

MALDI-TOF-MS を用いた *Nocardia* 属菌種同定の有用性についての検討

◎小野寺 梓<sup>1)</sup>、小棚 雅寛<sup>1)</sup>、大金 佳菜<sup>1)</sup>、河村 亨<sup>1)</sup>、武内 信一<sup>1)</sup>、前田 卓哉<sup>1)</sup>  
埼玉医科大学病院<sup>1)</sup>

## 【はじめに】

遺伝子解析技術の進展に伴い、現在 80 種類以上の *Nocardia* 属が独立した菌種として報告される。それらは菌種により薬剤感受性や病態に差異があると考えられていることから、*Nocardia* 属の菌種同定は重要とされる。

菌種同定のゴールド・スタンダードは 16S rRNA シーケンスを用いた系統解析であるが、MALDI-TOF-MS を用いた菌種同定も報告される。本研究では両者の一致率を明らかにし、*Nocardia* 属の菌種同定における MALDI-TOF-MS の有用性を検証した。

## 【対象】

調査期間：2011 年 8 月 26 日～2021 年 8 月 6 日

対象株：当該期間に分離培養された *Nocardia* 属 30 株

検体：呼吸器系 27 件、血液・穿刺液系 2 件、その他 1 件

## 【方法】

Bacterial 16S rDNA PCR Kit (TaKaRa) で 16S rRNA 遺伝子を増幅後、サンガーシーケンスにより配列情報を入手した。さらに、入手した配列とデータベースにある各菌種の Type

strain の配列情報を用いて系統解析を実施し、菌種を同定した。次に、MALDI Biotyper (Bruker) を用いたギ酸/エタノールによる抽出法にて同定を行った。

## 【結果】

16S rRNA 遺伝子解析の結果、*N. abscessus* 5 件(16.7%)、*N. asiatica* 5 件(16.7%)、*N. elegans* 4 件(13.3%)、*N. nova* 3 件(10.0%)、*N. puris* 3 件(10.0%)、*N. veterana* 3 件(10.0%)、*N. aobensis* 2 件(6.7%)、*N. cyriacigeorgica* 2 件(6.7%)、*N. araoensis* 1 件(3.3%)、*N. beijingensis* 1 件(3.3%)、*N. wallacei* 1 件(3.3%)であった。MALDI-TOF-MS で種同定できたものは 18 件(60%)、そのうち誤同定は 1 件あった。最終的な 16S rRNA 遺伝子解析との一致率は 56.7% (17/30)であった。

## 【考察】

MALDI-TOF-MS を用いた検討では、多くの分離株で同定が困難であった。理由として、現状のライブラリー登録件数が少ないことが考えられる。そのため、ライブラリーの更なる充実が必要であると考えた。