

2つの環状染色体よりなるビブリオ属細菌染色体の複製・分配機構と進化についての研究

●飯田 哲也

大阪大学微生物病研究所

研究の目的と進め方

長年日本における食中毒原因のトップを占めている腸炎ビブリオは、日本の研究者により発見された唯一の食中毒原因菌である。一般に細菌のゲノムは1つの環状染色体よりなると考えられているが、我々は腸炎ビブリオのゲノムが2つの環状染色体よりなることを明らかにした。本研究では、このようなユニークなゲノム構造を有する腸炎ビブリオについて、その染色体の複製・分配機構を研究する。また、いかにして2つの染色体をもつようになったかについて、系統学的に近縁の細菌とゲノム構造を比較することにより解析を行う。具体的には以下の3点につき研究を行う。

- a) 腸炎ビブリオの2つの染色体の複製起点をそれぞれ同定する。
- b) 細胞分裂時における腸炎ビブリオの2つの染色体の娘細胞への分配様式を明らかにする。
- c) 腸炎ビブリオ以外の他のビブリオ属細菌や系統学的に近縁の細菌において、2つの環状染色体からなるゲノム構造がどこまでみられるかについて明らかにする。

2001年度の研究の当初計画

- a) 腸炎ビブリオのもつ2つの染色体の複製起点をそれぞれ明らかにする。
- b) 腸炎ビブリオのもつ2つの染色体の細胞分裂時における分配様式について、FISH法を用いて解析する。
- c) ビブリオ属菌のひとつであるコレラ菌の全ゲノム配列と腸炎ビブリオの染色体の遺伝子地図を詳細に比較することにより、属内でのゲノム構造の類似と相違について検討を行う。

2001年度の成果

腸炎ビブリオのゲノムプロジェクトの進展(2002年2月現在でほぼ完了)にともない、すでに全ゲノム配列が報告されているコレラ菌と腸炎ビブリオとの間での

ゲノム構造の詳細な比較が可能となった。その結果、コレラ菌と腸炎ビブリオのゲノムにおいて保存されている構造とともに相違のみられる構造が明らかとなった。特に小さい方の染色体に関しては、腸炎ビブリオの小染色体はコレラ菌の倍近くも大きい。この領域にどのような遺伝子が存在しているのかを明らかにすることができた。また、コレラ菌と腸炎ビブリオの染色体上のオーソログの比較の結果、両者の染色体では過去に頻繁に大規模な rearrangement が起こったことが考えられた。

さらに、ビブリオ属菌やその近縁種計30種についてゲノム構造の解析を行った結果、2つの環状染色体からなるゲノム構造がビブリオ属菌全体に共通の構造であることが明らかになった。

国内外での成果の位置づけ

ビブリオ属菌のゲノム構造についての解析をこれだけの菌種について extensive に行っている研究は世界的にも他に例がない。また現在進行中の腸炎ビブリオのゲノムプロジェクトからの知見をリアルタイムで活用しながら研究を行えるのは、本研究の大きな強味である。

達成できなかったこと、予想外の困難、その理由

2つの染色体の複製起点に関しては、コレラ菌の全ゲノム配列の論文でほぼ同定されたので、本研究では優先順位を下げ、今後余裕があれば解析を行うこととした。

今後の課題

ビブリオ属細菌のゲノム構造の比較では、さらに詳細な解析を行い、2つの染色体の起源やその後のゲノム構造の変遷について考察したい。また今後、FISH法による細胞分裂時の染色体の挙動についての研究を集中的に行っていく予定である。