

杏林医学会 第14回例会 開催報告

医学部感染症学教室微生物部門

大 崎 敬 子

第14回杏林医学会例会は平成28年2月26日、医学部基礎棟3階会議室において国立感染症研究所ハンセン病研究センター甲斐雅規先生を講師として招聘し、感染症学教室の神谷茂教授の司会により開催された。講演テーマは、「らい菌日本株の全ゲノム解析」で、甲斐先生の長年のらい菌についての研究成果から最新のデータまで紹介いただいた。ハンセン病の起因菌であるらい菌はその発見から長い歴史のある細菌であり、結核菌と同じ抗酸菌で細胞内寄生性菌として知られる。治療法が確立された後、感染者は減少し続け、日本では新規感染者が10名以下にまで下がっているが、近年は横ばい状態にあり、ヒト-ヒト感染以外の未だ明らかにされていない感染ルートとして環境由来の感染ルートを明らかにする重要性が示唆されている。また、世界に目を向けると、約20万人のハンセン病の新規感染者が発生し制圧に至っていない現状がある。

甲斐先生は次世代シーケンサを用いて、日本人由来菌株の全遺伝子配列を決定し、これまでに報告のある菌株の遺伝子配列との比較に成功されている。その結果、新規に解読したらい菌日本人由来Kyoto-2株の全ゲノムシーケンスは、タイ由来TN株及びブラジル由来Br4923株と99.99%程度同じ配列で、これまでの報告同様、らい菌ゲノム間には僅かな違いしか存在しないことを明らかにされた。それぞれの菌株の分離場所は離れた地であるにも関わらず、ほぼ同じゲノムを有しているという結果である。さらに甲斐先生は、僅かな形質の違いとしてらい菌の増殖速度に着目され、いくつかの遺伝子のSNPsを解析した結果から*rpIS*遺伝子中に、74番目のアミノ酸の置換を伴う変異を見出

された。さらに、同属細菌の*Mycobacterium smegmatis*を使ってその遺伝子導入を行い、*rpIS*遺伝子のアミノ酸置換を伴う変異が増殖速度に影響を及ぼすことを再現し、*rpIS*遺伝子の細菌増殖に関する役割を証明されている。今後はらい菌の伝播あるいは進化との関連性を中心にさらに解析を進めていくことを講演された。

本例会には基礎系の教職員など総勢30名を超す研究者が参集した。質疑応答では、ゲノム情報に関するもの以外にも人工培地で増殖できないらい菌を取り扱う難しさや、ヌードマウスを使った動物実験の方法などについても教示いただいた。専門領域の異なる参加者に対しても興味深い講演であり、杏林医学会会員にとって大変有意義であった。

