

IR Biotyper 株識別試験(細菌)報告書

シリアル番号 XXXXXxx

管理番号 SIID 00000

 作業完了日
 202x 年 xx 月 xx 日

 発 行 日
 202x 年 xx 月 xx 日

極秘資料

本報告書の使用にあたっての確認事項

- 1. 本報告書は株式会社テクノスルガ・ラボ 技術責任者による承認済みです。
- 2. 研究発表 (論文投稿) や特許明細書への転用を除き、本報告書の一部または全部をそのままあるいは改変して第三者へ転用などされた場合には、株式会社テクノスルガ・ラボは一切の責任を負いかねます。
- 3. 当社受託サービス等は、試験・研究用途を目的として販売しております。当社受託サービス等を医療や臨床診断などの試験・研究目的以外へご使用される場合、これに起因する損失・損害等については、当社では一切の責任を負いかねます。

技術責任者

EI.

株式会社テクノスルガ・ラボ 研究センター 技術部

〒424-0065 静岡県静岡市清水区長崎 388 番地の 1

TEL: 054-349-6211 FAX: 054-349-6121

Mail: tsl-contact@tecsrg.co.jp



検体情報

SAMPLE 00000-01 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-02 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-03 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-04 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-05 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-06 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-07 202x 年 xx 月 xx 日	検体名	SIID	受取日
SAMPLE 00000-03 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-04 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-05 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-06 202x 年 xx 月 xx 日	SAMPLE	00000-01	202x 年 xx 月 xx 日
SAMPLE 00000-04 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-05 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-06 202x 年 xx 月 xx 日	SAMPLE	00000-02	202x 年 xx 月 xx 日
SAMPLE 00000-05 202x 年 xx 月 xx 日 SAMPLE 00000-06 202x 年 xx 月 xx 日	SAMPLE	00000-03	202x 年 xx 月 xx 日
SAMPLE 00000-06 202x 年 xx 月 xx 日	SAMPLE	00000-04	202x 年 xx 月 xx 日
	SAMPLE	00000-05	202x 年 xx 月 xx 日
SAMPLE 00000-07 202x 年 xx 月 xx 日	SAMPLE	00000-06	202x 年 xx 月 xx 日
	SAMPLE	00000-07	202x 年 xx 月 xx 日

備考			

2 / 8



目的

フーリエ変換赤外線 (FT-IR) 分光法に基づいた菌株タイピングシステム IR Biotyper を用い、検体の吸収スペクトルを取得し、菌株の表現型を基に菌株間の相同性を評価します。

方法

培養条件

• 培地 GAM Broth "Nissui" (Nissui Pharmaceutical, Japan) + 寒天

・ 培養温度 37°C

・ 培養時間 48 時間

・ その他条件 嫌気 (アネロパウチ・ケンキ, Mitsubishi Gas Chemical, Japan)

測定およびデータ解析

· 分析機器 IR Biotyper (Bruker Japan, DEU)

・調製試薬 IR Biotyper Kit (No. 1851760, Bruker Japan)

・測定回数 4回:同一平板の複数箇所のコロニーを1つのチューブに採取し、

1チューブから4ウェルに塗布し、それぞれを測定

測定後、ソフトウェアによる Quality Test に合格した結果のみを記載しています。2 ウェルで不合格となった場合には再度調製して 4

ウェルの測定を行います。

・ソフトウェア IR Biotyper Version 3.0.14.4818

・距離計算方法 Euclidian average linkage

·解析領域 炭水化物、多糖類



結果の見方

・Isolate ID 当社検体識別番号 (SIID) または単離株名

・スケールバー 距離行列およびデンドログラムのスケールまたは数値は、相対距離 を表します。

· Optimal cut-off

・距離行列・ヒートマップ: スケールバー中の水色枠内の数値

・デンドログラム上: スケール中の水色枠内の数値

最適カットオフ値は、距離行列を算出後にソフトウェアにより自動で決定されます。複数の種または亜種の単離株を同時に解析した際には高い値になります。

〈判定の指標〉

・Label Coherence について

色	記号	意味
	BAD	2つ以上の単離株でクラスター形成
	MEDIUM	2つの単離株でクラスターを形成
	GOOD	1つの単離株でクラスターを形成

- ・ 相対距離が、0 に近いほど同一株もしくは近縁の株と推定され、0 から離れるほど異なると言えます。
- ・ 菌株によって異なりますが、おおまかに相対距離 0.05 以下では同一株もしくは近縁の 株の可能性があります。
- ・ 同一株のみで構成されるクラスターの相対距離の最大値でグループ分けをした際に、1 つのクラスター内に複数の単離株が含まれる場合には、それらの単離株は同一株もしくは近縁の株と推定されます。
- ・ 最適カットオフ値は、ソフトウェアが当該解析において算出した株の異同を判定する 際の目安値を示します。

* 会社名、製品名は一般に各社の日本および各国での商標または登録商標です



結果

解析領域 炭水化物、多糖類

IR Biotyper による結果の判定の指標に基づき、すべての株は同一株もしくは近縁の株ではないとみなせます。

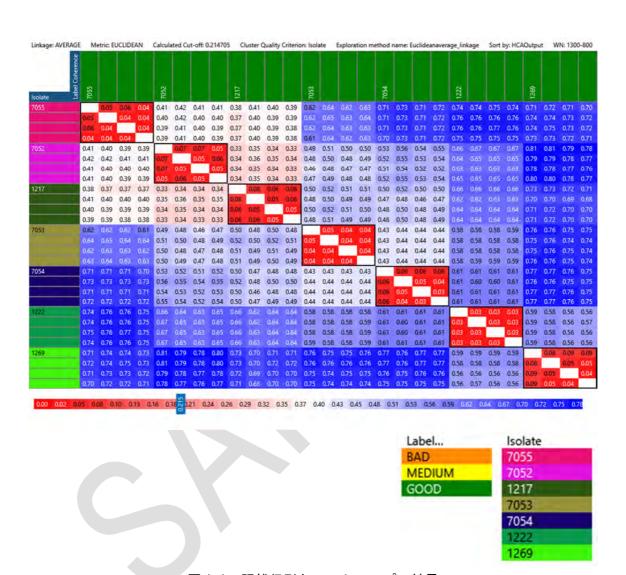
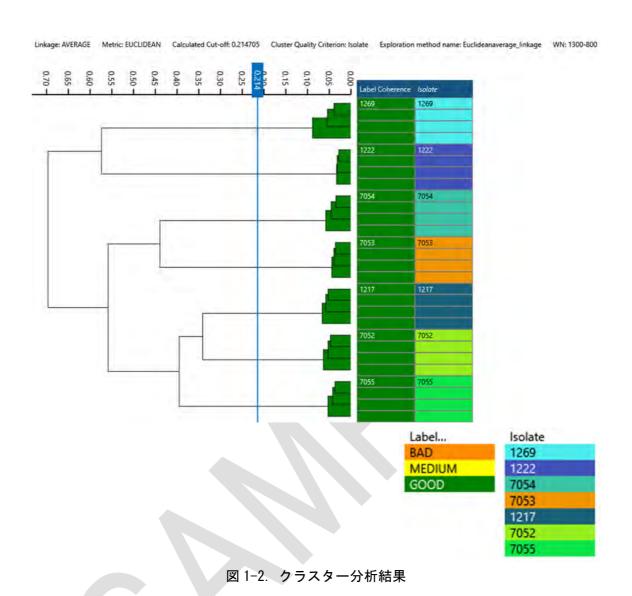


図 1-1. 距離行列とヒートマップの結果





6 / 8 R0



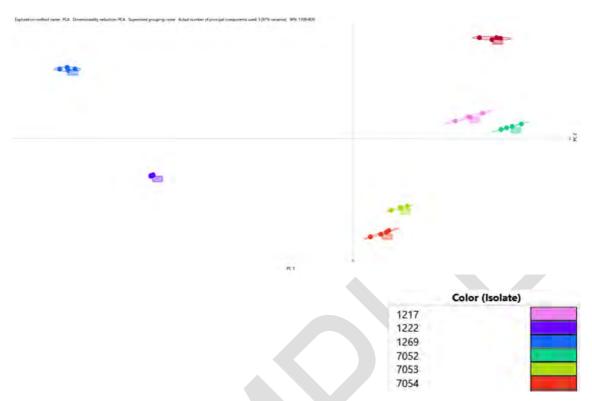


図 1-3. 主成分分析結果

7 / 8



本報告書に付随する電子データー覧

データ内容	ファイル名	ファイル形式
距離行列・ヒートマップ	SIID*****_Distance-matrix_region1~4	png
距離行列	SIID*****_Distance-matrix_region1~4	csv
クラスター分析結果	SIID*****_Dendrogram_region1~4	png
主成分分析結果	SIID*****_PCA_region1~4	png

region1~4: 解析領域 1)~4)を示します。

補足

- 1. IR Biotyper 株識別試験の結果と遺伝子を対象とした試験 (POT 法、MLST 法、PFGE 解析など) は、対象とする菌体成分および識別原理が異なることから、株識別の結果が異なる場合がございます。
- 2. 本報告書に記載の図は、測定機器付属のソフトウェアよりエクスポートした画像ファイルを貼り付けた図のため、検体数によっては視認性が悪い場合があります。その際には、報告書に付属の電子データでのご確認をお願いいたします。
- 3. 本報告書に関するご質問等につきましては、株式会社テクノスルガ・ラボ 技術部まで お問合わせください。

