriales: Coriobacteriaceae	2.49477	0.00000	0.00000	0.06219	0.00000
Fluores	Genus	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae	2.62981	0.00000	0.00000	0.06494	0.00000
FAC000748_g	Genus	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae	2.80435	0.00000	0.00000	0.12702	0.00000
FAC002153_g	Genus	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae	2.35741	0.00000	0.00000	0.04591	0.00000
Enterobacteriaceae	Species	Bacteria: Actinobacteria: Coriobacterii: Coriobacteriales: Coriobacteriaceae: Enterobacteriaceae	2.31421	0.00000	0.00000	0.04096	0.00000
FAC001599_g	Species	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: FAC000748_g	2.80275	0.00000	0.00000	0.12655	0.00000
FAC001156_s_vovar	Species	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Ruminococcaceae: Fluores	2.62592	0.00000	0.00000	0.06402	0.00000
FAC002153_s	Species	Bacteria: Firmicutes: Clostridia: Clostridiales: Lachnospiraceae: FAC002153_g	2.34405	0.00000	0.00000	0.04390	0.00000



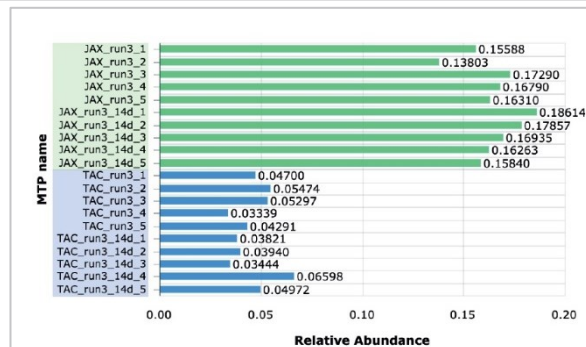
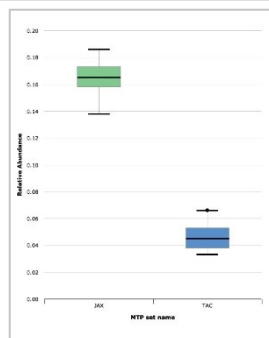
Example data >

*Clostridium symbiosum*は、56個の糞便サンプルでのLEfSe分析により、Taconic-Labマウスにのみ示差的に存在します（Illumina V4データ）。



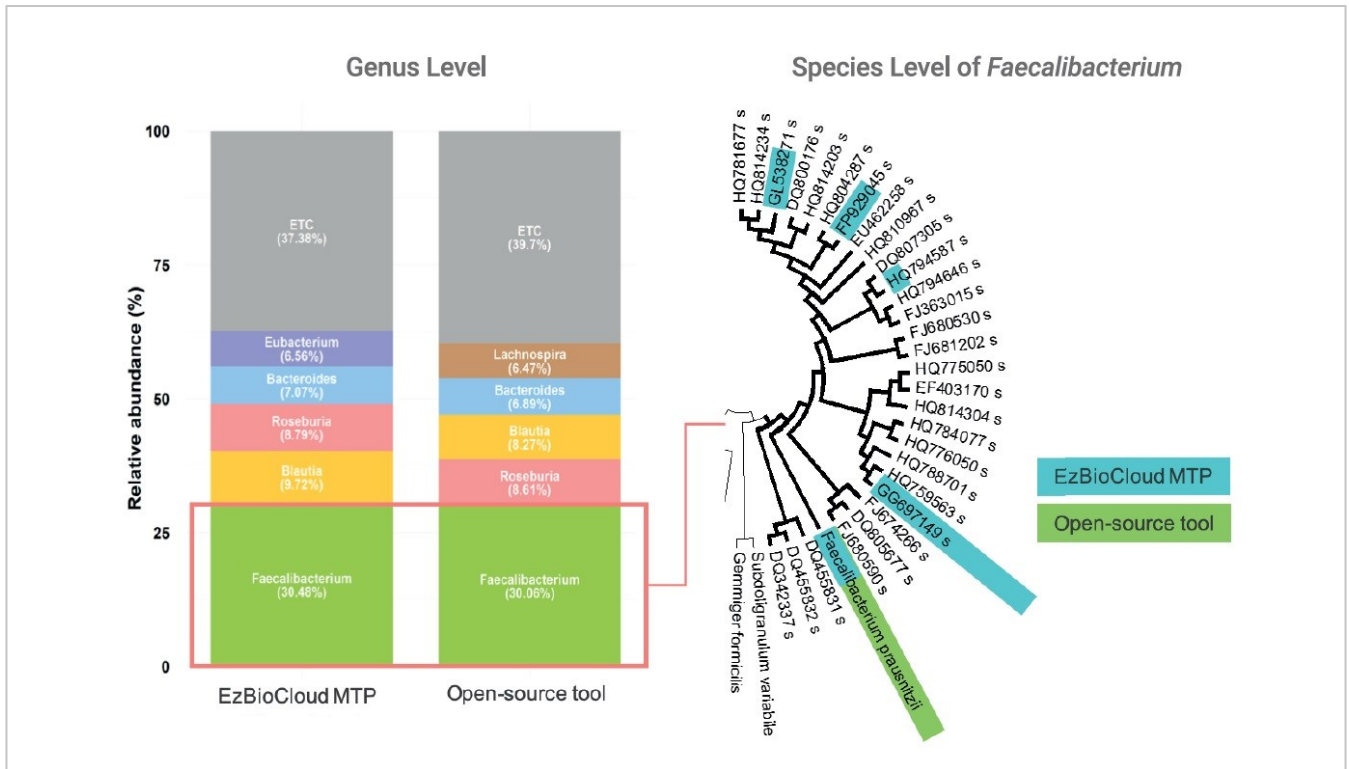
Discover
Functional
Biomarkers

Ortholog	Definition	Pathway	Module	p-value	p-value (FDR)	JAX	TAC
K12539	ATP-binding cassette, subfamily C, bacterial PrsD	ko02010	M00329	0.00005	0.00005	0.00003	0
K17914	kinesin family member 13			0.00005	0.00005	0.00009	0
K08601	ubiquitin thioesterase	ko04013 ko04217 ko04380 ko046...		0.00005	0.00005	0	0.00004
K17441	zinc finger protein ZFPM1			0.00005	0.00005	0	0.00002
K18043	tyrosine-protein phosphatase OCA1			0.00005	0.00005	0.00007	0
K11308	histone acetyltransferase MYST1			0.00005	0.00005	0	0.00002
K10375	tropomyosin 4	ko04260 ko04261 ko05410 ko054...		0.00005	0.00005	0	0.00002
K01371	cathepsin K	ko04142 ko04210 ko04380 ko046...		0.00005	0.00005	0	0.00006



MTP VS オープンソースツール 分類精度とカバレッジの比較

ヒト腸のマイクロバイオーム



Example data>

ヒト糞便サンプルの分類学的構成は、MTPおよびオープンソースツールを使用することによってHMPデータを形成しました。
*Faecalibacterium*について・

属レベルでは、*Faecalibacterium*はMTP、オープンソース両方とも同様の同定結果となりました。（左図）

しかし種レベルでは、オープンソースツールでは1種に対し

MTPは未調査の4種を含む5種の*Faecalibacterium*が同定されました。（右図）

✓EzBioCloud-MTPは種の識別機能が優れています。
(Ex ヒトサンプル85-92%種まで同定)

ライセンスタイプ

✓年間回数制ライセンスとなります。（200、500、1000サンプル）

✓ご使用の際に、インターネット接続環境が必要となります。

ウェブブラウザ（Google Chrome推奨）を使用します。

Webベースなのでログインすればどの端末からもアクセスできます。

製造元



CJ Bioscience Inc.

Grand Central, 14, Sejong-daero, Jung-gu, Seoul, Republic of Korea, 04527

TEL: +82-2-6078-3456

FAX: +82-2-6078-3457

輸入販売元



フィルジェン 株式会社 バイオインフォマティクス部

【お問い合わせ】

〒459-8011 愛知県名古屋市緑区定納山1丁目1409番地

TEL : 052-624-4388 FAX : 052-624-4389

E-mail : biosupport@filgen.jp URL : <https://filgen.jp/>

代理店

(JAN,2022)