

山口大学研究拠点形成プロジェクト



感染症創薬研究センター

第1回講演会

次世代シーケンサを用いた 細菌の多様化と進化の解析

林 哲也 教授

九州大学大学院医学研究院細菌学分野

2019年12月25日(水) 16:30-17:30

獣医学研究科棟4階 大講義室



我々の研究室では、大腸菌 O157 のゲノム解読などを皮切りに、様々な微生物のゲノム解析を進めてきた。対象とする微生物は、ヒト病原菌だけでなく、動物病原体やヒト・動物常在菌、環境微生物まで多岐にわたるが、基本的な興味は細菌ゲノムの多様性、特に菌種内でのゲノム多様性である。菌種内での多様性は、菌株間の病原性等の差異に直結するだけでなく、細菌の進化過程の解明といった極めて基礎的な研究から集団感染の検出などの疫学的・臨床的研究まで、細菌とその感染症にかかわる幅広い研究分野の基盤となる。こういったゲノム多様性の解析は、他の微生物研究と同様に、シーケンシング技術の急速な進歩により、大きく変貌を遂げている。例えば、大規模なゲノム解析が可能になったことで、菌種全体を網羅するような大規模な比較ゲノム解析や一つの集団感染事例に由来する菌株群などの超高精度な比較ゲノム解析などが可能となってきた。ただし、解析対象の多様性（のレベル）や目的によって、解析戦略は大きく異なってくる。

本講演では、我々が行っている様々な微生物ゲノム研究の中から、高い多様性を示す O157 などの腸管出血性大腸菌と、極めて低い多様性を示すリケッチアの解析結果を紹介する。後者に関しては非常に高い精度のゲノム比較が必要であり、時間が許せば、そういったゲノム解析の高精度菌株識別能を利用した院内感染における菌の伝播経路の解析例も紹介したい。

問合せ プロジェクト代表 度会雅久（内線 5831）