

LETTER TO THE EDITOR

TO THE EDITOR:

本誌第 27 巻第 2 号の香川先生らの論文¹⁾を興味深く拝読しました。臨床分離される *Enterobacter cloacae* complex (Ecl) は, Eh の頻度が最も高いとされております^{2) 3) 4)}。ただし, 論文で用いられた 16s rDNA 配列の相同性解析では菌種同定は不可能で, *hsp60* 等での解析が必要とされています⁵⁾。全ゲノム解析による検討からも, *E. xiangfangensis* は *E. hormaechei* (Eh) の subspecies と考えられており²⁾, これらの鑑別は重要と考えます。対象株の全ゲノムデータがあるのであれば, これを用いた正確な菌種同定 (基準株との average nucleotide identity 等) や sequence type 解析を行うことが不可欠と考えます。全ゲノムシーケンシングのアセンブリ結果など基本情報の開示や公開データベースへの登録もお願い致します。

引用文献

- 1) 香川成人, 森 伸晃, 青木弘太郎, 他. 2017. 救命救急センターで分離されたメタロ- β -ラクタマーゼ産生 *Enterobacter hormaechei*/*Enterobacter xiangfangensis* 4 株の分子疫学のおよび患者背景の解析. 日臨微誌 27: 81-87.
- 2) Chavda, KD, L Chen, DE Fouts, G Sutton, et al. 2016. Comprehensive Genome Analysis of Carbapenemase-Producing *Enterobacter* spp.: New Insights into Phylogeny, Population Structure, and Resistance Mechanisms. MBio 7: e02093-16.
- 3) Matsumura, Y, G Peirano, MR Motyl, MD Adams, et al. 2017. Global Molecular Epidemiology of IMP-Producing Enterobacteriaceae. Antimicrob Agents Chemother 61: e02729-16.
- 4) Kremer, A, H Hoffmann. 2012. Prevalences of the *Enterobacter cloacae* complex and its phylogenetic derivatives in the nosocomial environment. Eur J Clin Microbiol Infect Dis 31: 2951-2955.
- 5) Hoffmann, H, A Roggenkamp. 2003. Population genetics of the nomenclotype *Enterobacter cloacae*. Appl Environ Microbiol 69: 5306-5318.

松村康史 (京都大学大学院医学研究科 臨床病態検査学)

FROM THE AUTHOR:

重要なコメントを頂き感謝申し上げます。ありがとうございました。

今回報告した全ゲノム配列データの Accession number は BioProject: PRJDB5806, BioSample: SAMD00080817, SRA: DRR093013, WGS: BDSF01000001-BDSF01000549 です。データの登録が遅れ, ご確認いただけなかったことをお詫びいたします。

ご指摘いただきました *rpoB*, *gyrB* および *hsp60* による同定は, 論文では示しませんでしたでしたが検討しました。その結果, *Enterobacter cloacae* と同定されましたが, この塩基配列データの菌種名には亜種の記載がなく, 生化学的手法による同定結果に紐付けされていると考えられました。したがって, この解析結果は採用できないと判断しました。

新菌種の提案や細菌の同定に関する専門誌である International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology に松村先生も記載されている average nucleotide identity (ANI) value による菌種同定¹⁾と同定用アプリケーション²⁾についての論文が掲載されています。Kim らは同菌種の threshold を 95-96% とすることの提案をしています¹⁾。私たちはこのアプリケーションと基準により同定しました。TUM13743 株の ANI value は, *E. cloacae*, *E. hormaechei* および *E. xiangfangensis* に対してそれぞれ 87.13%, 94.52% および 95.95% を示しました。したがって, 本菌種は, *E. hormaechei* ではなく ANI value が 95% を上回った *E. xiangfangensis* と同定しました³⁾。

今回は ANI value をもとに同定しましたが、それにも問題点があることは理解しています。ゲノム解析, MALDI-TOF MS あるいは従来法による菌種同定結果間に不一致があることは周知の事実です。分子生物学的手法によって腸内細菌科細菌の標準化された同定手法の構築と登録されているゲノムデータベースの評価が急務であると考えています。

引用文献

- 1) Kim, M, HS Oh, SC Park, J Chun. 2014. Towards a taxonomic coherence between average nucleotide identity and 16S rRNA gene sequence similarity for species demarcation of prokaryotes. *Int J Syst Evol Microbiol* 64: 346-351.
- 2) Lee I, Y Kim, SC Park, J Chun. 2015. OrthoANI: An improved algorithm and software for calculating average nucleotide identity. *Int J Syst Evol Microbiol* 66: 1100-1103.
- 3) 香川成人, 森 伸晃, 青木弘太郎, 他. 2017. 救命救急センターで分離されたメタロ- β -ラクタマーゼ産生 *Enterobacter hormaechei*/*Enterobacter xiangfangensis* 4 株の分子疫学のおよび患者背景の解析. *日臨微誌* 27: 81-87.

香川成人¹⁾, 石井良和²⁾

¹⁾独立行政法人国立病院機構東京医療センター臨床検査科, ²⁾東邦大学医学部微生物・感染症学講座