

Clostridium sordelliiのレシチナーゼの一次構造に関する研究

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2017-10-05 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/2297/15680

学位授与番号	医博甲第1496号
学位授与年月日	平成13年10月31日
氏 名	道 輪 良 男
学位論文題目	<i>Clostridium sordellii</i> のレシチナーゼの一次構造に関する研究

論文審査委員	主 査	教 授	三 輪 晃 一
	副 査	教 授	山 本 博
		教 授	福 田 龍 二

内容の要旨及び審査の結果の要旨

Clostridium 属にはレシチナーゼ産生菌種が多数存在する。これまでガス壊疽の起因菌である *C. perfringens* レシチナーゼ (cpa) を中心に研究が進められてきたが、本酵素と病原性との関連は依然不明な点が多い。その理由の主要な一つは、一次構造が明らかにされた酵素が非病原菌である *C. bifermentans* のレシチナーゼ (cbia)、病原菌である *C. novyi* のレシチナーゼ (cna) および cpa の3つにすぎず、病原性解析を行う上での情報基盤が十分でなかったことにある。本研究では本酵素と病原性との関係を明らかにすることを最終目的として、ガス壊疽、新生児臍炎等を起こす病原菌である *C. sordellii* レシチナーゼ (csa) の遺伝子クローニング、一次構造の決定、既知レシチナーゼとの比較解析を行い、csa の分子遺伝学的特性を解析した。成績は以下のように要約される。

- (1) csa 遺伝子は 1197 塩基から成り、399 アミノ酸残基をコードしていた。
- (2) csa と cbia、cna、cpa 間のアミノ酸同一性は各々 77.4、56.7、53.4% であり、csa は cbia と高い類似性を有していた。
- (3) *Clostridium* 属レシチナーゼ分子系統樹を作成した結果、csa と cbia は同一グループを形成し、全体的には 16S rRNA による *Clostridium* 属系統樹 (*Clostridium* 属の分類) とよく合致していた。
- (4) csa 遺伝子形質転換大腸菌における csa の発現を免疫プロットで確認した。また、その細胞破碎液はレシチナーゼ反応を呈したが、溶血活性を持たなかった。
- (5) PCR アッセイによって csa 遺伝子の保有状況を検討した結果、レシチナーゼ産生 *C. sordellii* 21 株全てが PCR 陽性で、同非産生 1 株は PCR 陰性であった。

以上の結果から、培養性状、生物学的性状、遺伝学的性状の酷似する *C. sordellii* と *C. bifermentans* は、同時に分子系統樹上同一グループを形成し遺伝学的に類似するレシチナーゼを有することが明らかになった。また、csa にはサイレント遺伝子がないことが示唆された。

本研究は csa の分子遺伝学的特性、既知 *Clostridium* 属レシチナーゼとの相関を明らかにしたものであり、本酵素の病原性を解析する上での重要な基礎を提供する研究として、病原細菌学に寄与する労作と評価された。