



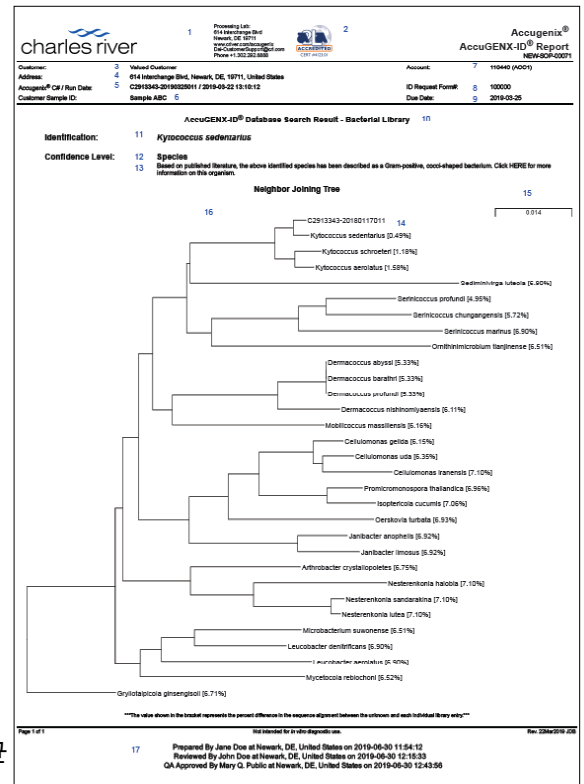
AccuGENX-ID® 동정 리포트 가이드 BacSeq & FunITS

해설

C2913343-20190325011 샘플은 *Kytococcus sedentarius* 와 가장 가깝게 매치되며, Neighbor Joining Tree 상에서 직접적으로 연결 되어있습니다. 의뢰 샘플은 가장 가깝게 매치되는 종과 16S 유전자의 첫 500 base-pair region에 염기서열에서 0.49%의 차이를 가집니다. 이 리포트의 최종 동정 결과는 종 (Species) 신뢰수준에서 *Kytococcus sedentarius* 입니다.

부분 설명

1. 샘플 프로세스가 진행된 Accugenix® 시험실
2. A2LA의 ISO 17025 인증 로고 및 인증서 번호
3. 고객 회사명
4. 고객 회사주소
5. 찰스리버에서 샘플마다 부여하는 고유번호 (C Number)와 데이터가 생성된 날짜와 시간
6. 의뢰 시 고객이 플레이트와 동정의뢰신청서(IRF)에 기재한 샘플명
7. 찰스리버에서 부여하는 고객 계정 번호
8. 찰스리버에서 각 동정의뢰신청서(IRF)마다 부여하는 번호 (IRF Number)
9. 동정 결과 리포트 발행 예정일
10. 분석에 사용된 미생물 라이브러리 정보
11. 최종 동정 결과
12. 동정 결과에 대한 신뢰수준 (Species, Species*, Genus, Family, Class, Order 또는 No Match [진균에 한정 : 미생물의 염기서열은 분석되었으나 현재 ITS2 진균 라이브러리에는 분류학명이 존재하지 않음.])
13. 동정 결과 종 (Species)에 대한 설명 정보 (종 신뢰 수준의 결과에 한하여 제공)
14. 의뢰 샘플과 라이브러리 내에 수록된 종의 염기서열 간의 차이 또는 백분율



15. %값은 옆에 제시된 선의 길이로 지도에서의 범례와 유사하며 Neighbor Joining Tree에 수평 거리 비율을 제공합니다. %값은 다소 임의적이거나 의뢰 샘플과 가장 가깝게 매치되는 첫 번째에서 열 번째 미생물의 %차이 사이의 값입니다.

16. Neighbor Joining Tree - 의뢰 샘플과 가장 가깝게 매치되는 상위 30종의 계통 분류학적 차이를 시각적으로 나타냅니다.

17. FDA regulation 21 CFR Part 11를 따른 전자서명

분석법

AccuGENX-ID®는 세균의 16S ribosomal RNA (rRNA) 유전자와 진균의 ITS2 region의 염기서열 분석을 통해 미생물을 확인합니다. DNA 염기서열의 품질을 평가하고 조합하여 검증된 Accugenix® 라이브러리와 비교합니다. 미생물 동정을 위해 훈련된 데이터 전문가가 계통수(Phylogenetic tree)를 분석합니다. 미생물 계통발생학자들이 유전적 다양성, 계통수의 분기 순서, 그리고 종간(interspecies)변이에 대한 지식 등을 참고하여 리포트를 분석하고 분류학적 신뢰 수준을 정하게 됩니다. 종종, ribosomal RNA region에서 16S 또는 ITS2 염기서열 분석으로는 분리할 수 없을 정도로 밀접하게 관련되어 있고 보존의 정도가 높은 미생물들이 있습니다. (찰스리버 동정 결과 리포트에 “Species*” 신뢰 수준으로 표시되며, 이는 “의뢰하신 샘플이 2종 또는 그 이상의 종과 밀접하게 매치된다”는 것을 나타냅니다).

찰스리버의 고유한 분석 방법을 사용하며, 자체적으로 구축하고 검증한 미생물 라이브러리와 비교하여 얻은 데이터 해석 결과와 계통 발생학적 분석을 바탕으로 미생물을 동정합니다. 과학적으로 입증된 방법과 지속적으로 업데이트되는 최신 미생물 라이브러리로 가장 정확한 미생물 동정 결과를 받아보실 수 있습니다.