

Topics

1990年 トピックス委員

幹事	古川 憲治 (阪大・工・環境)	発酵生産・培養工学	谷口 正之 (新潟大・工・化工)
微生物・生態	飯島 信司 (名大・工・化工)	酵素	谷澤 克行 (阪大・産業科学研)
遺伝	阿野 貴司 (東工大・資源研)	廃液処理	中村 和憲 (微生物工業技研)
微生物代謝・生化学	村田 幸作 (京大食糧科学研)	単位操作・培養制御	西尾 尚道 (広大・工・発酵)
醸造	中西 載慶 (山梨大発酵化学施設)	細胞工学	植田 充美 (京大・工・工化)
食品	原 敏夫 (九大・農・遺伝)	トピックス投稿歓迎 トピックス委員まで	

リボゾーム 16SrRNA 塩基配列に基づく細菌の同定

富山大学教養部 小柳津広志

従来の細菌の同定は形態的、生理生化学的、また脂質などの生体成分を比較する化学分類学的特徴づけを中心に行われている。ところが、このような詳細な特徴づけにもかかわらず、多くの菌株は容易には同定されない。また、このような菌株の多くのものは新種として記載されるべきものである。新種として記載する場合、記載される種と類縁の種との境界をはっきりさせなければならない。したがって、新種の記載では膨大な特徴づけが必要となる。また、通常は類縁菌種との DNA-DNA の相同性のデータが必要となる。このような作業はきわめて煩雑であり、より簡便な細菌同定法が確立されることが望ましい。

そこで、リボゾーム 16SrRNA (16S rRNA) の塩基配列に基づく同定法がしだいに注目されるようになっている。リボゾーム 16S rRNA の逆転写酵素による塩基配列決定は非常に迅速で簡便であり^{1,2)} 実験経費も効率よく薬品を用いれば 1 株あたり約 1000 円程度で実施できる。16S rRNA の塩基配列は DNA-DNA 相同性において高い値を示す株間でないと一致しない。したがって、命名、保存された菌株のデータベースがあれば、これと照合することによりかなり詳細なところまで同定が可能となる。また、この同定では他の特徴づけをいっさい必要としない。なお、リボゾーム RNA の塩基配列決定は PCR 法を用いても可能であるが、逆転写酵素法に較べると簡便さ、実験経費の点でかなり劣る。

16S rRNA の塩基配列による同定のためには、既知種のデータベースの作製が不可欠であるが、これは多くの人手と膨大な時間と費用がかかることである。現在、細菌についてこのデータを積極的に拡充させているのは米国イリノイ大の C. R. Woese (全細菌を幅広く分析)、D. A. Stahl (嫌気性菌)、ボストンの Forsyth Dental Center の B. J. Paster (嫌気性菌)、テキサス大の G. E. Fox (古細菌)、バージニア州立大の N. R. Krieg、西独キール大の E. Stackebrandt (コリネフォルム細菌と放線菌を中心に幅広く)、ミュンヘン工科大の K. H. Schleifer、英国の M. D. Collins (コリネフォルム細菌と放線菌を中心) などである。日本では東大応微研 (グラム陰性細菌、メタン生産菌など)、東大海洋研 (海洋性グラム陰性細菌)、富山大教養部 (グラム陰性細菌を中心として幅広く)、農林水産省農業生物資源研 (乳酸菌および根粒菌)、静岡大農学部 (酢酸菌) などで行われている。

将来 16S rRNA 塩基配列に基づく同定は細菌の同定法の標準的なものとなるであろうが、その確立のために多くの課題が残されている。まず第一に、国際的な協力が必要であり、効率よくデータを収集しそのデータを有効に利用できる体制作りが急務である。分析法をより簡便化する必要もある。現在の分析はアイソトープを使用して行われるが、アイソトープは取り扱いが面倒であるので非アイソトープ法に切り替える必要があろう。また、将来は塩基配列の決定・解読・菌株の同定をセットにした自動同定システムが作製されることも望まれよう。

1) Lane, D. J. *et al.*: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **82**, 6955 (1985).

2) 小柳津, 斎藤: *生化学* **61**, 693 (1989).