

Campylobacter 属菌の *msrA* 遺伝子の比較解析

○松原 京子¹, 田積 晃浩², 松田 基夫², 定成 秀貴¹, 山田 理恵¹, 村山 次哉¹
(¹北陸大薬, ²麻布大生命環境)

【目的】 *Campylobacter lari* には、urease-negative (UN) *C. lari* とその biovar である urease-positive thermophilic *Campylobacter* (UPTC) が存在する。この *C. lari* には、*C. jejuni* や *C. coli* に比べ、ヒト臨床分離株が極めて少ない。その要因を明らかにするには、*Campylobacter* 感染過程に関与する可能性のある病原性遺伝子を *C. lari* で解析し、*C. jejuni* や *C. coli* の遺伝子と比較することが重要である。*msrA* 遺伝子は peptide methionine sulfoxide reductase A (MsrA) をコードし、様々な菌において酸化ストレス抵抗性(食菌抵抗性)に関与している。*Escherichia coli* や *Streptococcus pneumoniae* では真核細胞への吸着にも関与すると報告されている。このように *msrA* 遺伝子は菌の病原性に関与する遺伝子と考えられ、*C. lari* の *msrA* 遺伝子領域を解析し、他の *Campylobacter* 属株と比較検討した。

【方法】塩基配列既知の *C. jejuni*、*C. coli*、UN *C. lari* から設計したプライマーを用い、17株の *C. lari* (UN *C. lari* 4株、UPTC 13株) より調製した染色体 DNA を鋳型に、*msrA* 領域の DNA 断片を増幅、精製し、その塩基配列を調べた。

【結果・考察】17株すべてから約 900 bp の DNA 断片が増幅され、それぞれには *msrA* 遺伝子と推定される ORF が存在した。このうち UPTC の 1 株で、他の株より約 100 塩基短い ORF がみられた。これはアデニン塩基挿入によるフレームシフトによるもので、偽遺伝子である可能性が高い。その他の UN *C. lari* 及び UPTC の *msrA* は、*C. jejuni* の *msrA* より 1~7 アミノ酸残基長くなっていた。*C. lari* と *C. jejuni* の相同性は約 61~66% であった。また、解析したすべての UN *C. lari* 及び UPTC 株において *C. jejuni* と同様に MsrA 酵素活性に重要なアミノ酸配列領域が保存されていた。実際の酵素活性を検討する予定である。