

## 衛生微生物学的安全性評価に資する



### 環境常在性病原細菌ゲノムデータ利用の展望

日時：2019年11月28日（木） 16時00分—17時00分

場所：B1-301

対象：大学院生、学部生、及び教職員

演者：広島大学 学術・社会連携室 環境遺伝生態学分野  
教授・丸山 史人 先生

講演内容： 2018年にイエメンにおいて100万人以上がコレラに感染し、約2200人が死亡した。コレラは環境に広く生息しているものの得られている情報の多くは臨床から分離された情報によるもので、もともとの生息地である環境中に生息しているコレラ菌の情報は限定されている。そこで、環境由来および臨床由来 *Vibrio cholerae* の全ゲノム配列解析と比較ゲノム解析を進めてきた。結果として環境由来 O1 抗原保有株が独自の TcpA 遺伝子を保有すること、ベトナムにおける直近のコレラアウトブレイク期の 2007~2010 年において、2波の *V. cholerae* 侵淫が示唆されることを示してきた。また平成 28 年度には愛媛県河川・沿岸域および台湾養殖場からの *V. cholerae* の分離に成功し、抗原性および毒素遺伝子の有無について明らかにした。その結果として、環境中に生息するコレラ菌の環境内ゲノム安定性、臨床株との違いが明らかとなってきた。最近になって、コレラ菌に Virulence adaptive polymorphisms (VAPs) という、病原性の発揮を助けるゲノム多型の存在が明らかとなったが、その候補の数が極めて多いことから、ほとんどの機能は判明していない。このような研究の推進には、情報解析だけではなく、実験上の「工夫」が必要となると考えられる。そこで、本講演では、A 群レンサ球菌の劇症型、非劇症型単離株の比較ゲノム解析から、ヒトに病態を発揮するゲノム多型が存在することがわかってきたことなども紹介し、これまで得られた病原性を発揮するかは株レベルで不明な環境中から得られた病原細菌株のゲノム特徴を解説し、今後どのような基礎・応用研究が必要となるのかを議論する。



問い合わせ：酪農学園大学獣医学類

細菌学ユニット 内田 (i-uchida@rakuno.ac.jp)、環境衛生学ユニット 能田 (jnoda@rakuno.ac.jp)まで