

NARO Research Prize 2011

腸管出血性大腸菌O157ゲノムの多様化を 引き起こす因子の発見

楠本正博（動物衛生研究所 細菌・寄生虫研究領域）

研究の目的・背景等

腸管出血性大腸菌O157の主な保菌動物は牛であり、食中毒予防のためには牛から人への伝播経路を迅速に特定・遮断することが重要である。O157の伝播経路は、ゲノムの多様性を解析し、個々の菌株を識別することにより特定できる。本研究では、O157ゲノムが多様性を獲得するメカニズムを明らかにし、菌株識別技術への応用を図ることを目的とした。

研究の概要

細菌のゲノムにはISと呼ばれる転移因子が数多く点在しているが、これまで細菌ではISが転移する際にゲノムから切り取られてしまうと菌が生残できないと考えられていた。しかし本研究では、O157には菌を死滅させずにゲノムからISを切り取る仕組みがあり、その際にIEEと名付けたタンパク質が重要な役割を果たすことを明らかにした(図1)。IEEの働きによりISの切り取りと転移が頻繁に起こり、菌のゲノムに大規模な欠失が生じるためO157に多様性が生み出され、このIS分布を調べるIS-printing法により菌株識別が可能と考えられた(図2)。

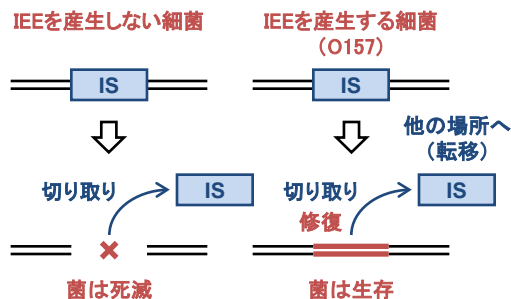
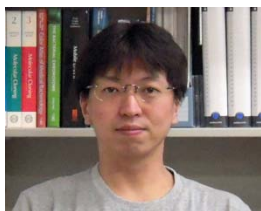


図1. IEEを産生しない細菌は、転移の際にISが切り取られるとゲノム(DNA)が切断されてしまうため死滅する。



楠本正博

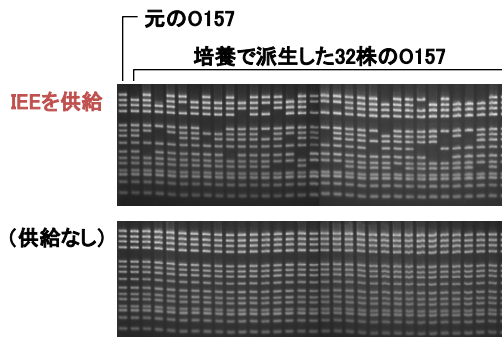


図2. IEEを供給して培養したO157(上段)と供給せず培養したO157(下段)のそれぞれ32株について、ゲノム上のIS分布をIS-printing法により解析した。

縦方向のバーコード状のパターンが各株におけるISの分布を表し、元のO157(左端)と比べて欠けて見える部分は、ISの切り取りが起こったことを示す。

