

ID No.	332
研究課題名	A群レンサ球菌における病原因子獲得機構の時空間的解析
研究代表者	丸山 史人 (京都大学大学院・准教授)
研究組織	
受入教員	三室 仁美 (東京大学医科学研究所・准教授)
研究分担者	中川 一路 (京都大学大学院・教授)
研究報告書	
<p>多彩な病態を示すA群レンサ球菌がいつ、どこで病原因子を獲得したのか、またそれを規定する因子を明らかにすることで本菌の進化過程を明らかとするとともに、本菌の病原性変化の多様性に対応した治療法をオートファジーに着目して探索することを目的として研究を進めている。</p> <p>本年度は、既に、A群レンサ球菌259株のゲノム配列を取得しているため、比較ゲノム解析を行い、本種が保有する遺伝子セット (pan-genome)、共通する遺伝子セット (core-genome) を調べて系統関係を明らかにするとともに、臨床データ (単離年代などを含む)、ファージ (のコードする毒素遺伝子)、細菌の免疫システムであるClustered Regulatory Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR) の関係について考察を加えることを特に重点をおいて解析を行った。</p> <p>その結果、i) A群レンサ球菌はひとつの種ではあるものの、CRISPRにより、ファージの数、種類を制限することで、亜種化が進んでいることが明らかとなった、ii) 本種は、CRISPRを段階的に脱落させ、最終的には利他的なファージによるCRISPRシステムの完全除去が行われることで、自由に多様なファージを取り入れる株が出現していること、iii) 劇症型 (coreが小さい)、非劇症型株 (coreが大きい) は系統によらず、特異的なSNPが関与する可能性、が示された。</p>	