

26. 緑膿菌新規溶原性バクテリオファージ PAJU2 の性状解析

内山淳平^{1,2)}・脇口宏²⁾・松崎茂展¹⁾

高知大学医学部¹⁾ 微生物学教室・²⁾ 小児思春期医学教室

【目的】

多剤耐性緑膿菌の臨床現場での蔓延により、近年、細菌学分野において緑膿菌研究に拍車がかかっている。その結果、この細菌はかなり遺伝的多様性に富んでおり、その原因は菌ゲノムに存在するファージの多様性、あるいはファージ由来の *genomic island* の多様性に起因していることが明らかとなってきた。面白いことに、これまでに 31 個もの緑膿菌ファージが特徴付けられているのにも関わらず、相互に遺伝的類似性を示す溶原ファージは殆どない。緑膿菌の代表ファージ D3 についても、遺伝的類似性を持つ緑膿菌ファージの報告はない。本報では、緑膿菌の進化およびそれに多大な影響を与えるファージの進化について知見を得るために、ファージ D3 に遺伝的に近縁な新規緑膿菌溶原ファージ PAJU2 を分離し、その性状解析を行なった。

【材料と方法】

緑膿菌 S10 株を宿主とし、ファージ PAJU2 を分離した。PAJU2 について、形態観察、全ゲノム解読・解析、SDS-PAGE による構造タンパク質分離と N 末端アミノ酸配列の解析、溶原サイトの同定を行なった。

【結果と考察】

形態学的に、ファージ PAJU2 は Family *Siphoviridae* Morphotype B2 に分類された。ゲノムは cohesive end を有する 46,872 bp の線状ゲノムで、79 個の遺伝子の存在が予想された (LPS 構造変換遺伝子も予想された)。構造タンパク質解析により、推定主要頭部遺伝子 *orf3* (プロテアーゼドメイン保有) は、発現後、自己分解を起こし、相互に共有結合で結合後、ホモオリゴマーを形成する可能性が示唆された。このような chain-mail 構造は ファージ D3 の頭部において見られる。また、培養液の粘性が上昇した (ムコイド化した) 溶原菌を分離し解析を行なった。溶原化サイトは、ファージのインテグラーゼ遺伝子の下流、及び、宿主菌の serine-tRNA 遺伝子であることが明らかとなった。ムコイド化の原因は現在究明中である。最後に、ファージ D3 ゲノムと比較を行なったところ、塩基配列が断続的に 24 % の一致が見られ、また、46 % (36/79) の推定遺伝子とその構成が類似していた。

以上から、ファージ PAJU2 は、初めて報告されるファージ D3 に遺伝的に近縁なファージで、今後、両者の比較研究によりファージ進化やファージタンパク質機能解析に貢献できると期待でき、病原微生物学に新たな知見を加えるだろう。

※ 本研究は、2009年1月 *Virus Research* 誌 (139(1):131-4) に掲載された。