

## 系統分類シンポジウム報告

# 平成 26 年系統分類シンポジウム 「新しい微生物同定のための機器分析、 MALDI-TOF/MS の利用と展開」

コンビーナー 川崎浩子  
(独立行政法人製品評価技術基盤機構バイオテクノロジーセンター (NBRC))

日本微生物資源学会第 21 回大会 (平成 26 年 9 月 4 日) において、日本微生物系統分類研究会との協賛による初めての「系統分類シンポジウム」が開催された。微生物資源学会は 23 のカルチャーコレクション機関会員、19 の賛助会員、そして多くの微生物学研究者により構成されており、会員の共通の目的は、適切に管理された微生物の提供や利用である。日本微生物系統分類研究会の目的は、微生物系統分類学の発展と普及並びに微生物系統分類学に携わる人々の交流である。そこで、日本微生物資源学会と日本微生物系統分類研究会の共通の話題である微生物同定を、第 1 回系統分類シンポジウムのテーマとして選び、現在、臨床医療分野やカルチャーコレクションおよび食品企業等の品質管理分野を中心に広く普及し始めているマトリックス支援レーザー脱離イオン化質量分析 (MALDI-TOF/MS) を用いた微生物同定法に関するシンポジウムを開催した。本分野の先駆的研究者を国内外より招聘し、その基礎、応用、そして課題に至る様々な話題についてご講演いただいた。

MALDI-TOF/MS を用いた微生物同定法の基本的原理は、少量の微生物検体を用い、簡易な溶菌方法にてタンパク質を溶出させ、それらタンパク質を精製することなく MALDI-TOF/MS に供し、タンパク質を気化そしてイオン化させ網羅的質量パターンを取得し、予め作成した各種微生物のタンパク質量パターンデータベース (市販のデータベースも有り) との指紋判定により微生物を同定する。本方法の利点は、①少量の細胞量で分析が可能であること (大腸菌のようなグラム陰性細菌の場合、爪楊枝の先についた非常にわずかな細胞量で分析可能)、②細胞の溶菌から同定結果を得るまでにかかる時間が短いこと (最短で 10 分程度)、③種レベル以下の識別も可能であること (微生物の種類による)、④ランニングコストが安価であること (1 検体 100 円以下) の 4 点が挙げられる。このことから、実用的観点から見れば、ゴールドスタンダードであるリボソーム RNA 遺伝子を用いた微生物同定法と比較してより優れているとも言える。しかし、多様な微生物に対応した前処理方法 (タンパク質の溶解)、分類学的に網羅したデータベースの構築、実験結果の安定性、分析機器に依存するタンパク質パターンなど、課題も多く残されているのが現状である。

本シンポジウムでは、本方法の実用化に向けた開発とグローバルにその普及に努められてこられた、ドイツ DSMZ の Peter Schumann 博士、ポルトガル Minho 大学の Nelson Lima 教授と Cledir Santos 博士を招いて、バクテリアから真菌類までの幅広い微生物の同定について、本方法の取り組みと現状についてご講演いただいた。さらに、名城大学の田村廣人教授には、MALDI-TOF/MS を用いた特定のタンパク質量の比較分析による微生物の迅速同定法について研究成果を発表していただき、既存の方法が抱える課題の克服に向けた今後の展開についてご講演いただいた。

MALDI-TOF/MS を用いた微生物同定法は、実用化の観点より非常に魅力的な方法である。一方、課題も多いことから、課題の克服には研究者間の情報共有が欠かせない。データベースの整備も重要である。このシンポジウムを機会に日本の微生物同定の分野における本方法の改良と普及が加速し、皆様の研究開

発および微生物管理の助けになることを願う。尚、本シンポジウムは公益財団法人発酵研究所 IFO の助成を受けて開催された。厚く御礼を申し上げたい。

#### 概要

大会名：日本微生物資源学会第 21 回大会

日 時：2014 年 9 月 4 日（木）11：15-13：15

場 所：東京都世田谷区・東京農業大学世田谷キャンパス 1 号館 531 教室

- 11：15-11：45 S2-1 “Application of MALDI-TOF MS in the quality control of culture collections”  
Peter Schumann  
Leibniz Institute DSMZ-German Collection of Microorganisms and Cell Cultures,  
Braunschweig, Germany
- 11：45-12：15 S2-2 “Nuances on the application of MALDI-TOF Mass Spectrometry for the microbial  
identification”  
Cledir Santos<sup>1,2</sup>, Nelson Lima<sup>1</sup>  
<sup>1</sup>Micoteca da Universidade do Minho, Centre of Biological Engineering, Braga, Portugal  
<sup>2</sup>Post-Graduate Programme in Agricultural Microbiology, Federal University of Lavras,  
Lavras, MG, Brazil
- 12：15-12：45 S2-3 “Next-generation of omics for microbial identification and characterization: what  
is needed?”  
Nelson Lima<sup>1</sup>, Cledir Santos<sup>1,2</sup>  
<sup>1</sup>Micoteca da Universidade do Minho, Centre of Biological Engineering, Braga, Portugal  
<sup>2</sup>Post-Graduate Programme in Agricultural Microbiology, Federal University of Lavras,  
Lavras, MG, Brazil
- 12：45-13：15 S2-4 “The challenge to proteotyping of bacteria based upon the *SI0*-GERMS method”  
Hiroto Tamura  
Meijo University, Nagoya, Japan