

| | |
|---------|--|
| 課題名 | NBRP に登録された 300 菌種の日和見病原体ゲノム解析 |
| 課題管理者 | 江崎 孝行 岐阜大学医学部 病原微生物遺伝子資源保存センター |
| 実施期間 | 2012 年度 |
| 概要・実施体制 | <p>人病原体のバイオセーフティーレベル3、および2のゲノム配列情報はほとんどが解読され、現在では 菌種以下の株レベルの情報の蓄積が進行している。ところがバイオセーフティーレベル1ではあるが人臨床現場で9割以上の感染症を引き起こしている日和見病原体のゲノム情報はいまだ不足しており、高度病原体と類縁菌種である日和見病原体のゲノム情報を比較し、菌種を定義し、分類と同定に利用するための障害になっている。本研究では日本細菌学会が選定した1025菌種の病原体の中で約800種におよぶ日和見病原体の中でゲノム配列が決定されていない菌種を中心に300種のゲノム配列の取得を目指す。この結果をもとにドラフト配列から系統分類学に必要なハウスキーピング遺伝子としてリボゾームタンパク、DNA/RNA複製関連タンパク、シャペロンタンパクなど約120種類を選択し、16S rDNA情報では達成できなかった菌種の分類体系の再構築、および属レベルの分類体系の再構築に必要な遺伝子の配列情報を網羅的に収集する。最終的にはこの成果をNBRPの菌株情報に付与し、病原細菌の分類体系にハウスキーピング遺伝子の情報を使った分類体系の再構築や検出同定に利用するための情報基盤を世界の研究者に提供する。</p> <p>(本研究は株を保有する岐阜大学で核酸抽出を行い、宮崎大学でライブラリーの作成、遺伝研でシーケンスの実施を分担し、得られたドラフト配列から分類体系の再構築に有用なゲノム配列情報の選定を岐阜大学で実施する。)</p> |
| 成果 | <p>文科省 NBRP のデータベースに登録されている 280 株 (Proteobacteria 233 株、Firmicutes 80 株、Actinobacteria 47 株、Flavobacteria 16 株、Spiral bacteria 4 株) のドラフトゲノムを解析し、DDBJ に登録した。登録菌株情報は下記の NBRP の病原細菌のデータベース JNBP に記載した。</p> <p>http://pathogenic.nig.ac.jp/nbrpListAction.do</p> |