

# MALDI-TOF MS による微生物同定法と食品製造分野への応用

千葉 紘子\*

(株式会社明治 研究本部 衛生微生物研究ユニット, 〒192-0919 東京都八王子市七国 1-29-1)

## Microbial Identification by MALDI-TOF MS and Its Application in the Dairy and Food Manufacturing Industry

Hiroko Chiba

(Microbiological Hygiene Research Unit, R&D Division Meiji Co., Ltd. 1-29-1 Nanakuni, Hachioji, Tokyo 192-0919, Japan)

### 要 旨

簡便で迅速な微生物同定技術として MALDI-TOF MS (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) を用いた微生物同定法が注目されている。微生物の質量スペクトルを取得し、そのパターンをデータベースと照合することで菌種を同定する。本同定技術は当初、臨床系の分野で導入が進んでいたが、近年、食品衛生分野でも広がりを見せており、今後も加速することが予想される。当社は、微生物同定業務の効率化を目的として 2012 年に本技術を導入し、以後、製品や製造環境の微生物管理に役立てている。導入前の検証では食品や環境調査由来株の同定精度が低いことに課題があったが、自社データベースの拡充や産官学コンソーシアムへの参画を通じ、同定精度向上に取り組んできた結果、近年では高精度な菌種同定が可能となっている。また MALDI-TOF MS を用いたバイオマーカー解析により、低温増殖性を有する *Bacillus cereus* group の識別も実現した。今後もメーカーや他機関と連携し、精度向上や用途拡大を進め、品質管理のさらなる高度化を図っていきたい。

### 1. はじめに

微生物同定は、対象微生物の分類学的位置(属・種など)を明らかにするプロセスであり、データベースと照合し、どの属や種などに最も近い微生物かを特定する。属や種を明らかにすることで、文献情報などを参考にその微生物の特性(食中毒菌か否か、生育可能な温度や pH、耐熱性、薬剤耐性など)を推測することができる。さまざまな同定手法が存在する中で、近年「MALDI-TOF MS (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) を用いた微生物同定法」が注目されている。当

初は臨床系の分野で導入が進んでいたが<sup>1)</sup>、最近では食品衛生分野でも広がりを見せており、今後も加速することが予想される。当社は食品企業としては初期の 2012 年より導入したが、簡便・迅速・安価な本手法は、今や当社の微生物管理に欠くことのできない技術となっている。本稿では、MALDI-TOF MS を用いた微生物同定法について概説するとともに、当社における活用事例を紹介する。

### 2. MALDI-TOF MS を用いた微生物同定法について

#### 2-1. 測定原理

MALDI-TOF MS による微生物同定法は、試料中

\* E-mail : hiroko.chiba@meiji.com

(通常は単離培養されたコロニー)のタンパク質などをイオン化し、質量分析によってその質量スペクトルを取得する。菌種によりスペクトルのパターンが異なることから、データベースと照合することで同定を行う(フィンガープリント法)<sup>2,4)</sup>。2025年現在、ブルカー・ダルトニクス社、島津製作所、ジオメリュー社からそれぞれシステムとして販売されているが、基本的な測定原理は同様である。当社はブルカー・ダルトニクス社の微生物同定システム「MALDI Biotyper」を導入し、日常の微生物同定業務に活用している。

## 2-2. MALDI Biotyper を用いた微生物同定法のフロー<sup>5)</sup>

まず同定したい微生物(細菌あるいは酵母;カビは別プロトコル)を単離培養しコロニーを得る。なるべく対数増殖期の若い菌体を用いると精度良く測定できると言われている。必要に応じて前処理をした試料を専用プレートに塗布し、その上にイオン化を促進するマトリックスと呼ばれる低分子化合物を滴下し乾燥させる。マトリックスは目的に応じ選択するが、微生物同定の場合はCHCA( $\alpha$ -シアノ-4-ヒドロキシけい皮酸)を用いる。専用プレートを装置にセットすると自動で「測定~解析~同定結果の表示」が行われる。

前処理法としてメーカーより複数のプロトコルが提示されている。最も簡便なプロトコルは「セルスマア法」であり、専用プレートに少量の単離コロニーを塗布しマトリックスを滴下して乾燥する。次に簡便なプロトコルは「ギ酸ダイレクト法」であり、専用プレートに塗布したコロニーにギ酸を滴下し乾燥させた後、マトリックスを滴下し再度乾燥させる。ギ酸により固い細胞膜や細胞壁を破壊する。当社ではまず「ギ酸ダイレクト法」で同定を試みる人が多い。最後に、やや手間は増えるが最も高精度な前処理法として「エタノール・ギ酸抽出法」がある。エタノールで洗浄した菌体にギ酸とアセトニトリルを加え、遠心分離し上清を専用プレートに塗布する。乾燥後、マトリックスを滴下し再度乾燥さ

せる。

次に測定にうつる。専用プレートを装置にセットし、専用ソフトを用い測定と解析を行う。試料のスペクトルパターンと一致度の高い順に、10番目までのパターンを持つ菌種が自動で表示される。結果の判断基準は明瞭である。同定スコア値(0.0~3.0)とともにスコアレベルによる色分け表示がなされており(表1)、種まで同定可能なのか、それとも属レベルに留まるのか、視覚的にもわかりやすい。加えて結果の整合性評価のためのConsistency Categories(A, B, C)も表示され(表2)、同定結果の最終的な判断を下すのに役立っている。当社では同定スコア値とConsistency Categoriesを基に同定を行っている。

## 2-3. 本システムの利点

前処理方法や検体数にもよるが、コロニーを一晩(16時間程度)単離培養し翌朝本システムに供すれば、午前中のうちに結果を得ることができる。非常に簡便かつ迅速であることが本システムの利点である。加えて、試薬や器具代を含め1検体あたりの費用が安価(数十円~数百円)である点も強調したい。なお、一度に測定できる検体数は最大で96検体である。洗浄や遠心分離操作が含まれる「エタノール・ギ酸抽出法」は数十検体が限度だろうが、「セルスマア法」や「ギ酸ダイレクト法」はより多検体の対応が可能である。MALDI-TOF MSによる微生物同定法は、人手不足で検査員の確保が困難な場合にも適した手法と言えよう。

ただし、MALDI-TOF MS装置本体やメンテナンス費用は高額であるため、装置の導入が困難な場合も少なくない。その場合は受託分析機関の菌種同定サービスを利用することも有効な選択肢の一つではないだろうか。機関にもよるが、1検体あたりの費用は7000円前後である。同定したいコロニーを単離培養し、目視でコロニーを確認できる程度まで培養した平板を常温で送付すると、数営業日以内に結果を報告してくれる機関もある。

表 1 同定結果の表示 (Score Values ; MBT Compass 4.1)

Range	Interpretation	Symbols	Color
2.00-3.00	High-confidence identification	(+++)	green
1.70-1.99	Low-confidence identification	(+)	yellow
0.00-1.69	No organism identification possible	(-)	red

表 2 同定結果の表示 (Consistency Categories ; MBT Compass 4.1)

Category	Interpretation
A	<b>High consistency:</b> The best match is a high-confidence identification. The second-best match is (1) a high-confidence identification in which the species is identical to the best match, (2) a low-confidence identification in which the species or genus is identical to the best match, or (3) a non-identification.
B	<b>Low consistency:</b> The requirements for high consistency are not met. The best match is a high- or low-confidence identification. The second-best match is (1) a high- or low-confidence identification in which the genus is identical to the best match or (2) a non-identification.
C	<b>No consistency:</b> The requirements for high or low consistency are not met.

### 3. MALDI Biotyper を導入した経緯と導入前検証

MALDI Biotyper 導入前、当社では「生化学的手法」や「リボソーム RNA 遺伝子解析；当社では 2007 年頃に導入」により菌種を同定していたが、運用面に課題があった。本節ではまず当社の微生物管理体制について述べ、次に本システムの導入経緯や導入前検証を紹介する。

#### 3-1. 当社の微生物管理体制

当社は、飲用乳や発酵乳、調製粉乳といった乳製品や、チョコレートをはじめとする菓子類など、さまざまな食品を製造・販売している。中でも乳製品は栄養が豊富で微生物が増えやすいため、製造現場では食中毒菌や腐敗・変敗菌の管理を徹底している。全国にある工場の品質管理部門が日々の各種試験や検査業務を担っており、製造工程のモニタリング検査などで微生物が検出された場合には、必要に応じグラム染色やカタラーゼ試験、オキシダーゼ試験を実施する。これにより、当該菌のおおまかな特性は推測可能であり、日々の衛生管理を行う上では十分なことが多い。一方、微生物混入による品質ト

ラブルが発生した際などには、研究本部でより高精度な同定を行う。同定結果に加え、文献情報や過去の実験データなどを関係部署にフィードバックし、原因の考察や再発防止策立案（殺菌条件や洗浄方法の見直しなど）につなげている。場合によっては当該菌の特性を明らかにする各種試験を行い、さらなる原因究明を行う。

#### 3-2. MALDI Biotyper の導入に至った経緯

微生物混入による品質トラブルなどが発生した場合、検体数を増やした特別検査を実施するとともに、原料や製造環境の調査を行い、まずは原因究明を急ぐ。汚染源の推定には、検出された微生物の菌種を明らかにすることが有用であり、多数の検査平板から検出菌を単離培養し、同定を進めていく。当社では 2007 年頃よりリボソーム RNA 遺伝子解析による微生物同定法を導入し、生化学的手法に代わる主要な同定法として活用してきた。本手法は、従来の生化学的同定法と比べ迅速で多検体の処理が可能だが、前処理から測定、解析までに最短でも 5~6 時間を要し、検査員の確保が必要となる。また、工程が複雑で使用する試薬も多いため、検査員が作業に習熟するまでには一定の時間を要する。さ

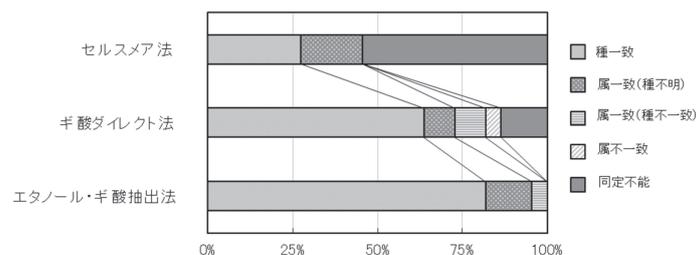


図1 前処理方法による同定結果一致率の比較（分譲機関より入手した細菌 22 菌株による検証）

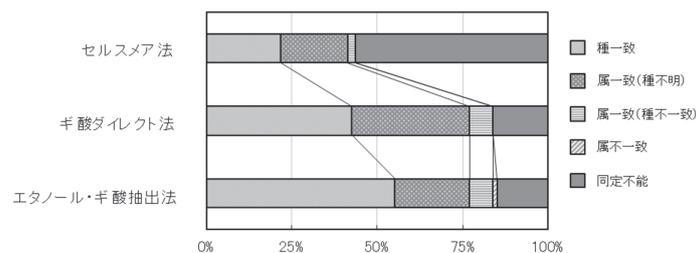


図2 前処理方法による同定結果一致率の比較（自社で分離した細菌 87 菌株による検証）

らに、1 検体あたりのコストも数千円と決して安価ではない。一時期には、原因調査の一環として年間約 3000 検体をリボソーム RNA 遺伝子解析により同定していたこともあり、微生物同定業務の「省力化」や「コストダウン」は喫緊の課題となっていた。そこで注目したのがブルカー・ダルトニクス社の MALDI-TOF MS による微生物同定システム「MALDI Biotyper」であった。

### 3-3. MALDI Biotyper 導入前検証

本システムの導入を検討した当時、ブルカー・ダルトニクス社以外のメーカーも含め MALDI-TOF MS による微生物同定システムは臨床系での導入が進んでいた。一方、食品企業での導入事例は少なく、操作性や測定精度などの情報が乏しかった。そこで、メーカー提供のプロトコルを参考に自社で各種精度検証を実施した。本節では前処理方法による同定精度検証について紹介する。

#### 3-3-1. 分譲機関より入手した細菌 22 菌株を用いた検証

まず、JCM (Japan Collection of Microorganisms)

などの分譲機関より購入した菌種名の明らかな細菌 22 菌株を用い、「セルスマア法」、「ギ酸ダイレクト法」、「エタノール・ギ酸抽出法」による前処理を実施した。各前処理方法で調製した試料を MALDI-TOF MS で同定し、公表されている菌種名と一致するかどうか確認した。セルスマア法で菌種まで同定できた菌株は 30% 程度に留まったが、ギ酸ダイレクト法では約 60%、エタノール・ギ酸抽出法では約 80% の菌株が公表されている菌種名と一致した（図 1）。

#### 3-3-2. 当社で分離した細菌 87 菌株を用いた検証

さらに、当社で分離した細菌 87 菌株（いずれも食品あるいは製造環境由来）についても同様に検証した。16S リボソーム RNA 遺伝子解析による同定を実施し、得られた菌種名と MALDI-TOF MS（前処理方法は上記 3 種類）による同定結果が一致するかを確認した。分譲機関から入手した菌株での検証結果と比べ、同定精度は低下し、最も精度の高いエタノール・ギ酸抽出法を用いても、菌種レベルまで同定できたのは 50% 程度であった（図 2）。

2012 年当時のシステムに記載されていたデータ

ベースは臨床系由来の菌株の割合が多かったと言われている。そのため、自社分離株では同定精度が低かったと考えられた。ただし、属レベルの同定に留まった菌株や、同定不能となった菌株はあったものの、従来のリボソーム RNA 遺伝子解析を用いた同定よりも圧倒的に操作が簡便で迅速であり、ランニングコストも 10 分の 1 以下に抑えられることから、本システムの導入を決定した。

#### 4. 同定の精度向上をめざして

MALDI Biotyper 導入前検証で食品あるいは製造環境由来株の同定精度が悪かったことを受け、以後、当社ではデータベースの拡充に力を入れてきた。MALDI Biotyper では、ユーザー独自のデータベースを容易に拡充できる設計となっている。まず、工場の微生物汚染事例や研究業務で分離された菌株のうち、本システムで種レベルまで同定できなかったものをリボソーム RNA 遺伝子解析で同定する。次に当該菌株について、MALDI-TOF MS で複数のスペクトルを取得し、データ統合後に当該菌種名で登録すれば操作は完了である。同定の確率や精度を高めるためには、数多くの菌種と菌株がスペクトルデータに登録されていることが重要である。当社ではなるべく多くの検体が MALDI Biotyper で同定できるようにすることをめざし、菌種を増やす試みと、菌株を増やす試み双方を精力的に進めている。

自社での取り組みに加え、他機関とも協同でデータベース拡充に取り組むため、2019 年より産官学コンソーシアム<sup>6)</sup>（九州産業大学や食品企業、分析機関など 2024 年時点で 25 機関が参加）に参画し活動を行っている。本コンソーシアムでは、各機関で取得したスペクトルデータや、食品微生物の生育・制御情報を共有し、業界全体の共通課題（品質向上、安定供給、廃棄ロス低減など）の解決をめざしている。本取り組みは、2025 年 2 月「第 7 回日本オープンイノベーション大賞」にて農林水産大臣賞を受賞し、MALDI-TOF MS による微生物同定システムの普及などに貢献し得る活動として評価された（受賞タイトル：「食品の安全性確保と食品ロス削減

に向けた MALDI-TOF MS 微生物同定コンソーシアム活動」<sup>7)</sup>。なお本コンソーシアム活動は、2024 年より「一般社団法人 微生物制御技術機構」として運営しており、さらなる参加機関の増加・データベースの拡充が期待されている。

またメーカーによるデータベースのアップデートも積極的に行われている。当社が導入している MALDI Biotyper では年々登録数が増加しており、2010 年版では 1850 菌種だったのに対し、2022 年版では 4274 菌種と倍以上の増加を遂げている<sup>5)</sup>。

こうした取り組みの結果、MALDI-TOF MS による微生物同定精度は、2012 年の導入当初より格段に向上した。菌種にもよるが、日々の微生物同定業務において MALDI-TOF MS で菌種レベルまで同定できる検体が増え、業務の迅速化、簡便化、低コスト化を達成できている。

#### 5. バイオマーカー法による微生物同定法

前節までは、得られたスペクトルのパターンをデータベース中のスペクトルと照合するフィンガープリント法による微生物同定法を紹介した。一方、スペクトルの中の特定のピークに着目する手法はバイオマーカー法と呼ばれる。本節では、バイオマーカー法を用いた低温増殖性を有する *Bacillus cereus* group の同定法を紹介する。

##### 5-1. *B. cereus* group とは

*B. cereus* group は *Bacillus cereus* と遺伝学的に近縁な菌種のグループである。食中毒菌である *B. cereus* のほか、昆虫に対する毒素を産生し生物農薬としても使用されている *B. thuringiensis* や、炭疽症の原因菌である *B. anthracis* も含まれ<sup>8,9)</sup>、食品衛生に限らず、医療、産業微生物分野でも重要なグループと言える。遺伝学的に近縁であるため、16S リボソーム RNA 遺伝子解析や、MALDI-TOF MS による微生物同定システム（フィンガープリント法）では種間の識別が困難である。

食品を製造する上で、食中毒菌の *B. cereus* の管理が重要であるのはもちろんであるが、本グルー

表3：低温増殖性を有する *Bacillus cereus* group 識別用バイオマーカーの理論質量

Subunit	<i>B. cereus</i> NBRC 15305 <sup>T</sup>	<i>B. thuringiensis</i> NBRC 101235 <sup>T</sup>	<i>B. mycoides</i> * NBRC 101228 <sup>T</sup>	<i>B. weihenstephanensis</i> * NBRC 101238
L30	6425.6	6439.6	6425.6	6425.6
S20	9211.6	9227.6	9271.6	9271.6
S16	9987.6	9987.6	9972.6	9987.6
S10	11553.5	11567.5	11567.5	11567.5

※ 7°C 増殖性あり

中には7°Cといった低温でも増殖する菌種として *Bacillus mycoides* および *Bacillus weihenstephanensis* が含まれることもポイントである<sup>10,11</sup>。牛乳や飲用乳などにこれらの菌が混入すると、10°C以下のチルド流通中でも増殖し、品質低下を引き起こす可能性がある。したがって、万が一が本グループの汚染トラブルが発生した際は、これらの2菌種によるものかどうかを迅速に判別することが重要である。そこで当社ではバイオマーカー法による微生物識別法として報告されている *S10-GERMS* (*S10-spc-alpha* operon Gene Encoded Ribosomal protein Mass Spectrum) 法を用い、これら2菌種とそれ以外を見極める手法を確立した。

## 5-2. *S10-GERMS* 法の概要

*S10-GERMS* 法とは、リボソームタンパク質遺伝子が集積する *S10-spc-alpha* オペロン領域に由来するタンパク質群を対象とし、遺伝学的に算出された理論質量とMALDI-TOF MSによって得られた質量スペクトルを照合することで、微生物の菌種および菌株の識別を行う手法である。遺伝的に近縁であってもリボソームタンパク質を構成するリボソームサブユニットタンパク質のアミノ酸配列がわずかに異なる場合があることから、当該タンパク質のスペクトルピークを指標（バイオマーカー）にし、菌種あるいは菌株を識別することができる<sup>12</sup>。本手法による *Bacillus* 属や *Sphingomonas* 属における菌種同定事例、*Listeria monocytogenes* や腸管出血性大腸菌の菌株識別の事例が報告されている<sup>13-16</sup>。

## 5-3. 低温増殖性を有する *B. cereus* group の同定

*B. cereus* group の主要菌種の基準株 *B. cereus* NBRC 15305<sup>T</sup> ならびに *B. thuringiensis* NBRC 101235<sup>T</sup> と、7°C増殖性を有する *B. mycoides* の基準株 *B. mycoides* NBRC 101228<sup>T</sup> については、文献情報にてリボソームサブユニットタンパク質の理論質量を確認した<sup>17</sup>。同じく7°C増殖性のある *B. weihenstephanensis* については、分譲機関より *B. weihenstephanensis* NBRC 101238 を入手し、リボソームサブユニットタンパク質の理論質量を算出しデータベースを構築した。7°C増殖性を有する *B. mycoides* および *B. weihenstephanensis* とほかの *B. cereus* group とを識別するバイオマーカーの探索を行った結果、リボソーム構成因子である L30, S20, S16, S10 が特異的な質量スペクトルピークとして有用であることを見出した。(表3)。つまり、MALDI-TOF MSでスペクトルを取得し、これら4種のピークの *m/z* (質量電荷比)を確認することで、そのパターンから *B. mycoides* および *B. weihenstephanensis* を同定することができる<sup>18</sup>。これまでは7°C増殖性の有無を増殖試験で確認していたため一定の日数が必要であったが、本手法を用いることで簡便かつ迅速に評価することが可能となった。

## 6. 食品製造分野におけるMALDI-TOF MSの技術的進展と今後の可能性

当社では、MALDI-TOF MSによる微生物同定システムにより、微生物同定の業務効率を飛躍的に向上させることができた。引き続き、同定精度向上のためのデータベース拡充を行っていく。一方、細胞壁が強固でタンパク質抽出が困難な微生物や、菌体

外多糖を多く産生する微生物などの中には、メーカー推奨のプロトコルでは良質なスペクトルを得ることができず、同定不能となるケースがある。これらに対しては前処理の改良によるスペクトルの高品質化が報告されており<sup>19)</sup>、当社でも今後検討を進めたい。

また、カビはMALDI-TOF MSによる同定が難しいことで知られている。メーカーからは数日間の液体培養で得た菌体からタンパク質を抽出し同定するプロトコルが紹介されているが、液体培養にも日数を要する点など、実際の品質トラブルには対応しづらい。前述した産官学コンソーシアムの中に立ち上げられたワーキンググループにおいて、検査平板上のコロニーからの同定手法の検討が進められている。一部のカビについては同定可能という報告があり、今後の適用範囲拡大が望まれる<sup>20)</sup>。

現在当社では研究本部にのみMALDI-TOF MSを設置し、工場で発生したトラブルの原因分析に対応しているが、将来的には工場に本装置を導入することも想定される。特に牛乳や発酵乳などの製品は、賞味期限や物流の観点から迅速な対応が求められるため、高い導入効果を見込めるのではないだろうか。工場品質管理部門に対する教育やサポートには注力する必要があるが、高品質な製品の安定供給や廃棄ロス低減といった社会課題への貢献にもつながるだろう。ただし、現場が使いやすい仕様が望ましい。設置スペースの確保が困難なケースに対応すべく、装置の小型化（すでに島津製作所からはMALDImini<sup>TM</sup>-1が販売<sup>21)</sup>）や、さらなる操作の簡便化、サポート体制の強化もメーカーに期待したいところである。

MALDI-TOF MSによる微生物同定には引き続き技術的な進展が見込まれる。今後もメーカーや他機関と連携し、精度向上と用途拡大を進め、品質管理のさらなる高度化を図っていきたい。

## 引用文献

1) 東山智宣ら, 質量分析法 (MALDI-TOF MS) を用いた臨床微生物同定と感染症迅速診断への

の応用, マイコトキシン, **63**, 209-216 (2013)

- 2) 大楠清文, 質量分析技術を利用した細菌の新しい同定法, モダンメディア, **58**, 113-122 (2012)
- 3) 川崎浩子, MALDI-TOF MS を用いた微生物同定の食品微生物分野への展開, 日食微誌, **37**, 165-177 (2020)
- 4) 松山由美子, ここまできている微生物試験迅速化技術 (質量分析の技術を中心に), 防菌防黴, **48**, 597-600 (2020)
- 5) 道家康平, 最新の微生物モニタリング技術—菌種同定・菌株識別をサポート—, 月刊フードケミカル, **39**, 10-15 (2023)
- 6) 中山素一, MALDI-TOF MS 微生物同定の食品産業への展開における問題解決に向けて, 化学と生物, **62**, 218-219 (2024)
- 7) 一般社団法人 微生物制御技術機構, 「食品の安全性確保と食品ロス削減に向けた MALDI-TOF MS 微生物同定コンソーシアム活動」が内閣府「第7回日本オープンイノベーション大賞」で農林水産大臣賞を受賞, <https://www.microbialcontrol.org/openinnovation2025>, (2025年9月10日アクセス)
- 8) Ceuppens, S. *et al.*, Diversity of *Bacillus cereus* group strains is reflected in their broad range of pathogenicity and diverse ecological lifestyles, FEMS Microbiol. Ecol., **84**, 433-450 (2013)
- 9) Carroll, L.M. *et al.*, Keeping up with the *Bacillus cereus* group: taxonomy through the genomics era and beyond, Crit. Rev. Food Sci. Nutr., **62**, 7677-7702 (2022)
- 10) Lechner, S. *et al.*, *Bacillus weihenstephanensis* sp. nov. is a new psychrotolerant species of the *Bacillus cereus* group. Int. J. Syst. Bacteriol., **48**, 1373-1382 (1998)
- 11) Liu, Y. *et al.*, Genome analysis-based reclassification of *Bacillus weihenstephanensis* as a later heterotypic synonym of *Bacillus mycoides*, Int. J. Syst. Evol. Microbiol., **68**, 106-112 (2018)

- 12) 田村廣人, MALDI-TOF MSによる細菌の迅速識別, 日農薬会誌, **42**, 223–234 (2017)
- 13) Hotta, Y. *et al.*, Classification of the genus *Bacillus* based on MALDI-TOF MS analysis of ribosomal proteins coded in *S10* and *spc* operons, J. Agric. Food Chem., **59**, 5222–5230 (2011)
- 14) Hotta, Y. *et al.*, MALDI-TOF MS analysis of ribosomal proteins coded in *S10* and *spc* operons rapidly classified the *Sphingomonadaceae* as alkylphenol polyethoxylate-degrading bacteria from the environment, FEMS Microbiol. Lett., **330**, 23–29 (2012)
- 15) Ojima-Kato, T. *et al.*, Discrimination of *Escherichia coli* O157, O26 and O111 from other serovars by MALDI-TOF MS based on the *S10*-GERMS method, PLoS One, **20**, e113458 (2014)
- 16) Ojima-Kato, T. *et al.*, Matrix-assisted laser desorption ionization-time of flight mass spectrometry (MALDI-TOF MS) can precisely discriminate the lineages of *Listeria monocytogenes* and species of *Listeria*, PLoS One, **21**, e0159730 (2016)
- 17) Feucherolles, M. *et al.*, MALDI-TOF Mass Spectrometry and specific biomarkers potential new key for swift identification of antimicrobial resistance in foodborne pathogens, Microorganisms, **21**, 593 (2019)
- 18) Takahashi, N. *et al.*, Discrimination of psychrotolerant *Bacillus cereus* group based on MALDI-TOF MS analysis of ribosomal subunit proteins, Food Microbiol., **91**, 103542 (2020)
- 19) 中山素一, MALDI-TOF MSによる食品微生物同定の課題と対策, 食品・医薬分野のMALDI-TOF MS微生物検査・同定—その基礎と利用—, 株式会社幸書房, 132–144 (2024)
- 20) 上原さとみ 他, MALDI-TOF MSによる糸状菌同定法の標準化, 食品・医薬分野のMALDI-TOF MS微生物検査・同定—その基礎と利用—, 株式会社幸書房, 102–117 (2024)
- 21) 島津製作所, MALDImini™-1 製品情報, <https://www.an.shimadzu.co.jp/products/maldi/ms/maldimini-1/index.html> (2025年9月8日アクセス)