微生物迅速同定システムを活用した食品微生物検査体制の構築

- 新時代の食品衛生管理のために -

Establishment of a food microbiological inspection system utilizing MALDI-TOF-MS

- For food sanitation management in a new era -

小倉 亮、木村佳奈、高橋 匡、阿部美菜子*、宮部好克**、小倉拓也**、前田美聖*** (*食品総合研究所、**農産物加工研究所、***下北ブランド研究所)

SDGsへの関心の高まりや、クレーム対応の必要性から、食品加工企業では製品中・工程中における微生物の検出のみならず菌種同定に対するニーズが高まっている。菌種同定については DNA 解析に基づく手法が現在の主流となっているが、時間・経済的なコストが高いという課題がある。一方近年は、MALDITOF-MS を利用した微生物迅速同定技術が発達してきているものの、既知の菌種と MS スペクトルを紐づけしたライブラリがまだ不十分であるため、同定精度が高くないという現状にある。

そこで本研究では、食品加工業界のニーズに応えられる検査体制を構築することを目的とし、県内加工食品等から採集した微生物について、DNA解析に基づく菌種同定と、MALDI-TOF-MSによる分析を行い、菌種を同定した微生物についてはMSスペクトルとの紐づけを行ってライブラリ登録することで、MALDI-TOF-MSによる微生物迅速同定精度の向上を目指す。

令和6年度には、研究所間で MALDI-TOF-MS に供する試料調整手順や試験法を共有・統一化した上で、各研究所および県内食品加工場から合計 678 株の微生物を採集した。採集した微生物のうち 480 株についてギ酸/アセトニトリル抽出を行い、MALDI-TOF-MS 分析を行った。分析の結果、未同定の株、あるいは菌種は未同定であるが同一菌種であると判断できるクラスターについては代表株について、計 28 株を DNA 抽出・PCR・塩基配列決定し、BLAST 検索による菌種同定を行った。(図)

本研究により、弘前工業研究所が所有する MALDI-TOF-MS を用いて食品微生物を同定した場合、現時点での同定精度は 50%程度であることが分かった。また、菌種を同定できなかったとしても複数菌株の MS スペクトルから類似度を算出することで、最終製品から検出された微生物が製造工程のどこに由来したかを推測できることや、複数年度にわたって同じ微生物が検出されているかどうかを判断でき、衛生管理上有用なツールとなることが分かった。

