

2B-4

口頭発表

微生物多様性部会の目指すところ

○山本 啓之¹、木暮 一啓²、中野 伸一³

¹海洋研究開発機構、²東大海洋研、³京大生態研

Key words : biodiversity, database, CBD, COP10

現在、生物多様性条約(CBD)のもと複数の国際プログラムが様々な視点から調査研究を継続し、普及広報や教育などのプロジェクトを実施している(CoML, DIVERSITAS, GBIF, GEO-BON,ILTER etc.)。また生物多様性条約の締結国会議(COP10)が2010年に名古屋で開催されることから、国内での活動も活発化している。研究の状況では、情報高分子の解析技術が生物多様性の分野にかつてないほど精緻で多量なデータを提供し、分野として新たな進展を後押ししている。しかし、微生物生態学では多様性に関する情報が不可欠であるにも関わらず、またその重要性が認識されているにも関わらず、分野からの生物多様性プロジェクトへの寄与はさほど高くはない。

こうした状況において微生物多様性部会を立ち上げた理由は、1)微生物多様性に関する課題を検証して世の中にその意義と重要性を示す、2)研究成果だけでなく国内外のプロジェクトを支援するとともに微生物学分野からの寄与を明確に示す、3)微生物多様性データベースの構築に向けて活動する、という三項目に集約される。この部会では、研究者間での情報交換だけでなく、社会に向けた発信能力と将来における研究資産の形成を目標として活動することを計画している。この発表では部会発起人を代表して3名の世話人が演者となり趣旨を説明する。多くの学会員の方々の参画を歓迎する次第である。

発起人:太田寛之、南澤究、鎌形洋一、信濃卓郎、奥田修二郎、島野智之、村瀬潤、西島美由紀、富田順子、西村洋子、松井一彰、高見英人、岩崎一弘、安光得

kyama@jamstec.go.jp

2C-1

口頭発表

歯周病原性細菌 *Eikenella corrodens* のゲノム再編による高病原化株の検出

中原 彩¹、松永 哲郎¹、加藤 昭夫¹、恵比須 繁之²、○阿座上 弘行¹

¹山口大・農・生物機能、²阪大院・歯・保存

Key words : Periodontal disease, *Eikenella corrodens*, genomic recombination, pathogenicity

E. corrodens は歯周病原性細菌の一つで、その病原性には菌体表層の GalNAc 特異的レクチンが大きく関与している。近年、臨床分離株から分離したプラスミド上のリコンビナーゼがゲノム上のタイプ4線毛遺伝子領域に組換えを起こし、レクチン活性やバイオフィルム形成能、溶血活性などを著しく増加させることをあきらかにした。ゲノム組換え株から線毛遺伝子領域をクローニングし、その塩基配列を解析したところ、タイプ4線毛遺伝子内で組換えが起こり、新たな線毛遺伝子の挿入が見られた。また、リコンビナーゼ遺伝子の導入の有無による本菌の口腔上皮細胞への付着や侵入能力の変化について調べた。その結果、組換え株では口腔上皮細胞への付着力が増大していた。さらに、組換え株と同様の配列は他の臨床分離株でも報告されていたことから、リコンビナーゼ遺伝子が水平伝播され、口腔内で高病原化株が出現している可能性が示唆された。そこで、リアルタイム PCR を用いたゲノム組換え株の検出方法を開発した。この方法により口腔内からの臨床分離株の組換えの有無を判定したり、ヒトの口腔内デンタルプラークから線毛遺伝子の組換え株を検出法の確立を試みた。

azakami@yamaguchi-u.ac.jp