

【諸言】自然界の微生物は、お互いに影響を及ぼしあって複雑なネットワークを構築し、微生物生態を形成している。微生物生態を研究するためには多量の試験体を迅速に処理できる分析技術が必要である。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計(MALDI-TOF-MS)は、簡便で精密な分析機器であり、タンパク質などの生体分子の分析に頻用されている。これを用いて微生物のもつタンパク質を分析し、細菌類の種を同定するシステムが開発されているが、糸状菌類、特に担子菌類を同定する技術は開発されていない。本研究では、MALDI-TOF-MS を用いて糸状菌類や担子菌類の同定を行う技術を開発することを実験の目的とした。

【実験方法】本研究室で保有している担子菌 6 種 14 株を供試菌とし、GYP 培地(2%グルコース、0.5% イーストエキストラクト、0.5%ポリペプトン)を用いた 25°Cの暗所で静置培養した。水洗した菌糸を回収し、バイオマッシャーⅢ(ニッピ、東京)を用いて細胞を破碎し、ギ酸とアセトニトリル(1:1)を抽出溶媒としてタンパク質を抽出した。この抽出物について MALDI-TOF-MS でスペクトルを取得し、種間および種内での再現性を検討した。

【結果】同じ属で異なる種のアラゲカワラタケ(*Trametes hirsuta* NBRC4920)とカワラタケ(*T. versicolor* NBRC30340)のスペクトルは非常に類似したスペクトルが観測された。しかし、同じ属でもヒラタケ(*Pleurotus ostreatus* NBRC30160)とヒラタケ(*P. ostreatus* NBRC33211)のスペクトルは異なっていた。以上のように属レベルでの同定が可能なグループ、種内でも多様性のあるグループがあることが明らかとなった。