

全ゲノム配列からの細菌同定用Webツール  
**TrueBac™ ID-Genome**  
年末キャンペーンのご案内

期間:2020年11月16日～2020年12月18日 弊社受注分まで

株式会社理研ジェネシス  
営業部

[www.rikengenesis.jp](http://www.rikengenesis.jp)

本案内中に記載の会社名および製品名は、弊社または各社の商標または登録商標です。  
本サービスは研究用です。診断目的には使用できません。

Voyage on  
Genome Era

# 細菌同定用Webツール TrueBac™ ID-Genome 年末キャンペーンのご案内

## ➤ TrueBac™ ID-Genome の特徴

- 独自のデータベースを使用し、**全ゲノム配列から細菌を同定可能なクラウドサービス**。
- データベースに含まれる全ゲノム配列および16S rRNA配列は、すべて、細菌分類学の専門家により確認済。
- Webサイトへアクセスし、データをアップロードするだけで、簡単に細菌を同定することが可能。
- **抗微生物薬耐性遺伝子と病原性因子も検出**。

## <解析結果例>

TrueBac™ ID - Genome Results

Results per page 20

Query name	Identified as	Decision	Similarity (%)	Genome size (bp)	Taxonomy	Date
417_ECOL	Escherichia coli group	DEFINITIVE	99.00	5,421,120	Enterobacteriaceae:Enterobacteriaceae:Escherichia	2018
✓ Mycoplasma hominis 403_MHOM	Mycoplasma hominis	DEFINITIVE	97.94	710,202	Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales; Mycoplasmataceae:Mycoplasma_g4	Oct 12, 2018
✓ Staphylococcus aureus 278_SAUUR	Staphylococcus aureus subsp. aureus	DEFINITIVE	99.02	2,827,406	Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Staphylococcaceae; Staphylococcus: Staphylococcus aureus	Oct 12, 2018
✓ Stenotrophomonas maltophilia 305_SMAL	Stenotrophomonas maltophilia	DEFINITIVE	97.45	4,732,922	Proteobacteria: Gammaproteobacteria; Lyso bacteriales: Lyso bacteraceae; Stenotrophomonas	Oct 12, 2018
✓ Burkholderia cenocepacia 528_BCEN	Burkholderia cenocepacia	DEFINITIVE	98.98	7,801,298	Proteobacteria: Betaproteobacteria; Burkholderiales: Burkholderiaceae: Burkholderia	Oct 12, 2018
✓ Escherichia coli 211_ECOLD	Escherichia coli group	DEFINITIVE	98.60	5,067,159	Proteobacteria: Gammaproteobacteria; Enterobacteriales: Enterobacteriaceae; Escherichia	Oct 12, 2018
✓ Mycoplasma hominis 387_MHOM	Mycoplasma hominis	DEFINITIVE	97.91	695,863	Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales; Mycoplasmataceae:Mycoplasma_g4	Oct 12, 2018
✓ Staphylococcus aureus 256_SAUUR	Staphylococcus aureus subsp. aureus	DEFINITIVE	99.05	2,709,682	Firmicutes: Bacilli: Bacillales: Staphylococcaceae; Staphylococcus: Staphylococcus aureus	Oct 12, 2018
✓ Stenotrophomonas maltophilia 30_SMAL	Stenotrophomonas sp.	DEFINITIVE_16S	99.72	5,138,564	Proteobacteria: Gammaproteobacteria; Lyso bacteriales: Lyso bacteraceae; Stenotrophomonas	Oct 12, 2018

Showing 1 to 20 of 1,235 entries

トップページ

TrueBac™ ID - Genome Result

Mycoplasma hominis 403\_MHOM is classified as Mycoplasma hominis genomic evidence

Discussion: DEFINITIVE

Genome size: 710,202 bp  
Number of contigs: 29  
GC content: 27.21%  
rRNA: 16S  
rRNA size: 20181010  
rRNA coverage: 1.8  
Sequencing depth: N/A  
Number of UBCG genes: 58 / 92

Download

ID results

Sequence file(s)

Rank	Hit taxon	ANI (%)	ANI coverage (%)	16S (%)	recA (%)	rplC (%)	Taxonomy
1	Mycoplasma hominis	97.94	96.6	100	97.20	100	Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4
2	Mycoplasma equihirnis			97.48			Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4
3	Mycoplasma arginini	87.62	7.1	96.35		82.31	Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4
4	Mycoplasma subdolum	87.54	3.9	96.25	77.98	80.27	Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4
5	Mycoplasma subdolum	86.62	3.5	95.10	75.59	81.30	Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4
6	Mycoplasma alkalescens	86.33	4.6	96.15	84.62	81.18	Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4
7	Mycoplasma orale	86.27	4.2	94.92	77.64	76.57	Bacteria:Tenericutes:Mollicutes:Mycoplasmatales:Mycoplasmataceae; Mycoplasma_g4

Showing 1 to 12 of 12 entries

全ゲノム配列ごとの細菌種候補リスト

# 細菌同定用Webツール TrueBac™ ID-Genome 年末キャンペーンのご案内

## ➤ キャンペーン期間

2020年11月16日～2020年12月18日 弊社受注分まで

## ➤ キャンペーン内容

1年間で200データまでの解析が可能な以下のライセンスをお値引きしてご提供。

ライセンスタイプ※1	解析データ数 /年間	入力ファイル	通常価格 (税別)	キャンペーン 価格※2 (税別)
Basic 200	200	FASTA	380,000 円	<b>280,000 円</b>
Premium 200	200	FASTA/FASTQ	550,000 円	<b>420,000 円</b>

※1 1年間で100データまで解析可能なライセンスもございます。ご希望の方は下記お問い合わせ先までご連絡下さい。

※2 2020年12月18日受注分までのキャンペーン価格です。

## ➤ お問い合わせ先

株式会社理研ジェネシス 営業部

〒141-0032

東京都品川区大崎1丁目2番2号

アートヴィレッジ大崎セントラルタワー8階

TEL: 03-5759-6042 E-mail: info2@rikengenesi.jp

<https://www.rikengenesi.jp>

# 全ゲノム配列からの細菌同定Webツール ／ TrueBac™ ID-Genome



本サービスはChunLab社との  
提携によりご提供いたします。

# TrueBac™ ID-Genome の概要

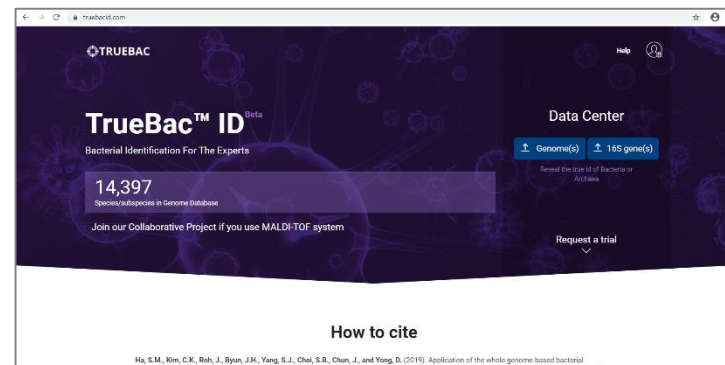
TrueBac™ ID-Genomeは、独自のデータベースを使用し、**全ゲノム配列から細菌を同定可能な**、ChunLab社のクラウドサービスです。

TrueBac™ データベースには、type strainやreference strainの全ゲノム配列、および speciesまたはsub speciesレベルで分類可能な16S rRNA配列が含まれ、それらはすべて、細菌分類学の専門家により確認されています。

TrueBac™ ID-Genomeは、臨床や製造の分野で重要性の高いほとんどの細菌が網羅され、全ゲノム配列を元にそれらを正確に同定します。

## TrueBac™ データベースの特徴

- 分類学上検証された1万以上のspeciesまたはsub speciesの精選された全ゲノムデータを搭載。
- 月毎のアップデート時に、文献等に記述のある100以上の新種を追加。
- 公的なデータと独自に作成されたデータを組み合わせ、質と信頼性を担保。



<https://www.truebacid.com/>

# TrueBac™ ID-Genomeの特長

- speciesまたはsub speciesレベルで正確に細菌を同定します。
- 抗微生物薬耐性遺伝子と病原性因子の検出が可能です。

	TrueBac ID-16S	TrueBac ID-Genome
Sequencing method	Sanger	NGS (Illumina, PacBio®, Ion Torrent, Oxford Nanopore®)
Input data format	FASTA	Assembled contigs as FASTA/JSON or Raw data as FASTQ
Criteria for identification	98.7% sequence similarity	95-96% average nucleotide identity (ANI)
Definitive species ID	Not possible	Possible
Processing time per strain	Minutes	Minutes
Extra Information	None	Antibiotic-resistance gene and Virulence gene profiles
Available service format	Web and API	Web and API

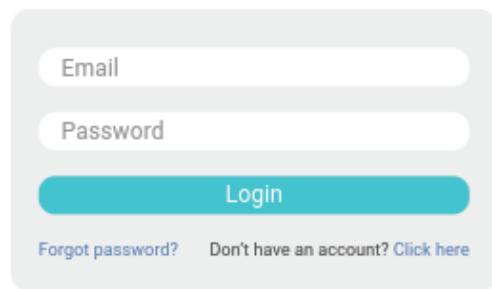
全ゲノム配列データ (0.5~16 Mb) から細菌を同定します。

入力データは、**全ゲノム配列データ (FASTA)** または **全ゲノムNGS生データ (FASTQ)** です。

Web上でご使用いただく解析ツールです。

# ワークフロー

TrueBac ID™ のWebサイトへアクセスし、データをアップロードするだけで、簡単に全ゲノム配列から細菌を同定することができます。



log in



Sequence Data upload  
(Drag & Drop)

Browse Results

<https://www.truebacid.com/> にアクセスし、ログインします。

※EzBioCloudのアカウントをお持ちでない場合は、新規登録が必要です。

塩基配列データ (FASTA) またはNGS生データ (FASTQ) をアップロードし、解析をスタートさせます。

解析結果をサイト上で閲覧します。

※解析結果の一例は、次ページ以降をご参照ください。

# TrueBac™ ID-Genomeの解析結果例

## 解析された全ゲノム配列と同定結果の一覧

TRUEBAC ID - Genome Results

Results per page 20

Query name	Identified as	Decision	Similarity (%)	Genome size (bp)	Taxonomy	Date
417_ECOL	Escherichia coli group	DEFINITIVE	99.00	5,451,200	Enterobacteriales,Enterobacteriaceae,Escherichia	2018
Mycoplasma hominis 403_MHOM	Mycoplasma hominis	DEFINITIVE	97.94	710,202	Tenericutes,Mollicutes,Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4	Oct 12, 2018
Staphylococcus aureus 278_SAU	Staphylococcus aureus subsp. aureus	DEFINITIVE	99.02	2,827,406	Firmicutes,Bacilli,Bacillales;Staphylococcaceae;Staphylococcus;Staphylococcus aureus	Oct 12, 2018
Stenotrophomonas maltophilia 305_SMAL	Stenotrophomonas maltophilia	DEFINITIVE	97.45	4,732,922	Proteobacteria,Gammaproteobacteria;Lysobacteriales,Lysobacteraceae;Stenotrophomonas	Oct 12, 2018
Burkholderia cenocepacia 528_BCEN	Burkholderia cenocepacia	DEFINITIVE	98.98	7,801,298	Proteobacteria,Betaproteobacteria;Burkholderiales,Burkholderiaceae;Burkholderia	Oct 12, 2018
Escherichia coli 211_ECOL	Escherichia coli group	DEFINITIVE	98.60	5,067,159	Proteobacteria,Gammaproteobacteria;	Oct 12
Mycoplasma hominis 387_MHOM	Mycoplasma hominis	DEFINITIVE	97.91	695,863		
Staphylococcus aureus 256_SAU	Staphylococcus aureus subsp. aureus	DEFINITIVE				
Stenotrophomonas maltophilia 30_SMAL	Stenotrophomonas sp.	DEFINITIVE				

Showing 1 to 20 of 1,235 entries

## 各全ゲノム配列の細菌種候補リスト

TRUEBAC TrueBac™ ID - Genome Result

Mycoplasma hominis 403\_MHOM is identified as Mycoplasma hominis by genomic evidence

Decision: DEFINITIVE

Genome size: 710,202 bp  
Number of contigs: 29  
GC content: 27.21%  
NSI: 76,008 bp  
Pipeline ver: 20181010  
Pipeline ver: 1.8  
Sequencing depth: N/A  
Number of UBCG genes: 58 / 92

Download: JSON

ID results: Sequence file(s) (Genome, Gene(s))

Hits

Rank	Hit taxon	ANI (%)	ANI coverage (%)	16S (%)	recA (%)	rplC (%)	Taxonomy
1	Mycoplasma hominis	97.94	96.6	100	97.20	100	Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4
2	Mycoplasma equirhinis			97.48			Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4
3	Mycoplasma arginini	87.62	7.1	96.35		82.31	Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4
4	Mycoplasma auris	87.54	3.9	96.25	77.98	80.27	Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4
5	Mycoplasma subdolium	86.62	3.5	95.10	75.59	81.30	Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4
6	Mycoplasma alkalescens	86.33	4.6	96.15	84.62	81.18	Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4
7	Mycoplasma orale	86.27	4.2	94.92	77.64	76.57	Bacteria;Tenericutes;Mollicutes;Mycoplasmatales;Mycoplasmataceae;Mycoplasma_g4

Showing 1 to 12 of 12 entries



# TrueBac™ ID-Genomeの解析結果例

## A. 全ゲノム配列データから選抜された細菌種候補リスト

**TRUEBAC** TrueBac™ ID - Genome Result

test | *Salmonella enterica subsp. enterica* by genomic evidence

**Candidate species**

No.	Hit taxon	ANI (%)	ANI coverage (%)	16S (%)	recA (%)	rplC (%)	Taxonomy
1	<i>Salmonella enterica subsp. enterica</i>	98.55	91.3	98.98	99.34	99.32	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella; Salmonella enterica
2	<i>Salmonella enterica subsp. salamae</i>	96.30	85.8	99.32	97.83	99.05	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella; Salmonella enterica
3	<i>Salmonella enterica subsp. indica</i>	95.82	83.1	98.57	98.02	98.41	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella; Salmonella enterica
4	<i>Salmonella enterica subsp. diarizonae</i>	95.49	79.9	99.39	97.39	99.36	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella; Salmonella enterica
5	<i>Salmonella enterica subsp. houtenae</i>	95.21	81.5	98.98	97.45	98.57	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella; Salmonella enterica
6	<i>Citrobacter koseri</i>	85.33	52.6	98.90	N/A	96.19	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Citrobacter
7	<i>Salmonella bongori</i>	90.21	79.8	98.63	92.84	97.78	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella
8	<i>Salmonella enterica subsp. arizonae</i>	93.56	79.9	98.50	96.52	98.89	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Salmonella; Salmonella enterica
9	<i>Citrobacter sedlakii</i>	84.81	45.1	98.29	N/A	N/A	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Citrobacter
10	PQLZ_s	84.87	42.1	98.29	91.43	N/A	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Citrobacter
11	CP011132_s	84.87	40.9	97.88	N/A	96.19	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Citrobacter
12	FC0P_s	84.49	28.8	97.74	N/A	95.87	Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Enterobacter

Showing 1 to 15 of 15 entries

① Sample name, Decision status, 全ゲノム配列の統計値が示されています。

② Download: 以下の解析結果をダウンロードすることができます。

- ID results (Candidate species, antibiotic resistance genes, virulence factors): excelまたはJSONフォーマット
- Sequence file (Assembled genome, 16S rRNAなど): FASTAフォーマット

③ Decision statement (細菌種の同定結果) が示されています。

④ Candidate species: Average Nucleotide Identification (ANI)を算出する前に候補として選抜された細菌種

# TrueBac™ ID-Genomeの解析結果例

## B. 抗微生物薬耐性遺伝子（Antimicrobial resistance gene）の検出結果

Antibiotic resistance gene(s)

Contig	Location	Orientation	Gene symbol	Sequence name	Class	% Coverage	% Identity	Alignment length	Closest acc	HMM id
7	676..1476	+	erm(F)	23S rRNA (adenine(2058)-N(6))-methyltransferase Erm(F)	MACROLIDE	100.00	98.87	266	WP_002682030.1	NF012223.0
17	52923..53372	+	arr	NAD(+)-rifampin ADP-ribosyltransferase	RIFAMYCIN	NA	NA	NA	NA	NF033144.1
20	53465..55390	+	blaESP	ESP-1 family subclass B3 metallo-beta-lactamase	BETA-LACTAM	NA	NA	NA	NA	NF000455.2
49	6951..7814	-	aadS	aminoglycoside 6-adenylyltransferase AadS	AMINOGLYCOSIDE	100.00	99.65	287	WP_003013318.1	NF033387.1
4	12096..12980	+	bla	class A beta-lactamase, subclass A2	BETA-LACTAM	NA	NA	NA	NA	NF012099.1

Showing 1 to 5 of 5 entries

- ① Sequence name: Antimicrobial resistance genes (AMRs)の遺伝子ファミリー名
- ② Class: AMRに関連するDrug class
- ③ % Coverage: query遺伝子によりカバーされたreference遺伝子の割合
- ④ % Identity: queryとreference間のアミノ酸配列の同一性
- ⑤ Alignment length: alignmentの合計長
- ⑥ Closest acc: Genbankのaccession number
- ⑦ HMM id: AMRFINDER HMM databaseのID

# TrueBac™ ID-Genomeの解析結果例

## C. 病原性因子（Virulence factors）の検出結果

Virulence factors

Contig	Location	Description	E-value	% Identity	% Coverage
6728	25..315	NP_752613 (entB) isochorismatase [Enterobactin (VF0228)] [Escherichia coli CFT073]	2.700e-140	97.59	100
6665	25..330	NP_752608 (fepD) ferrienterobactin ABC transporter permease [Enterobactin (VF0228)] [Escherichia coli CFT073]	7.660e-135	94.44	100
6230	c(22..351)	NP_757247 (fimG) FimG protein precursor [Type 1 fimbriae (VF0221)] [Escherichia coli CFT073]	7.770e-167	99.09	100
5923	c(5..319)	NP_460110 (csgG) curli production assembly/transport protein CsgG [Agf (VF0103)] [Salmonella enterica subsp. enterica serovar Typhimurium str. LT2]	3.370e-95	84.13	100
4726	15..200	NP_752613 (entB) isochorismatase [Enterobactin (VF0228)] [Escherichia coli CFT073]	1.190e-91	99.46	100
1629	10..320	YP_001006761 (FliC) flagellin subunit FliC [FliC (VF0041)] [Yersinia enterocolitica strain Yersinia enterocolitica strain 480/91]	0.000e-00	00.00	100

Showing 1 to 186 of 186 entries

- ① Description: Virulence Factors Database (VFDB)中のVirulence Factorsに関する記載。
- ② E-value: ランダムな配列の比較で、偶然に同じスコアが生じる可能性。低いほど相同性が高い。
- ③ % Identity: queryとreference間のアミノ酸配列の同一性
- ④ % Coverage: ターゲット配列によりカバーされたquery配列の割合

# TrueBac™ ID-Genome ライセンス

Service Name	TrueBac ID-Genome			
License Type	Basic 100	Basic 200	Premium 100	Premium 200
Price (exclusive of tax)	¥250,000	<del>¥380,000</del> 【キャンペーン価格※】 <b>¥280,000</b>	¥350,000	<del>¥550,000</del> 【キャンペーン価格※】 <b>¥420,000</b>
Number of analyses	100	200	100	200
Input file	FASTA		FASTQ & FASTA	
Data input to be processed	up to 3 Gb			
Data storage period	1 year			
Outcome	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Bacterial identification via whole genome sequences</li> <li>• Taxonomic assignment, List of Top hit taxa (up to 20), ANI(%), ANI coverage, 16S Similarity, Information about antibiotics resistance gene and virulence factor, etc.</li> <li>• Export in excel</li> </ul>		<ul style="list-style-type: none"> <li>• Bacterial identification via NGS whole genome sequences</li> <li>• Assembly, Taxonomic assignment, List of Top hit taxa (up to 20), ANI (%), ANI coverage, 16S Similarity, Information about antibiotics resistance gene and virulence factor etc.</li> <li>• Export in excel</li> </ul>	

※ 2020年12月18日受注分までのキャンペーン価格です。

# お問い合わせ先

株式会社理研ジェネシス 営業部  
〒141-0032  
東京都品川区大崎1丁目2番2号  
アートヴィレッジ大崎セントラルタワー8階  
TEL: 03-5759-6042 E-mail: info2@rikengenesi.jp

<https://www.rikengenesi.jp>



※弊社HP右上の“お問い合わせ”よりお問い合わせ頂けます。