

# プラスミドの学術基盤の再整備(プラスミドDB構築)

## 現状と目的：

プラスミドとは細菌細胞内で染色体とは別に存在する遺伝因子の総称で、自律的に増殖して子孫細胞に伝えられる。薬剤耐性菌が生まれたり、特殊な化学物質の分解菌が生まれるのは、特殊な機能を担う遺伝子を持ったプラスミドを接合伝達という機構で他の細菌から受け取ることが主な原因である。そのような特性から基礎科学・応用科学の発展のために、プラスミドの学術基盤となるデータベースが非常に重要である。しかしながら既存のデータベースは分類体系が不完全・不正確で誤りも多く、重大な混乱を引き起こしている。

この解決の最初の一歩として、深刻な感染症問題を引き起こす多剤耐性緑膿菌（シュードモナス属細菌）を宿主とするプラスミドをモデルに、配列情報と実際の機能に基づく正確な分類を可能にする体系構築を目的とする。

## 活動計画(2023～2026)：

シュードモナス属のプラスミドの増殖にかかるRIPと $oriV$ の情報に基づいてプラスミドの分類を行う。分類できないものはタンパク質の構造予測から推定する。得られた分類を実験的に検証し、さらに安定性と宿主域を解析する。これに合わせて、アノテーションプログラムを強化する。これらに基づいて、シュードモナス属のプラスミドのデータベースを構築する。これを基に、既存のプラスミドのデータベースの修正もしくは連携・融合をはかる。

研究代表者: 野尻秀昭教授・東京大学

研究参加者: 新谷政己教授・静岡大学、鈴木仁人博士・感染研、鈴木治夫博士・慶應義塾大学、水口千穂博士・東京大学、森脇由隆博士・東京医科歯科大学、西村陽介博士・JAMSTEC、谷澤靖洋博士・遺伝研