

第 144 回松本歯科大学大学院セミナー

日 時: 2007 年 4 月 24 日(火) 17 時 00 分~18 時 15 分

場 所: 実習館 2 階総合歯科医学研究所セミナールーム

演 者: 中山 浩次 氏

(長崎大学大学院医歯薬学総合研究科口腔病原微生物学・教授)

タイトル: *Porphyromonas gingivalis* 33277 株の全ゲノム配列解析

歯周病関連細菌 *Porphyromonas gingivalis* はこれまで多くの臨床分離株が得られるが、個々の株における病原性は異なっている。本菌の病原因子としては種々のプロテアーゼ、線毛、莢膜等が知られているが、株間における病原性の違いに寄与する病原因子の全体像はいまだ解明されていない。これまでに強毒株として W83 株の全ゲノム配列が 2003 年に報告されている。今回、株間における病原性の差の原因となる新たな病原因子の検索のためのベース作りに活用するため、弱毒株として知られている 33277 株の全ゲノム配列を決定した。

*P. gingivalis* 33277 株ゲノム DNA からライブラリーを作成した。これをもとに全ゲノム配列を決定した。最終的な redundancy は 9.5 であった。また今回決定した 33277 株のゲノム配列から推定される制限酵素 NotI 消化パターンは 33277 株での PFGE パターンに合致することを確認した。*P. gingivalis* 33277 株ゲノムは 2,354,886 塩基で W83 株とほぼ同等のゲノム長であり GC 比に差はなかった。33277 ゲノム、W83 ゲノムともに rRNA のオペロン数は 4 個でさらにそれぞれ 53 個の tRNA が存在していた。33277 ゲノムについてアノテーション作業を行い、2,091 個の推定遺伝子を抽出した。この遺伝子を W83 株の全推定遺伝子と比較したところ、これらの約 12.8% は株間で異なる遺伝子であることが示唆された。また W83 ゲノム配列と 33277 ゲノム配列を比較したところ、大規模なリアレンジメントが相当数起きておりゲノム構造が大きく変化していることが明らかになった。

担当: 健康増進口腔科学講座 藤村 節夫