

セバシア菌群 (*Burkholderia cepacia* complex) の MALDI-TOF MS直接測定データのAXIMA微生物同定システムによる解析

Analysis of MALDI-TOF Mass Spectra of Intact Cells of The *Burkholderia cepacia* Complex
Using AXIMA Microorganism Identification System.

セバシア菌群 (*Burkholderia cepacia* complex) は土壌や河川などの自然環境に常在するブドウ糖非発酵グラム陰性桿菌です。有害物質の分解能や抗生物質生産などの有用機能を有する系統は、環境修復や微生物農業素材として利用されていますが、一方で、植物病原菌や日和見感染症の原因菌となる菌種や系統の存在も知られています¹⁾。系統によって功罪両面を持つセバシア菌群の分類・同定は重要ですが、その遺伝的多様性から遺伝子検査による迅速同定が妨げられたり、しばしば誤同定が起こったりします²⁾。確実な同定には複数の試験を必要とする

ことから、正確でかつ迅速・簡便な新しい手法がかねて求められていました。

MALDI-TOF MSを用いたAXIMA微生物同定システムは迅速・簡便という大きな特長があり、既存の手法を補う新しい手法として期待されます。ここでは、本システムによりセバシア菌群の分類・同定が迅速・簡便かつ正確に行えた例³⁾をご紹介します。

K. Shima

注：AXIMA微生物同定システムの使用は研究用途に限ります。臨床診断目的の使用は行えません。

Fig. 1 にAXIMA微生物同定システムによる微生物同定のながれを示します。1) 微生物試料の採取を行います。10⁶cells/ サンプルウェル程度のごく微量の試料量から分析が可能です。2) 採取した菌体をMALDI-TOF MSのサンプルプレートウェルに塗布します。塗布した菌体を

MALDIのイオン化補助剤であるマトリックスと混合し、試料が乾燥すれば試料調製は完了です。3) 調製した菌体試料を、MALDI-TOF MSを用いた微生物同定システム、“AXIMA微生物同定システム”で解析することにより、試料の微生物種同定や分類が行えます。

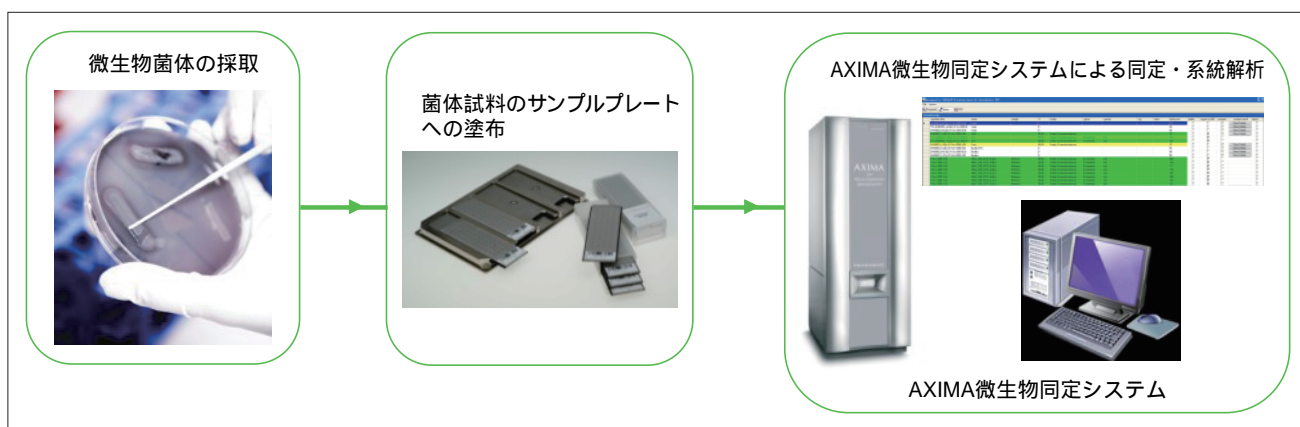


Fig.1 AXIMA微生物同定システムによる微生物同定のながれ
Schematic Overview of The Analysis of MALDI-TOF Mass Spectra of Intact Cells of Microorganisms Using AXIMA Microorganism Identification System.

参考文献：

- 1) 農業環境技術研究所ウェブサイト <http://www.niaes.affrc.go.jp/>
- 2) LiPuma, J. J., et al., Curr. Opin. Pulm. Med. 2005, 11, 528-533
- 3) E. Vanlaere, et al., ECCMID 2007 Munich, Germany.

謝辞：

本アプリケーションニュースはUniversity of GentのDr. P. Van DammeとAnagnosTec社のDr. M. Erhardとの共同研究によって得られた結果をもとに作成しています。

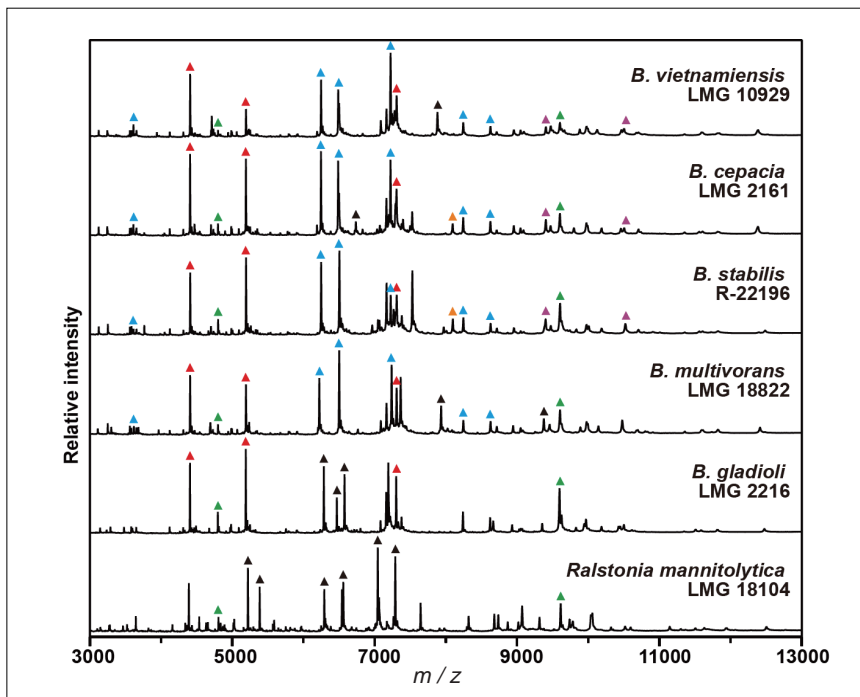


Fig. 2 セバシア菌群と非セバシア菌群のマスマスペクトル例
 : 全株において検出されたピーク。 : 全てのBurkholderiaで検出されたピーク。
 : セバシア菌群で検出されたピーク。 : 3つのセバシア菌群で検出されたピーク。
 : 2つのセバシア菌群で検出されたピーク。 : 株特異的なピーク。
 Exemplary Mass Spectra of Bcc and non-Bcc strains.

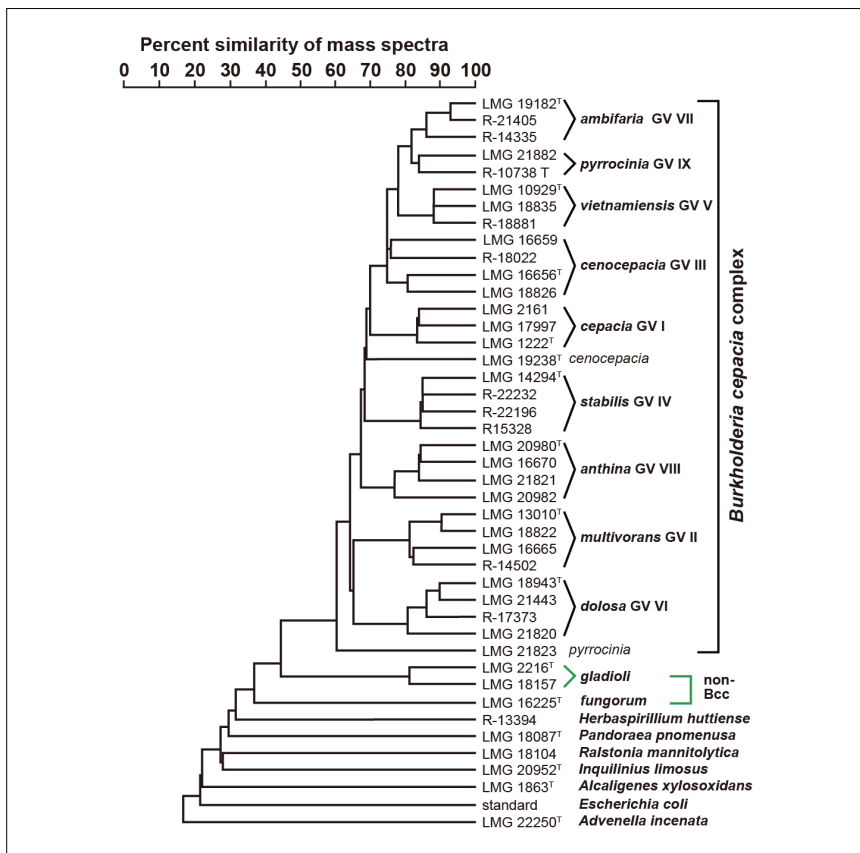


Fig.3 解析ソフトによる各株のマスマスペクトルデータの系統解析結果
 Dendrogram Based on Similarity of Mass Spectra of Individual Strains Calculated
 with The Software Using a Single-link Agglomerative Clustering Algorithm.

セバシア菌群と非セバシア菌群のマスマスペクトル例をFig. 2に示します。AXIMA微生物同定システムの微生物同定・分類の効果を確認するために、全ての試料の分析はブラインドで行っております。B. gladioliとRalstonia mannitolytica以外はセバシア菌群です。Burkholderia属、セバシア菌群、各微生物種の識別を可能とする特徴的なピークがそれぞれ検出されています。なお、検出されているピークの多くは、リボソーム蛋白質由来の成分です。

AXIMA微生物同定システムの解析ソフトによる各株のマスマスペクトルデータの系統解析結果をFig. 3に示します。セバシア菌群と非セバシア菌群が明瞭に区別されています。セバシア菌群と非セバシア菌群間で共通するピークは40%程度だったのに対し、セバシア菌群内では80%程度のピークが共通しており、系統樹にもその結果が反映されています。

以上の結果から、AXIMA微生物同定システムによりセバシア菌群の迅速同定・分類が可能であることが示されました。従来の同定法には無い特長を持つ本システムは、微生物の同定・分類が必要なあらゆる分野において強力なツールとなることが期待されます。

初版発行：2010年4月

 島津製作所 分析計測事業部 応用技術部

島津分析コールセンター

☎ 0120-131691(携帯電話不可)
 ● 携帯電話専用番号(075)813-1691

本資料は発行時の情報に基づいて作成されており、予告なく改訂することがあります。改訂版は下記の会員制Web Solutions Navigatorで閲覧できます。
<https://solutions.shimadzu.co.jp/solnavi/solnavi.htm>

会員制情報サービス「Shim-Solutions Club」にご登録ください。
<https://solutions.shimadzu.co.jp/>
 会員制Webの閲覧だけでなく、いろいろな情報サービスが受けられます。