

*Helicobacter cinaedi* 動物分離株における新規分類群の提案

○藤高 由貴<sup>1</sup>, 神谷 保吉<sup>1</sup>, 富田 純子<sup>1</sup>, 森田 雄二<sup>1</sup>, 林 哲也<sup>2</sup>, 三澤 尚明<sup>3</sup>, 赤池 孝章<sup>4</sup>, 河村 好章<sup>1</sup>(<sup>1</sup>愛知学院大院薬, <sup>2</sup>宮崎大医, <sup>3</sup>宮崎大農, <sup>4</sup>熊本大院医)

【目的】近年、腸管在位菌である *H. cinaedi* は、様々な患者からの分離報告が急増しており、院内感染起因菌として公衆衛生上問題となっている。ヒト以外にも動物の腸管からも分離されており人獣共通感染症であると考えられてきたが、未だに解明されていない。そこで本研究では、*H. cinaedi* の動物分離株とヒト臨床分離株の分類学的位置を決定し系統関係を解析した。

【方法】九州の国立大学病院から提供された *H. cinaedi* ヒト臨床分離株と同地域から分離された動物分離株を含む合計 49 株を使用した。16S rRNA 遺伝子を含む 10 個のハウスキーピング遺伝子を基にした系統解析を実施した。得られた系統樹より同一のクラスターについて DNA-DNA ハイブリダイゼーションを行い、DNA 類似度を算出した。

【結果】系統解析の結果、本研究で使用した動物分離株は、動物分離株のみのグループとヒト臨床分離株に属するグループの 2 つに分けることができた。また、DNA-DNA ハイブリダイゼーションの結果は、ヒト臨床分離株と動物分離株のみのグループは 70%未満の類似度であった。このことから、動物分離株のみのグループは、遺伝的にヒト臨床分離株とは独立してグループを形成していることが明確となった。また、ヒト臨床分離株と同じグループに属していた動物分離株は、ヒト臨床分離株と 70%以上の類似度であった。

【考察】以上より、多くの動物分離株は *H. cinaedi* とは異なる新菌種あるいは *H. cinaedi* の亜種であるということが考えられた。今後分類学的位置を明確にするために生化学性状試験等を実施する予定である。