

Genetic Characterization of Clinical Acanthamoeba Isolates Using Gene Loci of Nuclear and Mitochondrial Small Subunit Ribosomal RNA

メタデータ	言語: eng 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/2297/39465

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 International License.



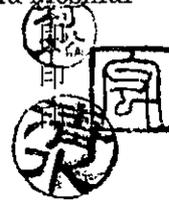
論文内容の要旨及び審査結果の要旨

受付番号 医博甲第 2364 号 氏名 RAHMAN Md Moshir

論文審査担当者 主査 村松 正道

副査 市村 宏

清水 徹



学位請求論文

題 名 Genetic Characterization of Clinical *Acanthamoeba* Isolates Using Gene Loci of Nuclear and Mitochondrial Small Subunit Ribosomal RNA

掲載雑誌名 Korean Journal of Parasitology 平成 25 年 8 月掲載予定

眼科領域で注目されているアcantアメーバ角膜炎は、コンタクトレンズの普及および美容用途での使用の拡大に伴い報告件数が増加している原虫症である。原因原虫であるアcantアメーバ *Acanthamoeba* spp. は自然環境中に幅広く生息する自由生活アメーバであり、ヒトには偶発的に感染するものと考えられている。本原虫の種内多型は、核遺伝子の 18S small subunit ribosomal RNA (18S rRNA) 遺伝子座に基づく分子分類によって T1~T15 のグループが知られており、またミトコンドリア遺伝子の 16S rRNA 遺伝子座による高解像度の解析により T4 遺伝子型内のサブタイプレベルの分類もなされている。一方、日本国内に分布するアcantアメーバの遺伝子レベルでの多型についての報告は限られ、その詳細は未だ明らかとなっていない。本研究は、国内で角膜炎症例より分離培養されたアcantアメーバ 27 株を用い、核およびミトコンドリア遺伝子の上記 2 遺伝子座をターゲットとした遺伝子型の詳細解析を実施したものであり、以下の知見が明らかにされている。

- 1) 国内の臨床において検出されたアcantアメーバの遺伝子型は主に T4 であり、また T3、T5 がその他に認められた。このようなヒトから検出されるアcantアメーバの遺伝子型の特徴は海外で報告されてきた臨床分離株と同様の傾向であり、日本独自の地域特異性は存在しなかった。
- 2) T4 におけるサブタイプレベルでの評価においては、臨床分離株の一部のサブタイプへの集中が認められ、ヒトにおける角膜炎の原因として高リスクの遺伝子型が存在する可能性が示された。自由生活アメーバである本原虫にこのようなヒト角膜への親和性を示すサブグループが存在する点は、極めて興味深い。
- 3) 16S rRNA 遺伝子座の多型によって従来 a~h の 8 タイプに分類されてきた T4 のサブタイプに、9 番目のグループ (タイプ i) を見出し提案している。
- 4) 核遺伝子レベルでヘテロ接合を示しながらミトコンドリア遺伝子レベルでホモ接合を示す株を見だし、本原虫における核遺伝子のハイブリッド形成を示唆するデータとして提示している。分裂増殖する原虫における直接的な遺伝子交雑の痕跡の提示は、多型形成のベースとしても極めて重要な知見である。

以上により、本研究は日本に分布するアcantアメーバにおける種内多型解析を通じて、その分布・分子分類体系・病原性との関連、さらにそのライフサイクルにおける遺伝子接合の可能性を明らかにしたものであり、学位に値すると評価された。