

理論タンパク質情報を活用した新しいMALDI微生物同定法による *Acinetobacter*属菌の同定

○大久保 達樹¹、寺本 華奈江¹、川崎 浩子²、山田 賢志¹、押川 倫憲¹、岩本 慎一¹、田中 耕一¹
1) 株式会社 島津製作所 2) 独立行政法人 製品評価技術基盤機構 (NITE)

MALDI-TOFMSによる微生物同定

MALDI-TOFMSを用いた微生物同定 (MALDI微生物同定)

- 低コスト/迅速な測定/簡便な試料調製がメリット
- 臨床分野や食品分野で普及

MALDI微生物同定における課題

- 従来技術では識別が困難とされてきた微生物群の存在
- 代表例: *A. calcoaceticus-baumannii* (ACB) complex

*A. baumannii*の重要性

- 院内肺炎起因菌として重要視
- 高い抗菌薬耐性による院内感染のリスクを包含

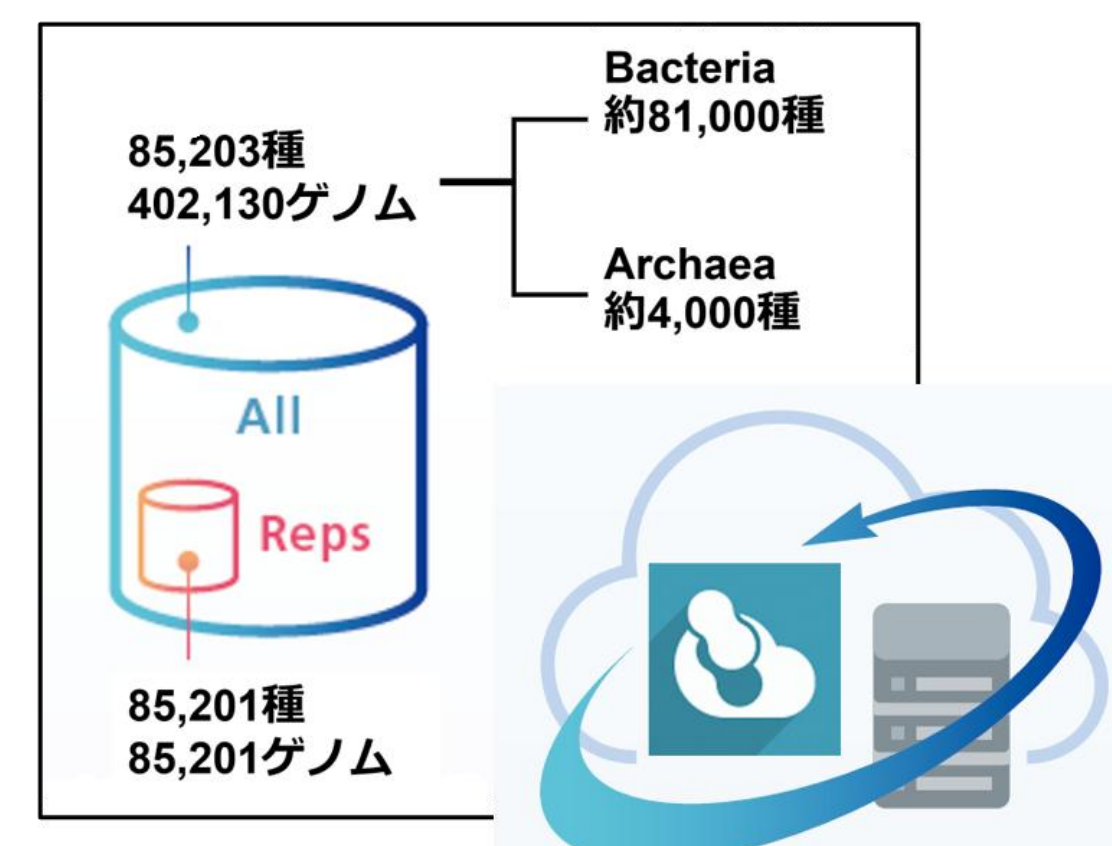
MicrobialTrack™が切り拓く新たな微生物同定

MicrobialTrackの同定技術

- MALDIによる実測質量とゲノム情報から予測される理論質量の比較
- 特にリボソームタンパク質を重視した設計
- 膨大な菌種を搭載した2種類のデータベース

MicrobialTrackのメリット

- クラウドサービスであるため専用PCは不要
- 設定パラメータが少なく、操作が容易
- マスペクトルに理論タンパク質の情報
が付加されるため詳細な解析が可能



MicrobialTrackを用いたMALDIマスペクトル解析フロー



測定対象微生物および培養と測定の条件

測定対象微生物

- ACB complexを構成する6種の内4種 (*A. baumannii*, *A. calcoaceticus*, *A. nosocomialis*, *A. pittii*)
- 各菌種の基準株を含む33株

培養と測定の条件

- 培養: Heart Infusion Agar培地を用いて30°C/20時間
- 試料調製: ギ酸処理した試料菌体とマトリックス溶液 (CHCA)
- 測定: AXIMA Performance™のLinear Positiveモードを用いて m/z 2,000~20,000の範囲

実験方法

- パラメータ (ノイズ除去のための閾値) はデフォルト値
- MicrobialTrack搭載の2種類のデータベースで同一データを解析
- 2つの解析結果 (第1候補の菌種名) が結果の信頼度 (4段階で表示される) を含めて一致するものを抽出
- マスペクトル解析結果の確認および同定結果の集計を実施

MicrobialTrackによるACB complexの同定実験

*A. baumannii*のマスペクトル解析結果

