

## B 7 細菌の進化: 病原菌が生まれるメカニズム

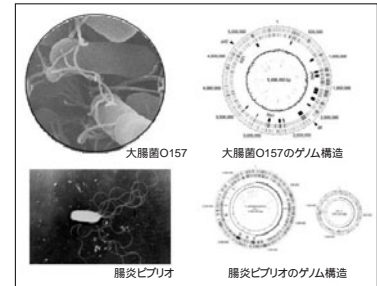
ゲノムでわかる  
進化の秘密

展示責任者 戸邊 亨 / 黒川 顕

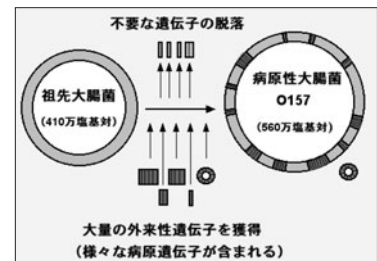
展示責任者所属 大阪大学大学院医学系研究科 / 奈良先端科学技術大学院大学

細菌は顕微鏡でないと見えない小さな単細胞生物で、地球上には何百万種類もの細菌が存在します。私たちの周りにもたくさんの細菌が存在しますが、感染症の原因となるのは一握りの病原菌と呼ばれる細菌だけです。一握りといっても、人に病気を起こす細菌は百種類をゆうに越え、その各々が特有の感染症を起こします。なぜ特定の細菌だけが病気を起こすのでしょうか？実は、細菌が病気を起こす能力は、各々の菌がどのような病原遺伝子(病気を起こすために必要な遺伝子)のセットを持っているかで決まるのです。したがって、病原菌のゲノムを調べると、その菌のもつ病原遺伝子セットを見つけることができ、それらの機能を調べれば、病気を起こすメカニズムを知る

ことができるはずですが、さらに、病原性のない近縁の細菌とゲノムを較べれば、どのようにして病原菌が誕生したのかを知ることができます。このゲノム広場では、病原性大腸菌O157と腸炎ピブリオという我が国で最も大きな問題となっている2つの腸管感染症の原因菌を中心に、いろいろな細菌がそれぞれどのようにして病原菌へと進化を遂げたのかを紹介します。



(図1) 病原性大腸菌O157・腸炎ピブリオの電子顕微鏡写真とゲノム構造



(図2) 病原性大腸菌O157誕生のメカニズム

## B 8 ゲノムからみたオオムギとその仲間たち

ゲノムでわかる  
進化の秘密

展示責任者 佐藤和広

展示責任者所属 岡山大学資源生物科学研究所

オオムギ品種の遺伝子のDNA配列にもそれぞれに異なった部分があります。DNA配列のうち一カ所のみが異なるものをSNP(スニップス)と呼んでいます。SNPsは遺伝子の中にたくさん存在しているので、この相違を利用して遺伝子が染色体のどの部分に乗っているかを定めることができます。こうしてできた遺伝地図は、異なる生物の間でゲノム上の遺伝子の位置を比較するのに役立ちます。コムギはオオムギとゲノムが似ているので、オオムギの遺伝子配列を直接コムギの地図に載せることができます。また、オオムギやコムギの仲間の野生植物にもオオムギの遺伝子と同じ配列を持つ種類があります。これらの植物の中には病害や不良環境に強い耐性

をもったものがあるので、作物の品種改良に利用できると考えられます。このようにゲノムが似た植物は共通の祖先を持つと考えられています。さらに、オオムギはイネ科植物の共通祖先から進化したと考えられ、解析の進んでいるイネのゲノム情報を利用したオオムギのゲノム解析も進められています。

