

27-B-21

Vibrio 属細菌の比較ゲノム解析

○小川倫洋¹, 名嶋真智¹, 飯田哲也², 服部正平³, 安永照雄¹, 黒川顕¹

(阪大・遺伝情報実験センター¹, 阪大・微研², 北里大・生命研³)

[目的] *Vibrio*属細菌の遺伝子配列を比較解析することにより, これら細菌の病原性や適応戦略をゲノムレベルで解明することを目的とする.

[方法] 2002年に腸炎ビブリオ(VP)のゲノム全配列を決定し, 2000年に全配列が決定されたコレラ菌(VC)とゲノムレベルでの比較解析を行った.

[結果および考察] VP, VCともに大小2つの染色体を保有しており, VPの染色体1とVCの染色体1はほぼ同じ大きさで, それぞれ3.3 Mbpおよび3.0 Mbpであった. しかし, VPの染色体2の大きさは1.9 Mbpで, VCの染色体2よりも約800 kbpも大きかった. オーソログ遺伝子解析の結果, 両方で保存されている遺伝子は, その遺伝子座が大きく異なっていることから, 進化の過程で, 同一染色体, または大小の染色体間を問わずゲノムレベルでのリアレンジメントが頻繁に繰り返されてきたことが示唆できる. 同一染色体におけるリアレンジメントは, 特に染色体1においては顕著なX型を示しているが, 染色体2においてはそのような特徴的な構造は見られなかった. また, 染色体1においては両方で多くの遺伝子が保存されているものの, 染色体2では保存されていない遺伝子が多数存在していた. これらの結果は, *Vibrio*属細菌の染色体2が, 遺伝子の水平伝播, 遺伝子重複, ゲノムレベルのリアレンジメントや遺伝子の急激な減少等により, *Vibrio*属分化後に急速に進化し多様化したことを示唆している. 本研究ではさらに, 2002年にゲノム全配列が明らかとなった*Vibrio vulnificus*を加え3者比較することで, *Vibrio*属細菌の進化過程をゲノムレベルで解析した.

メールアドレス

michi@gen-info.osaka-u.ac.jp