

講演番号：2C7a07

講演日時：3月25日 10:44～ 1号館 C7会場

ゲノム情報から予測した大規模タンパク質量情報と質量分析による広範囲な原核微生物の迅速同定
A large-scale genomically predicted protein mass database enables rapid and broad-spectrum identification of bacterial and archaeal isolates by mass spectrometry

○関口 勇地¹、寺本 華奈江²、Tourlousse Dieter¹、大橋 明子¹、濱嶋 麻裕¹、三浦 大典¹、山田 賢志²、岩本 慎一²、田中 耕一² (1産業技術総合研究所、²島津製作所)

○Yuji Sekiguchi¹, Kanae Teramoto², Dieter Tourlousse¹, Akiko Ohashi¹, Mayu Hamajima¹, Daisuke Miura¹, Yoshihiro Yamada², Shinichi Iwamoto², Koichi Tanaka² (1National Institute of Advanced Industrial Science and Technology (AIST), 2Shimadzu Corporation)

マトリックス支援レーザー脱離イオン化飛行時間型質量分析法 (MALDI-TOF MS) による微生物同定法は、迅速同定技術として特に臨床検査分野等で広く活用されている。本技術は、参照情報として菌体培養液等を利用した実測参照スペクトルが必要であり、未培養微生物を含む多様な分離株の同定は不可能であった。本研究では、MALDI-TOF MS による細菌および古細菌にまたがる広範囲な微生物種の同定のため、大規模ゲノム情報を利用した新しいアプローチを考案、その有効性を検証した。公共データベース上で利用可能な約 20 万件の細菌および古細菌のゲノム配列情報を取得、予測されるタンパク質量の大規模データベースを構築した (およそ 3 万種にまたがる原核微生物理論タンパク質量情報)。本データベースを利用した新しい同定アルゴリズムを開発、本技術により種レベル以下で微生物を識別する能力を検証したところ、測定されたスペクトルの 90%以上について正しく同定されることが確認された。さらに、メタゲノム情報から得られた再構築ゲノム配列を上記データベースに追加することにより、メタゲノム情報を得た同じ試料からの微生物培養、分離での未培養微生物の同定が可能であることも実証した。本技術とメタゲノミクスの活用により、マイクロバイオーム研究でのカルチャロミクスにおける分離株のスクリーニングの有効性が確認された。これら技術により、微生物検査における MALDI-TOF MS のさらなる活用範囲の拡大が期待される。

MALDI-TOF MS enables rapid and high-throughput microbial identification, but its reliance on reference spectral libraries limits the screening of diverse collections of isolates, including uncultured lineages. We present a new strategy and toolkit for broad-spectrum identification of bacterial and archaeal isolates by MALDI-TOF MS. This is enabled by a large-scale database of protein masses predicted from nearly 200,000 publicly available bacterial and archaeal genomes. We verified the ability of the toolkit to identify microorganisms at the species level and below, achieving correct identification for >90% of measured spectra. We further demonstrate its utility by identifying uncultured strains from mouse faeces with metagenomics; this allows the identification of new strains by customising the database with metagenome-assembled genomes. We anticipate that our toolkit will substantially accelerate the screening of the thousands of isolates generated in microbiome studies and further support the broader use of MALDI-TOF MS in microbial testing.

genomics, proteomics, microbial identification

発表責任者：関口勇地 (y.sekiguichi@aist.go.jp)