

豚丹毒菌ゲノムへの網羅的変異導入による 遺伝子機能及び病原性解析

下地 善弘 先生

国立研究開発法人 農研機構
動物衛生研究部門 細胞内寄生菌ユニット

日時：平成 28 年 9 月 21 日（水） 15:00 - 16:30
場所：日本生物科学研究所 管理棟 会議室 2・3

【要旨】

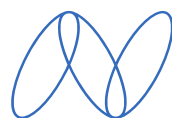
豚丹毒菌 *Erysipelothrix rhusiopathiae* は豚に感染し、急性敗血症や皮膚炎、また、関節炎や心内膜炎など、様々な病態を引き起こすグラム陽性の細胞内寄生菌である。

我々の研究グループは初めてこの菌のゲノム解読に成功したが、本菌のゲノムサイズ（1.79 Mb）は *Firmicutes* 門（低 GC 含量グラム陽性菌）に属する細菌の中で最も小さい部類に属すること、また、31 個の蛋白質アミノ酸配列を基にしたゲノムワイドな系統解析から、本菌はマイコプラズマに近縁であることが明らかになった。さらに、本菌にユニークな細菌学的特徴として、本菌ゲノムは通常のグラム陽性菌の細胞壁構成成分の合成に関わる遺伝子群が不完全であり、また、栄養素合成遺伝子の多くを欠くことも判明している。このように、豚丹毒菌は、ゲノム収縮の結果として必要な栄養素を宿主に依存する退行的進化をする一方、本菌に特有の食細胞内適応進化をしたと考えられる。

我々は、本菌の遺伝子機能及び病原性のす

べてを明らかにすることを目的として、強毒株である Fujisawa 株（血清型 1a）のゲノムに網羅的に変異を導入し、それに伴う表現形質変化の解析を行っている。これまでに、本株が持つ 1704 個の遺伝子のうち、700 個以上の遺伝子について不活化したトランスポゾン変異株を作製した。現在、これらの変異株をすべてマウスに接種して病原性関連遺伝子の同定を進めているが、これまで、本菌のマクロファージ内生残に重要であると予想される遺伝子が多く見つかっている。また、血清型 1 及び 2 型を規定している耐熱性抗原を合成する染色体領域も同定され、临床上重要なこれらの主要血清型の判定も遺伝学的に行えるようになってきた。

本発表では、ゲノム解析から得られた本菌の病原性に関する知見の他、生ワクチン Koganei 65-0.15 株の弱毒化に関わる遺伝子の同定や PCR 法による生ワクチンと野外株との識別法の開発など、我々の最近の研究成果についても紹介したい。



主催

一般財団法人 日本生物科学研究所

N I B S <http://nibs.lin.gr.jp/>