

2021 年度 大阪大学蛋白質研究所 拠点事業

研究成果報告書

(1) 事業名 (下記より該当事業名を選択し、ほかは削除して下さい。)

クライオ電子顕微鏡

(2) 研究代表者

氏名：西野邦彦

所属機関名・部局名・職名：大阪大学・産業科学研究所・教授

(3) 研究課題名 (申請時に記載したものと同一課題名を記入して下さい。)

深層学習による多剤耐性菌の画像判別法の開発

(4) 蛋白質研究所受入担当教員

教員名：加藤貴之

(研究室名：電子線構造生物学)

(5) 研究成果の概要 (公開)

多剤耐性菌の出現は現代の世界的な問題であり、感染症を克服することは医学的重要課題の一つである。これまで細菌の薬剤耐性獲得について、関係する個々の遺伝子や因子の変異や発現変化については詳しく研究されてきた一方で、薬剤耐性菌の形態についての研究はあまりなされておらず、耐性化によってどのような形態変化をもたらされているのか不明であった。我々は、薬剤耐性を獲得した細菌は、遺伝子のみならず形態学的にも変化が生じていることを見出した。そこで、本研究では、細菌の薬剤耐性化過程において形態学的変化が生じていることに着目し、機械学習を用いた薬剤耐性菌画像判別法を確立することを目的とした。

薬剤耐性菌の1つであるエノキサシン耐性大腸菌株と非耐性大腸菌株を用い、加圧急速凍結—凍結置換法により細菌細胞を固定し試料作成を行った。透過型電子顕微鏡(TEM)を用いて、細胞断面を含む超薄切片のTEM画像を取得した。我々のアプローチは、エノキサシン耐性菌と非耐性菌のTEM画像から多量のパッチを作成し、畳み込みニューラルネットワークを用いてパッチ分類を行い、分類結果に基づいて菌株を同定するものである。提案手法は細胞の判別精度が高く、0.94の精度を達成した。耐性菌の形態学的特徴をGrad-CAM法により可視化した結果、主に外膜領域に特徴が集まっていることが判明した。さらに、ピアソンの相関係数から、主要な外膜リポ蛋白をコードする遺伝子である*lpp*を含む4つの遺伝子が、エノキサシン耐性株の画像特徴と強く関連していることが示唆された。本研究の成果より、今後は、細菌が薬剤に耐性かどうかを遺伝子だけでなく形の変化からも推定できることが期待される。