

MALDI-TOFMS高精度細菌識別ソフトウェア

～細菌を亜種・株レベルで迅速・簡便・高精度に識別～

名城大学 農学研究科 教授 田村廣人、研究員 山本奈保美
株式会社島津製作所 野村静男

▶〈関連ページ〉20ページ

狙い 理論的根拠に基づいたバイオマーカーの質量分析により、従来のMALDI-TOFMSフィンガープリント法および16S rRNA遺伝子配列解析では判別が難しい亜種、株そして血清型レベルでのより精度・信頼度の高い細菌識別と、16S rRNA 遺伝子配列解析より高い識別能の系統解析を可能にする。

用途

- ・食品分野における食中毒菌等の有害菌の同定・識別、また、乳酸菌等の有用菌株の管理・育種。
- ・疫学分野におけるクローナルコンプレックスの特定。
- ・生物工学分野における資源産生微生物の菌株識別、また、環境修復に関与する微生物の菌株識別。
- ・微生物系統分類における分子系統解析。

特長

- AXIMA微生物同定システムと組み合わせることで、従来のMALDI-TOFMS フィンガープリント法による微生物識別法と比べ、より精度・信頼度の高い識別結果が得られる。
- 遺伝子の塩基配列の違いに基づく細菌の識別が、MALDI-TOFMSで 迅速・簡便に行えるようになる。
- 菌株データのデータベースが構築でき、外部ソフトウェアにより分子系統分類を行うことも可能。

仕様

- ・データベース構築機能(ピークリストの登録・編集、登録済み菌株のグループ化などが可能)
- ・マーカーピークと実測データの照合機能
- ・照合結果出力機能

動作環境 / Microsoft Windows7 Professional
32bit日本語 / 英語版


SHIMADZU

MALDI-TOF MS
AXIMA微生物同定システム対応
高精度細菌識別ソフトウェア

Strain Solution

Question:
質量分析計MALDI-TOF MSを利用して16S rRNA配列解析より高い識別能の系統解析を行うことは可能ですか？

Solution:
はい。AXIMA微生物同定システムとStrain Solutionを用いることにより、理論的根拠にもとづき、かつ、16S rRNA配列解析より識別能高い系統解析が行えます。



Strain Solutionのワークフロー

リボソームタンパク質の理論質量値取得

S10-spc-alphaオペロンにコードされたリボソームタンパク質遺伝子の塩基配列

①塩基配列を塩基配列からアミノ酸配列に変換

②アミノ酸配列から理論質量値を算出

③理論質量値をデータベースに登録

AXIMA微生物同定システムによる菌株のマススペクトルデータ取得

④AXIMA微生物同定システムによる菌株のマススペクトルデータの取得

⑤マススペクトルデータのエキスポート

翻訳

⑥リボソームタンパク質のアミノ酸配列(理論分子重)

⑦登録済み菌株のマススペクトル(実測値)

⑧実測値と理論値の比較


Strain Solution起動

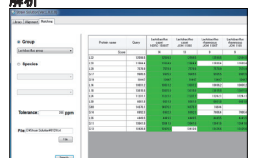
⑨マススペクトルデータの読み込み

⑩登録済み菌株マーカーピークリストとのマッチング

⑪菌株識別、外部ソフトの利用による系統解析

Strain Solutionを用いたマーカーピークの選別・登録





■お問い合わせ / 株式会社島津製作所 分析計測事業部ライフサイエンス事業統括部MSビジネスユニット マネージャー 野村静男
e-mail : snomura@shimadzu.co.jp 電話番号 : 075-823-1334 FAX : 075-811-8187

■特許の有無 : 特許第4818981、特願2014-057809