

自己評価報告書

平成23年 5月18日現在

機関番号：13701

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2008 ～ 2012

課題番号：20390124

研究課題名（和文） 裁定委員会に高度病原体の新分類法を提案するための根拠とする遺伝情報の収集

研究課題名（英文） Genome wide SNP collection for reclassification of high risk pathogens

研究代表者

江崎 孝行 (EZAKI TAKAYUKI)

岐阜大学・医学系研究科・教授

研究者番号：90151977

研究分野：病原体制御学

科研費の分科・細目：基礎医学・細菌学（含真菌学）

キーワード：高度病原体、分類、系統、裁定委員会

1. 研究計画の概要

高度病原体の全ゲノム情報を収集し、分類体系の不備を再構築し、裁定委員会に提案する。

2. 研究の進捗状況

(1) 炭疽菌とセレウス菌の野生株の遺伝子多型を全ゲノムワイドに情報を収集した。その結果、炭疽菌は高度にモノクローンであるのに対しセレウス菌は炭疽菌に近いものから *B. thuringiensis* に近いものまで多型が分布し、複数の種から形成されると判断した。また、人臨床から分離されるセレウス菌に炭疽菌に極めて近い株が存在することが判明した。

(2) 野兔病菌には3つの亜種が存在し、日本株は *F. tularensis* subsp. *holarctica* とみなされてきた。基準株の全ゲノムから200種類の遺伝子多型を比較し、日本株は *F. tularensis* subsp. *holarctica* の生物型亜系として位置することが確認できた。

(3) *Shigella* 属の菌種が系統的に大腸菌と同等であることを類縁菌を含めた全ゲノム情報200種類の遺伝子を比較した。また *E. albertii*, *E. fergusonii*, *E. vulneris*, *E. hermanii*, *E. blattae*, の全ゲノム配列を決定し、各菌種に保存されている、全ゲノム配列を比較し、その多型を計測した。その結果、*E. albertii*, *E. fergusonii* の遺伝子多型は *Escherichia* 属内の菌種でに収まることが系統的にうらづけられた。*E. vulneris*, *E. hermanii*, *E. blattae* の3つの菌種は *Escherichia* 属とは系統的に離れており、独立した属として

再分類すべき菌種であることがわかった。一方、*Shigella* 属の4菌種の遺伝子多型は小さく、大腸菌と同じ系統に分類されるべきであることが全ゲノム遺伝子の比較で実証された。

3. 現在までの達成度

②おおむね順調に進展している。当初の計画以上にデータの集積ができた。またBSL3の8割の病原微生物ゲノムの多型情報を収集した。

4. 今後の研究の推進方策

上記の成果を国際微生物連盟(IUMS)の総会で発表し(2011年9月)、裁定委員会に提案する。さらに今後は感染症法に指定された病原体ではボツリヌス菌群C,D,E,F,G型の分類の再構築とブルセラ菌の分類の再構築を全ゲノム配列の多型比較データをもとに新分類体系を提案する。

5. 代表的な研究成果

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計17件)

1. Saito H, Iwamoto T, Ohkusu K, Otsuka Y, Akiyama Y, Sato S, Taguchi O, Sueyasu Y, Kawabe Y, Fujimoto H, Ezaki T, Butler R. 2011. *Mycobacterium shinjukuense* sp. nov.; a slowly growing, nonchromogenic species isolated from human clinical specimens. Int J Syst Evol Microbiol. In press.

2. Zhang, J.W., Hung, P., Hayashi, M., Yoshida, S., Ohkusu, K. and Ezaki, T. 2011. *DnaJ* sequences of *Bacillus cereus* strains isolated from outbreaks of hospital infection are highly similar to *Bacillus anthracis*. Diag. Microbiol.

& Infe. Dise. In press

3. Watanabe T, Ohkusu K, Nakanaga K, Ishii N, Nakashima K, Shindo M, Yoshida Y, Yamamoto O. 2010. Buruli ulcer caused by "*Mycobacterium ulcerans* subsp. *shinshuense*". *Eur J Dermatol.*20: 809-810
4. Nagai M, Hirayama K, Ohishi T, Ohkusu K, Kobayashi M. 2010. Pleuritis Caused by *Campylobacter jejuni* subspecies *jejuni* in a Patient Undergoing Long-Term Hemodialysis.
5. Kawakami K, Sawada A, Mochizuki K, Takahashi K, Muto T, Ohkusu K. 2010. Endogenous *Nocardia farcinica* endophthalmitis. *Jpn J Ophthalmol.*54: 164-166

〔学会発表〕 (計 14 件)

1. Ezaki, T. Evaluation of Functional genes for classification of Pathogenic Bacteria. ICC12, International Society for Culture collection, Santa Catarina, Brazil, 2010年10月1日
2. Ezaki, T. Rapid genetic screening of live food pathogens with a single enrichment culture and multiplex cocktail amplification method. Next Generation Diagnostics for infectious Diseases. 第14回汎太平洋新興感染症国際会議(malaysia)U.S. Japan Cooperative medical Science program, Penang, Malaysia, 2010年10月5日
3. Ezaki, T. Shuffling Classification of high Risk pathogens after complete genome sequencing. International Symposium on Bacterial genomics, evolution and pathogenesis. Jiangsu, China. 2010年11月30日
4. 江崎孝行. 感染症法下での病原体の系統保存・分譲活動と教育. バイオセーフティ学会, 横浜, 2010年12月6日
5. Ezaki, T. History and future of taxonomists to unzip chromosomal information to define bacterial species. The 30th anniversary symposium of the Japan Society for Microbial

Systematics. Tokyo. 2010年12月9日

〔図書〕 (計 4 件)

1. 江崎 孝行. 病原微生物のバイオセーフティ分類, バイオセーフティ指針, 2010
2. 江崎 孝行. WHO および CDC の病原微生物取扱いガイドライン, バイオセーフティ指針, 2010
3. 江崎 孝行. 発熱外来のバイオセーフティ. バイオセーフティ指針, 2010
4. 江崎 孝行. 付表. バイオセーフティ指針. バイオセーフティ指針, 2010