

## 16S rRNA塩基配列解析による菌種同定支援

坂本 雅子, 弘田 和枝, 向井 紀枝 (財) 阪大微生物病研究会 臨床検査部)  
上村 高明 (財団法人阪大微生物病研究会 観音寺研究所)

《目的》近年、遺伝学を中心とした菌種分類により、自動機器や同定キットで同定不能な菌株に遭遇するケースがある。今回我々は人由来の臨床分離菌株および環境由来菌株で自動機器では同定に苦慮し、16S rRNA塩基配列解析により菌種の確定できたケースを経験できたので報告する。

《方法》16S rRNAをコードしているDNAをオリジナルプライマーを用いて増幅し、そのPCR産物の塩基配列を相同性検索ツールを用いて、既存のデータベースから菌種の推定を行った。

《結果》症例1)は組織壊死病変部より分離した菌株でMicroScan WalkAwayでVibrio spp.と同定され、16S rRNA解析によりV. vulnificusに99%相同性で一致した。症例2)は蜂窩織炎の血液、皮膚水疱穿刺液、筋組織から分離された菌株で、MicroScan WalkAway40 Neg Combo 6JパネルによってAeromonas hydrophilaと同定されたが、16S rRNA解析によりA. veroniiに99%で一致した。症例3)は環境水由来菌株でグラム染色性陽性の桿菌で16S rRNAで

はMicrobacterium spp.に99.6%で一致した。症例4)も環境水由来のグラム染色性不定の桿菌で、16S rRNAではMethylobacterium fujisawaeに99.6%で一致した。

《考察》症例1)2)は従来手法による同定手段で同定されてきた菌種であることから、いずれも16S rRNA解析によらずとも術者の的確な対応が重要となる。しかし、症例3)および4)は環境由来菌株で常用同定キットでは同定できず、16S rRNA解析による菌種同定支援が有用であった。日和見感染症において、今後このような環境由来菌へも注意する必要がある、16S rRNA塩基配列解析の必要性が高まるものと思われる。

連絡先：06-6877-4801