

ANI 解析/GGDC 解析報告書

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

印

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

[illegible]

備考

202x 年 xx 月 xx 日付「ゲノム解析(iseq)報告書」の追加試験。
SIID00000-01 はゲノムデータとして受領しました。

目的

検体と比較対照種における Average Nucleotide Identity (ANI) 値および Genome-to-Genome Distance Calculator (GGDC) 解析 による *in silico* DNA-DNA hybridization (DDH) 値を算出し、種の異同を決定します。

方法

1. 解析に使用するゲノム配列の由来

表 1. 比較対照種の種名、株名および GenBank アクセッション番号

SIID	種名	株名※	GenBank アクセッション番号
00000-02	<i>Bacillus licheniformis</i>	xxxx ^T	(00000)
00000-03	<i>Bacillus aerius</i>	yyyy ^T	(111111)
00000-04	<i>Bacillus sonorensis</i>	zzzz ^T	(222222)

※ 株名の末尾の T: 基準株 (Type strain)

2. ANI 解析

- 算出¹⁾ ANI calculator (<http://enve-omics.ce.gatech.edu/ani/index>)
- 結果の判定²⁾ ANI 値が 95%以上であった場合、同種として判定

3. GGDC 解析³⁾

- 算出 Genome-to-Genome Distance Calculator (<http://ggdc.dsmz.de/ggdc.php#>)
- 結果の判定 *in silico* DDH 値が 70%以上であった場合、同種として判定
in silico DDH 値が 70~80%であった場合は同種別亜種として判定⁴⁾

* 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

表 2. 検体間の ANI 値（表左下）および *in silico* DDH 値（表右上）（%）

	SIID00000-01	SIID00000-02	SIID00000-03	SIID00000-04
SIID00000-01		85.0	55.1	53.6
SIID00000-02	98.6		54.2	44.0
SIID00000-03	87.3	85.1		56.7
SIID00000-04	85.2	80.0	83.5	

表 3 種の異同の判定結果

組み合わせ	判定
SIID00000-01 と SIID00000-02	同種
SIID00000-01 と SIID00000-03	別種
SIID00000-01 と SIID00000-04	別種
SIID00000-01 と SIID00000-05	別種
SIID00000-01 と SIID00000-06	別種

補足

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
お問い合わせください。

引用文献

- 1) **Rodriguez-R LM, Konstantinidis KT.** The enveomics collection: a toolbox for specialized analyses of microbial genomes and metagenomes. *PeerJ Preprints* 2016;4:e1900v1
- 2) **Goris J, Konstantinidis KT, Klappenbach JA, Coenye T, Vandamme P, Tiedje JM.** DNA–DNA hybridization values and their relationship to whole-genome sequence similarities. *Int J Syst Bacteriol* 2007;57:81–91.
- 3) **Meier-Kolthoff JP, Auch AF, Klenk H-P, Göker M.** Genome sequence-based species delimitation with confidence intervals and improved distance functions. *BMC Bioinformatics* 2013;14:60.
- 4) **Meier-Kolthoff JP, Hahnke RL, Petersen J, Scheuner C, Michael V, et al.** Complete genome sequence of DSM 30083^T, the type strain (U5/41T) of *Escherichia coli*, and a proposal for delineating subspecies in microbial taxonomy. *Stand Genomic Sci* 2014;9:2.