

*Campylobacter lari* の *tlyA* 遺伝子とその周辺領域の比較解析

○松原 京子<sup>1</sup>, 田積 晃浩<sup>2</sup>, 松田 基夫<sup>2</sup>, 定成 秀貴<sup>1</sup>, 山田 理恵<sup>1</sup>, 村山 次哉<sup>1</sup>  
(<sup>1</sup>北陸大薬, <sup>2</sup>麻布大院環境保健)

【目的】 *Campylobacter lari* は、urease-negative (UN) *C. lari* とその variant である urease-positive thermophilic *Campylobacter* (UPTC) に分類される。*Campylobacter* 感染症発症の原因はほとんどが *C. jejuni* であり、UN *C. lari* による場合は少なく、UPTC による場合はほとんど報告がない。この違いの要因を知るには、UN *C. lari*、UPTC、*C. jejuni* の病原性遺伝子候補の比較解析が有効と考えられる。*tlyA* 遺伝子は *C. jejuni* や *Mycobacterium tuberculosis* で病原性に関与する遺伝子とされ、前に本会で *C. lari* の *tlyA* 遺伝子の比較解析結果について報告した。今回は、*tlyA* 遺伝子とその周辺領域について比較し、*tlyA* 遺伝子の転写単位についても検討した。

【方法】新たに UPTC 1 株を加え、17 株の *C. lari* (UN *C. lari* 4 株、UPTC 13 株) を用いた。塩基配列既知の *C. jejuni*、*C. coli*、UN *C. lari* の株を基に設計した primer を用い、染色体 DNA より *tlyA* 遺伝子および周辺領域を増幅し、その塩基配列を調べた。RNA を調製し、RT-PCR 法により *tlyA* 遺伝子の転写単位を調べた。

【結果・考察】17 株すべてに *tlyA* 遺伝子が存在し、塩基配列および推定アミノ酸配列の相同性から、*tlyA* 遺伝子の相同性が病原性と関連したグループに分かれることが確認された。UPTC 4 株と UN *C. lari* 3 株の *tlyA* 遺伝子周辺領域(下流 約 2.1 kb、上流 約 2.5 kb) の塩基配列を調べ、*tlyA* 遺伝子の上流に *folP* 遺伝子、*ligA* 遺伝子と推定される 2 つの ORF が、下流に *ribF* 遺伝子の ORF と機能不明の ORF1 が見つかった。これらの ORF は UN *C. lari* と UPTC 間で相同性が高かったが、ORF1 の下流の塩基配列は異なっていた。RT-PCR の結果から、UPTC および UN *C. lari* の両方で、*ligA* 遺伝子、*tlyA* 遺伝子、*ribF* 遺伝子、ORF1 が、一つの転写単位を構成していることが示唆された。転写単位については、さらに検討が必要である。