

16S rDNA-500 報告書

シリアル番号 AQCFH01  
管理番号 SIID 35893  
作業完了日 2021年5月24日  
発行日 2021年5月24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

検体名	SIID	受取日
35893-L1	35893-L1	—
35893-L2	35893-L2	—
35893-L3	35893-L3	—

備考

SIID35893-L1~L3 は SIID35893 (検体名：加熱前米糠発酵食品) からの当社分離株 (2021年5月10日付「微生物分離(細菌)報告書」参照)

## 目的

16S rDNA (16S rRNA 遺伝子) の部分塩基配列解析の結果から、検体の帰属分類群を推定します。

## 方法

### 1. 培養条件

- ・ 培地 MRS Broth (Oxoid, GBR) + 寒天
- ・ 培養温度 30°C
- ・ 培養時間 72 時間
- ・ その他条件 嫌気培養

### 2. 16S rDNA 部分塩基配列解析

- ・ DNA 抽出 アクロモペプチダーゼ (FUJIFILM Wako Pure Chemical, Japan)
- ・ PCR 増幅 PrimeSTAR HS DNA Polymerase (Takara Bio, Japan)
- ・ サイクルシーケンス BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems, USA)
- ・ 使用プライマー<sup>1)</sup> PCR 増幅: 9F, 1406R  
シーケンス (約 500 bp): 9F, 536R
- ・ シーケンス ABI PRISM 3500xL Genetic Analyzer System (Applied Biosystems)
- ・ 塩基配列決定 ChromasPro 2.1 (Technelysium, AUS)
- ・ BLAST 相同性検索<sup>2)</sup> 解析ソフトウェア: ENKI v3.2 (TechnoSuruga Laboratory, Japan)  
データベース  
DB-BA15.0 (TechnoSuruga Laboratory)  
国際塩基配列データベース (DDBJ/ENA/EMBL)/GenBank  
検索日: 2021 年 5 月 19 日
- ・ 簡易分子系統解析 系統樹の推定: 近隣結合法<sup>3)</sup>  
塩基置換モデル: Kimura-2-parameter<sup>4)</sup>  
樹形の信頼性評価: ブートストラップ法<sup>5)</sup> (1,000 反復)

\* 塩基配列は、シーケンサーからの生データ (エレクトロフェログラム) を当社技術者が目視により確認し、修正を行った後に決定しています。

\* 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

1. SIID35893-L1

表 1-1. SIID35893-L1 の DB-BA に対する BLAST 検索結果  
相同性スコアで上位 30 に検索された 16S rDNA 塩基配列データ

登録名	株名	Accession No.	相同性率	BSL
<i>Lactobacillus rennini</i>	CECT5922	AJ576007	514/516 (99.6%)	
<i>Lactobacillus backii</i>	JCM18665	AB779648	468/517 (90.5%)	
<i>Lactobacillus iwatensis</i>	IWT246	AB773428	467/517 (90.3%)	
<i>Lactobacillus coryniformis</i> subsp. <i>torquens</i>	CECT4129	AJ575741	461/517 (89.2%)	
<i>Lactobacillus coryniformis</i> subsp. <i>coryniformis</i>	KCTC3167	GL544638	461/517 (89.2%)	
<i>Lactobacillus bif fermentans</i>	CIP102811	JN175330	414/460 (90.0%)	
<i>Lactobacillus composti</i>	NRIC0689	AB268118	449/520 (86.3%)	
<i>Lactobacillus farraginis</i>	NRIC0676	AB262731	449/524 (85.7%)	
<i>Lactobacillus parafarraginis</i>	NRIC0677	AB262734	451/526 (85.7%)	
<i>Lactobacillus buchneri</i>	JCM1115	AB205055	450/526 (85.6%)	
<i>Lactobacillus selangorensis</i>	LMG17710	AF049745	444/517 (85.9%)	
<i>Pediococcus ethanolidurans</i>	Z-9	AY956789	447/532 (84.0%)	
<i>Lactobacillus algidus</i>	JCM10491	AB033209	441/515 (85.6%)	
<i>Lactobacillus rapi</i>	YIT11204	AB366389	446/526 (84.8%)	
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	DSM5707	AB370877	446/526 (84.8%)	
<i>Lactobacillus sunkii</i>	YIT11161	AB366385	444/525 (84.6%)	
<i>Lactobacillus kefir</i>	NBRC15888	AB626053	444/525 (84.6%)	
<i>Lactobacillus micheneri</i>	Hlig3	KT833121	446/526 (84.8%)	
<i>Pediococcus inopinatus</i>	DSM20285	AJ271383	443/528 (83.9%)	
<i>Pediococcus cellicola</i>	Z-8	AY956788	444/529 (83.9%)	
<i>Lactobacillus saniviri</i>	YIT12363	AB602569	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus paucivorans</i>	TMW1.1424	FN185731	441/521 (84.6%)	
<i>Lactobacillus otakiensis</i>	YIT11163	AB366386	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus modestisalitolans</i>	NBRC107235	AB907192	437/517 (84.5%)	
<i>Lactobacillus terrae</i>	NIBRBAC000499792	MF683040	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus silagei</i>	IWT126	AB786910	440/520 (84.6%)	
<i>Lactobacillus pentosiphilus</i>	IWT25	LC085284	440/520 (84.6%)	
<i>Lactobacillus metriopecterae</i>	Hime5-1	LC190736	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus paracasei</i> subsp. <i>paracasei</i>	JCM8130	D79212	440/519 (84.8%)	
<i>Lactobacillus paracasei</i> subsp. <i>tolerans</i>	NBRC15906	AB181950	438/516 (84.9%)	

注 1) BSL (バイオセーフティレベル) はレベル 1\* (日和見病原体) 以上を表記し、空欄はレベル 1 を意味します (参照 補足 7)。

注 2) 株名中の “\_ (アンダーバー)” は、スペースを意味します。

注 3) 網掛けは、簡易分子系統解析に供した配列データを示します。

表 1-2. SIID35893-L1 の国際塩基配列データベースに対する BLAST 検索結果  
相同性スコアで上位 30 に検索された 16S rDNA 塩基配列データ

登録名	株名	Accession No.	相同性
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	JCM 14279	<a href="#">LC258150</a>	514/516 (99.6%)
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	CECT 5922	<a href="#">NR_042195</a>	514/516 (99.6%)
Lactobacillus sp.	NBRC 101665	<a href="#">AB681518</a>	514/516 (99.6%)
Lactobacillus sp.	TFC 4301	<a href="#">AB280030</a>	513/514 (99.8%)
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	ACA-DC 565	<a href="#">LT634362</a>	514/516 (99.6%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">JN684192</a>	514/516 (99.6%)
Lactobacillus halophilus <sup>b)</sup>	KG34	<a href="#">AB240455</a>	515/517 (99.6%)
Lactobacillus sp.	YE07	<a href="#">AF316586</a>	512/516 (99.2%)
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	CECT 5923	<a href="#">AJ576008</a>	513/516 (99.4%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KU961725</a>	512/515 (99.4%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">JN129281</a>	512/516 (99.2%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">LC002930</a>	511/516 (99.0%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KF502681</a>	508/512 (99.2%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">EU862164</a>	511/517 (98.8%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KU961775</a>	509/516 (98.6%)
Lactobacillus sp.	YE10	<a href="#">AF316588</a>	475/518 (91.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.2002	<a href="#">CP014899</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1992	<a href="#">CP014890</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1991	<a href="#">CP014881</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1989	<a href="#">CP014873</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1988	<a href="#">CP014623</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	JCM 18665	<a href="#">LC521991</a>	468/517 (90.5%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	JCM 18665	<a href="#">NR_114385</a>	468/517 (90.5%)
Loigolactobacillus iwatensis <sup>d)</sup>	JCM 18838	<a href="#">LC589207</a>	468/517 (90.5%)
Loigolactobacillus iwatensis <sup>d)</sup>	IWT248	<a href="#">AB773429</a>	469/518 (90.5%)
Loigolactobacillus iwatensis <sup>d)</sup>	IWT246	<a href="#">NR_114365</a>	467/517 (90.3%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	Bo-279	<a href="#">DQ406862</a>	464/515 (90.1%)
uncultured Firmicutes bacterium	-	<a href="#">KM650603</a>	464/520 (89.2%)
Loigolactobacillus coryniformis <sup>e)</sup>	SC_1	<a href="#">MF114100</a>	461/517 (89.2%)
Loigolactobacillus bifermentans <sup>f)</sup>	LB003	<a href="#">CP045872</a>	463/520 (89.0%)

a 旧名 : *Lactobacillus rennini*

b 現時点で国際原核生物命名規約に基づく有効な学名ではないことから、今回の解析および考察の対象からは除外しました。

c 旧名 : *Lactobacillus backii*

d 旧名 : *Lactobacillus iwatensis*

e 旧名 : *Lactobacillus coryniformis*

f 旧名 : *Lactobacillus bifermentans*

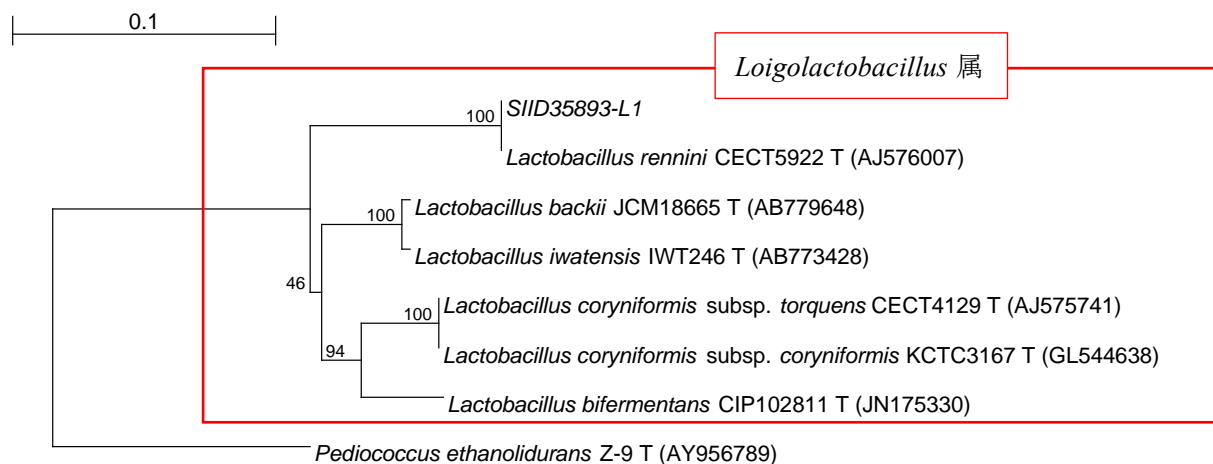


図 1-1. SIID35893-L1 の 16S rDNA 部分塩基配列に基づく簡易分子系統樹  
 左上の線はスケールバー、系統枝の分岐に位置する数字はブートストラップ値、  
 株名の末尾の T はその種の基準株 (Type strain)、BSL はバイオセーフティレベル  
 (BSL1\*(日和見病原体) 以上を表記) を示します。

#### 補足

赤枠内の配列は、2020 年に Zheng らの報告<sup>6)</sup>によって *Loigolactobacillus* 属へ移籍しました。

2. SIID35893-L2

表 2-1. SIID35893-L2 の DB-BA に対する BLAST 検索結果  
相同性スコアで上位 30 に検索された 16S rDNA 塩基配列データ

登録名	株名	Accession No.	相同性率	BSL
<i>Lactobacillus rennini</i>	CECT5922	AJ576007	514/516 (99.6%)	
<i>Lactobacillus backii</i>	JCM18665	AB779648	468/517 (90.5%)	
<i>Lactobacillus iwatensis</i>	IWT246	AB773428	467/517 (90.3%)	
<i>Lactobacillus coryniformis</i> subsp. <i>torquens</i>	CECT4129	AJ575741	461/517 (89.2%)	
<i>Lactobacillus coryniformis</i> subsp. <i>coryniformis</i>	KCTC3167	GL544638	461/517 (89.2%)	
<i>Lactobacillus bifermantans</i>	CIP102811	JN175330	414/460 (90.0%)	
<i>Lactobacillus composti</i>	NRIC0689	AB268118	449/520 (86.3%)	
<i>Lactobacillus farraginis</i>	NRIC0676	AB262731	449/524 (85.7%)	
<i>Lactobacillus parafarraginis</i>	NRIC0677	AB262734	451/526 (85.7%)	
<i>Lactobacillus buchneri</i>	JCM1115	AB205055	450/526 (85.6%)	
<i>Lactobacillus selangorensis</i>	LMG17710	AF049745	444/517 (85.9%)	
<i>Pediococcus ethanolidurans</i>	Z-9	AY956789	447/532 (84.0%)	
<i>Lactobacillus algidus</i>	JCM10491	AB033209	441/515 (85.6%)	
<i>Lactobacillus rapi</i>	YIT11204	AB366389	446/526 (84.8%)	
<i>Lactobacillus parabuchneri</i>	DSM5707	AB370877	446/526 (84.8%)	
<i>Lactobacillus sunkii</i>	YIT11161	AB366385	444/525 (84.6%)	
<i>Lactobacillus kefirii</i>	NBRC15888	AB626053	444/525 (84.6%)	
<i>Lactobacillus micheneri</i>	Hlig3	KT833121	446/526 (84.8%)	
<i>Pediococcus inopinatus</i>	DSM20285	AJ271383	443/528 (83.9%)	
<i>Pediococcus cellicola</i>	Z-8	AY956788	444/529 (83.9%)	
<i>Lactobacillus saniviri</i>	YIT12363	AB602569	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus paucivorans</i>	TMW1.1424	FN185731	441/521 (84.6%)	
<i>Lactobacillus otakiensis</i>	YIT11163	AB366386	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus modestisalitolerans</i>	NBRC107235	AB907192	437/517 (84.5%)	
<i>Lactobacillus terrae</i>	NIBRBAC000499792	MF683040	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus silagei</i>	IWT126	AB786910	440/520 (84.6%)	
<i>Lactobacillus pentosiphilus</i>	IWT25	LC085284	440/520 (84.6%)	
<i>Lactobacillus metrioapterae</i>	Hime5-1	LC190736	443/525 (84.4%)	
<i>Lactobacillus paracasei</i> subsp. <i>paracasei</i>	JCM8130	D79212	440/519 (84.8%)	
<i>Lactobacillus paracasei</i> subsp. <i>tolerans</i>	NBRC15906	AB181950	438/516 (84.9%)	

注 1) BSL (バイオセーフティレベル) はレベル 1\* (日和見病原体) 以上を表記し、空欄はレベル 1 を意味します (参照 補足 7)。

注 2) 株名中の “\_ (アンダーバー)” は、スペースを意味します。

注 3) 網掛けは、簡易分子系統解析に供した配列データを示します。

表 2-2. SIID35893-L2 の国際塩基配列データベースに対する BLAST 検索結果  
相同性スコアで上位 30 に検索された 16S rDNA 塩基配列データ

登録名	株名	Accession No.	相同性
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	JCM 14279	<a href="#">LC258150</a>	514/516 (99.6%)
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	CECT 5922	<a href="#">NR_042195</a>	514/516 (99.6%)
Lactobacillus sp.	NBRC 101665	<a href="#">AB681518</a>	514/516 (99.6%)
Lactobacillus sp.	TFC 4301	<a href="#">AB280030</a>	513/514 (99.8%)
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	ACA-DC 565	<a href="#">LT634362</a>	514/516 (99.6%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">JN684192</a>	514/516 (99.6%)
Lactobacillus halophilus <sup>b)</sup>	KG34	<a href="#">AB240455</a>	515/517 (99.6%)
Lactobacillus sp.	YE07	<a href="#">AF316586</a>	512/516 (99.2%)
Loigolactobacillus rennini <sup>a)</sup>	CECT 5923	<a href="#">AJ576008</a>	513/516 (99.4%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KU961725</a>	512/515 (99.4%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">JN129281</a>	512/516 (99.2%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">LC002930</a>	511/516 (99.0%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KF502681</a>	508/512 (99.2%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">EU862164</a>	511/517 (98.8%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KU961775</a>	509/516 (98.6%)
Lactobacillus sp.	YE10	<a href="#">AF316588</a>	475/518 (91.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.2002	<a href="#">CP014899</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1992	<a href="#">CP014890</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1991	<a href="#">CP014881</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1989	<a href="#">CP014873</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	TMW 1.1988	<a href="#">CP014623</a>	469/517 (90.7%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	JCM 18665	<a href="#">LC521991</a>	468/517 (90.5%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	JCM 18665	<a href="#">NR_114385</a>	468/517 (90.5%)
Loigolactobacillus iwatensis <sup>d)</sup>	JCM 18838	<a href="#">LC589207</a>	468/517 (90.5%)
Loigolactobacillus iwatensis <sup>d)</sup>	IWT248	<a href="#">AB773429</a>	469/518 (90.5%)
Loigolactobacillus iwatensis <sup>d)</sup>	IWT246	<a href="#">NR_114365</a>	467/517 (90.3%)
Loigolactobacillus backii <sup>c)</sup>	Bo-279	<a href="#">DQ406862</a>	464/515 (90.1%)
uncultured Firmicutes bacterium	-	<a href="#">KM650603</a>	464/520 (89.2%)
Loigolactobacillus coryniformis <sup>e)</sup>	SC_1	<a href="#">MF114100</a>	461/517 (89.2%)
Loigolactobacillus bifermentans <sup>f)</sup>	LB003	<a href="#">CP045872</a>	463/520 (89.0%)

a 旧名 : *Lactobacillus rennini*

b 現時点で国際原核生物命名規約に基づく有効な学名ではないことから、今回の解析および考察の対象からは除外しました。

c 旧名 : *Lactobacillus backii*

d 旧名 : *Lactobacillus iwatensis*

e 旧名 : *Lactobacillus coryniformis*

f 旧名 : *Lactobacillus bifermentans*



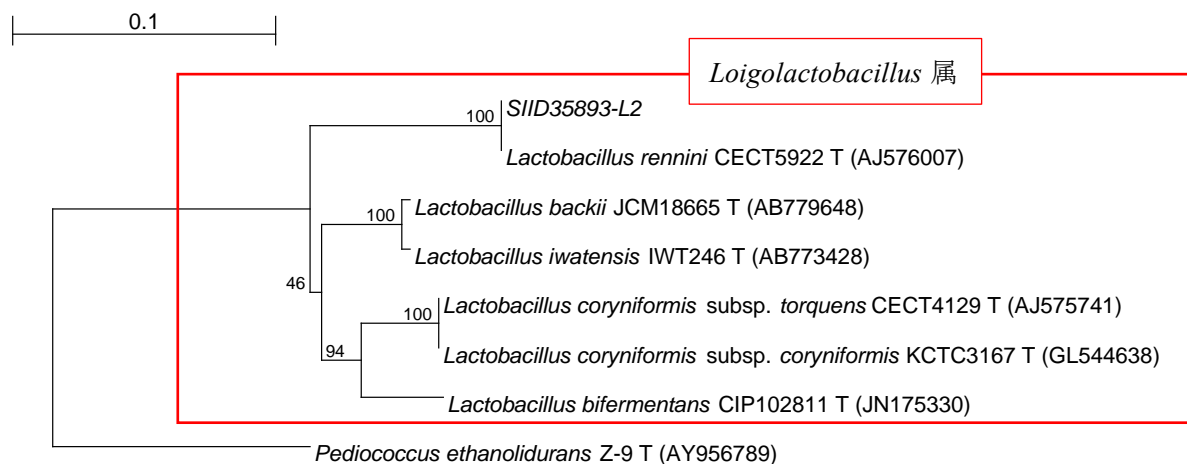


図 2-1. SIID35893-L2 の 16S rDNA 部分塩基配列に基づく簡易分子系統樹

左上の線はスケールバー、系統枝の分岐に位置する数字はブートストラップ値、  
 株名の末尾の T はその種の基準株 (Type strain)、BSL はバイオセーフティレベル  
 (BSL1\*(日和見病原体) 以上を表記) を示します。

#### 補足

赤枠内の配列は、2020 年に Zheng らの報告<sup>6)</sup>によって *Loigolactobacillus* 属へ移籍しました。

3. SIID35893-L3

表 3-1. SIID35893-L3 の DB-BA に対する BLAST 検索結果  
相同性スコアで上位 30 に検索された 16S rDNA 塩基配列データ

登録名	株名	Accession No.	相同期率	BSL
<i>Lactobacillus acidipiscis</i>	NBRC102163	AB326356	509/513 (99.2%)	
<i>Lactobacillus pobuzihii</i>	NBRC103219	AB326358	496/513 (96.7%)	
<i>Lactobacillus salitolerans</i>	YK43	LC127508	486/514 (94.6%)	
<i>Lactobacillus oeni</i>	59b	AY681127	449/515 (87.2%)	
<i>Lactobacillus ruminis</i>	NBRC102161	AB326354	449/518 (86.7%)	
<i>Lactobacillus salivarius</i>	JCM1231	AB370881	449/515 (87.2%)	
<i>Lactobacillus satsumensis</i>	NRIC0604	AB154519	445/515 (86.4%)	
<i>Lactobacillus agilis</i>	JCM1187	AB596945	443/514 (86.2%)	
<i>Lactobacillus aviarius</i> subsp. <i>araffinosus</i>	LMG23560	JX986976	445/515 (86.4%)	
<i>Lactobacillus aviarius</i> subsp. <i>aviarius</i>	NBRC102162	AB326355	445/515 (86.4%)	
<i>Lactobacillus aquaticus</i>	IMCC1736	DQ664203	445/517 (86.1%)	
<i>Lactobacillus vini</i>	CECT5924	AJ576009	444/515 (86.2%)	
<i>Lactobacillus mali</i>	NBRC102159	AB326352	441/514 (85.8%)	
<i>Lactobacillus uvarum</i>	8	AY681126	444/516 (86.0%)	
<i>Lactobacillus faecis</i>	AFL13-2	AB812750	448/519 (86.3%)	
<i>Lactobacillus nagelii</i>	JCM12492	AB370876	442/513 (86.2%)	
<i>Lactobacillus murinus</i>	NBRC14221	AB326349	442/516 (85.7%)	
<i>Lactobacillus apodemi</i>	ASB1	AJ871178	442/516 (85.7%)	
<i>Lactobacillus cacaonum</i>	LMG24285	AM905389	444/517 (85.9%)	
<i>Lactobacillus algidus</i>	JCM10491	AB033209	436/510 (85.5%)	
<i>Lactobacillus selangorensis</i>	LMG17710	AF049745	441/515 (85.6%)	
<i>Lactobacillus hayakitensis</i>	KBL13	AB267406	446/517 (86.3%)	
<i>Lactobacillus animalis</i>	LA51	AY522567	439/512 (85.7%)	
<i>Lactobacillus ghanensis</i>	L489	DQ523489	436/507 (86.0%)	
<i>Lactobacillus capillatus</i>	YIT11306	AB365976	441/517 (85.3%)	
<i>Lactobacillus sicerae</i>	CECT8227	HG794492	434/504 (86.1%)	
<i>Lactobacillus chiayiensis</i>	NCYUAS	MF446960	443/522 (84.9%)	
<i>Lactobacillus nasuensis</i>	SU_18	AB608051	438/519 (84.4%)	
<i>Lactobacillus paracasei</i> subsp. <i>paracasei</i>	JCM8130	D79212	442/521 (84.8%)	
<i>Lactobacillus zeae</i>	ATCC15820	D86516	444/525 (84.6%)	

注 1) BSL (バイオセーフティレベル) はレベル 1\* (日和見病原体) 以上を表記し、空欄はレベル 1 を意味します (参照 補足 7)。

注 2) 株名中の “\_ (アンダーバー)” は、スペースを意味します。

注 3) 網掛けは、簡易分子系統解析に供した配列データを示します。

表 3-2. SIID35893-L3 の国際塩基配列データベースに対する BLAST 検索結果  
相同性スコアで上位 30 に検索された 16S rDNA 塩基配列データ

登録名	株名	Accession No.	相同率
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	RKG 1-348	<a href="#">MT045723</a>	509/513 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	HBUAS52417	<a href="#">MK396523</a>	509/513 (99.2%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KC755062</a>	509/513 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	Ni1465	<a href="#">AB598991</a>	509/513 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	Ni1462	<a href="#">AB598989</a>	509/513 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	Ni958	<a href="#">AB598946</a>	509/513 (99.2%)
uncultured bacterium	-	<a href="#">JF826728</a>	509/513 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	NBRC 102163	<a href="#">NR_112693</a>	509/513 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	LZLJ18-1	<a href="#">JQ043375</a>	508/512 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	LZLJ10-1	<a href="#">JQ043372</a>	508/512 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	LZLJ4-1	<a href="#">JQ043368</a>	508/512 (99.2%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	ACA-DC 1533	<a href="#">LT630287</a>	508/513 (99.0%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	PR09	<a href="#">KX139191</a>	508/513 (99.0%)
Lactobacillus sp.	B4	<a href="#">KM259929</a>	508/513 (99.0%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	AMF	<a href="#">MZ054382</a>	508/513 (99.0%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">JN650264</a>	508/513 (99.0%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	NBRC 102164	<a href="#">AB326357</a>	508/513 (99.0%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	LZLJ18-3	<a href="#">JQ043376</a>	507/512 (99.0%)
Lactobacillus sp.	KS5-4	<a href="#">LC549535</a>	507/513 (98.8%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	RKG 1-603	<a href="#">MT045659</a>	507/513 (98.8%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">KU961720</a>	507/513 (98.8%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">LC002953</a>	507/513 (98.8%)
uncultured Lactobacillus sp.	-	<a href="#">LC002931</a>	507/513 (98.8%)
uncultured compost bacterium	-	<a href="#">DQ345484</a>	507/513 (98.8%)
uncultured compost bacterium	-	<a href="#">DQ345475</a>	507/513 (98.8%)
Lactobacillus sp.	NBRC 107226	<a href="#">AB682525</a>	507/513 (98.8%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	LZLJ12-3	<a href="#">JQ043374</a>	506/512 (98.8%)
Lactobacillus sp.	123B	<a href="#">AJ514256</a>	507/513 (98.8%)
Lactobacillus sp.	NBRC 107179	<a href="#">AB682478</a>	506/513 (98.6%)
Ligilactobacillus acidipiscis <sup>a)</sup>	FS60-1; PCU 207	<a href="#">NR_024718</a>	503/508 (99.0%)

a 旧名 : *Lactobacillus acidipiscis*

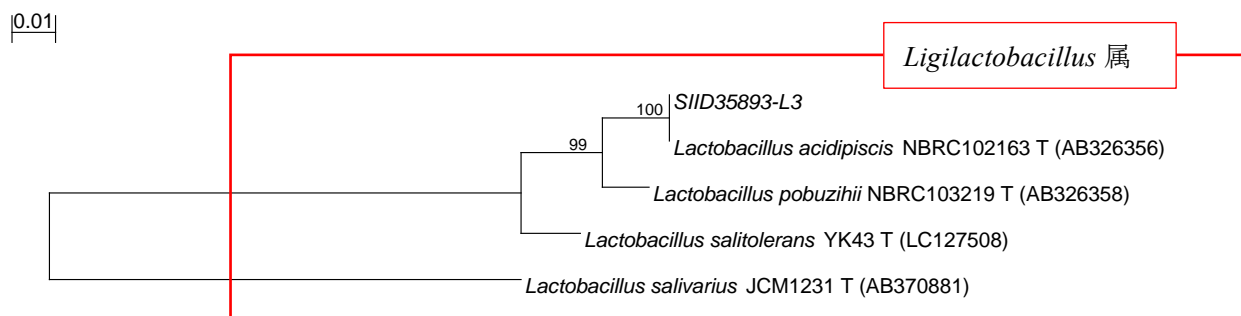


図 3-1. SIID35893-L3 の 16S rDNA 部分塩基配列に基づく簡易分子系統樹

左上の線はスケールバー、系統枝の分岐に位置する数字はブートストラップ値、株名の末尾の T はその種の基準株 (Type strain)、BSL はバイオセーフティレベル (BSL1\*(日和見病原体) 以上を表記) を示します。

#### 補足

赤枠内の配列は、2020 年に Zheng らの報告<sup>6)</sup>によって *Ligilactobacillus* 属へ移籍しました。

## まとめ

検体名	SIID	帰属分類群	バイオセーフティレベル
35893-L1	35893-L1	<i>Loigolactobacillus rennini</i>	レベル 1
35893-L2	35893-L2	<i>Loigolactobacillus rennini</i>	レベル 1
35893-L3	35893-L3	<i>Ligilactobacillus acidipiscis</i>	レベル 1

### バイオセーフティレベルについて(日本細菌学会バイオセーフティ指針より)

レベル	内容
1	ヒトに疾病を起こし、或いは動物に獣医学的に重要な疾患を起こす可能性のないもの (日和見感染を含む)
2	ヒト或いは動物に病原性を有するが、実験室職員、地域社会、家畜、環境等に対し、重大な災害とならないもの、実験室内で曝露されると重篤な感染を起こす可能性はあるが、有効な治療法、予防法があり、伝播の可能性は低いもの。
3	ヒトに感染すると重篤な疾病を起こすが、他の個体への伝播の可能性は低いもの。

検体の近縁となった既知種の分離源情報

SIID35893-L1, L2

近縁菌種	<i>Loigolactobacillus rennini</i> (旧名 : <i>Lactobacillus rennini</i> )
分離源	レンニン (レンネット) およびチーズ (腐敗の原因菌として)
引用文献	CHENOLL (E.), MACIÁN (M.C.) and AZNAR (R.): <i>Lactobacillus rennini</i> sp. nov., isolated from rennin and associated with cheese spoilage. <i>Int. J. Syst. Evol. Microbiol.</i> , 2006, <b>56</b> , 449-452.
BSL	レベル 1
備考	

SIID35893-L3

近縁菌種	<i>Ligilactobacillus acidipiscis</i> (旧名 : <i>Lactobacillus acidipiscis</i> )
分離源	プラーラ (タイの発酵魚塩漬け)
引用文献	Japan Collection of Microorganisms, Institute of Physical and Chemical Research (RIKEN) BioResource Center, JCM on-line Catalogue ( <a href="http://www.jcm.riken.jp/">http://www.jcm.riken.jp/</a> ).
BSL	レベル 1
備考	

本報告書に付随する電子データ一覧

データ内容	形式
塩基配列テキストファイル	txt
エレクトロフェログラム	ab1

補足

1. 本報告書で示す検体の同定結果は、16S rDNA 部分塩基配列解析に基づき推定された帰属分類群です。分類学に基づく同定（最終的な種の異同の決定）には、形態観察や生理・生化学性状試験、DNA 塩基配列に基づく分子系統解析、化学的性状試験、DNA-DNA ハイブリッド形成試験などの試験結果から総合的に判断することが重要です。
2. 細菌の同定では、分類の基準となる基準株（種・亜種の命名基準）と比較することが重要とされています。本報告書では、各菌種・亜種の基準株の 16S rDNA 塩基配列との比較および解析の結果から、検体の帰属分類群を推定しています。
3. 本報告書で示す学名（菌種）に関する情報は、以下のウェブサイトにてご確認ください。  
LPSN-List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature (<http://www.bacterio.net/>)
4. DB-BA は、弊社と国立遺伝学研究所との共同開発品です。分類学的に細菌の同定を行う際は基準株との比較を行うことが重要であることから、当データベースは基準株に由来する 16S rDNA 塩基配列データのみを収録しています 2019 年 11 月時点 (DB-BA15.0) の収録数は 2,890 属、14,825 種、390 亜種です。
5. 国際塩基配列データベース (DDBJ/ENA(EMBL)/GenBank) に対する相同性検索の結果は、検索を実施した時点の情報です。国際塩基配列データベースの登録情報は常に更新されており、論文などを投稿する前には、再度相同性検索することをお勧めします。
6. 簡易分子系統解析は、論文などの投稿を前提としたアライメント結果の編集および系統樹の作成は行っておりません。
7. 本報告書で示すバイオセーフティレベル (BSL) は、日本細菌学会バイオセーフティ指針「病原細菌の BSL レベル」に従います。BSL はレベル 1 が最も低いものの、レベル 1 であっても日和見感染が報告されている種があり、その安全性を保障するものではありません。また、検体の帰属種または近縁種の BSL がレベル 2 以上である場合には、検体は同等の取扱いをされることをお勧めします。なお、本報告書では、日和見病原体については「BSL1\*」と表記しています。
8. 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) 中川恭好, 川崎浩子. 遺伝子解析法 16S rRNA 遺伝子の塩基配列決定法. 日本放線菌学会編集. *放線菌の分類と同定*. 東京: 日本学会事務センター; 2001. pp. 88–117.
- 2) Altschul SF, Madden TF, Schäffer AA, Zhang J, Zhang Z *et al.* Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. *Nucleic Acids Res* 1997;25:3389–3402.
- 3) Saitou N, Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987;4:406–425.
- 4) Kimura M. A simple method for estimating evolutionary rates of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *J Mol Evol* 1980;16:111–120.
- 5) Felsenstein J. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstrap. *Evolution* 1985;39:783–791.
- 6) Zheng J, Wittouck S, Salvetti E, Franz CMAP, Harris HMB, Mattarelli P, O'Toole PW, Pot B, Vandamme P, Walter J, *et al.* A taxonomic note on the genus *Lactobacillus*: Description of 23 novel genera, emended description of the genus *Lactobacillus* Beijerinck 1901, and union of *Lactobacillaceae* and *Leuconostocaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 2020;70:2782–2858.