

26PA-pm092

Campylobacter lari の *cmeR* 遺伝子領域の比較解析

○津田 文佳¹, 坂井 建太¹, 松原 京子¹, 大黒 徹¹, 村山 次哉¹ (北陸大薬)

【目的】*Campylobacter lari* には、urease-positive thermophilic *Campylobacter* (UPTC) と urease-negative (UN) *C. lari* が存在する。*Campylobacter* 感染症発症の大部分は *C. jejuni* や *C. coli* によるものであり、UN *C. lari* による報告数は少なく、UPTC ではヒト感染症との関係が明らかではない。これら *Campylobacter* 属菌間の病原性の違いの要因を明らかにするためには、病原性遺伝子候補の解析が有効と考えられる。第 137 年会では胆汁耐性及び抗菌薬耐性に関与する *cmeABC* 遺伝子についての解析結果を報告した。本年会では、*cmeABC* 遺伝子の調節タンパク質をコードする *cmeR* 遺伝子について、UPTC と UN *C. lari* 間、あるいは他の *Campylobacter* 属菌との比較を試みた。

【方法】菌株として UPTC (13 株) と UN *C. lari* (4 株) を用いた。*C. lari* の *cmeR* 遺伝子領域を PCR 法により増幅し、遺伝子解析装置を用いて塩基配列を決定し、比較解析した。

【結果・考察】用いた 17 株のうち、UPTC 7 株、UN *C. lari* 4 株の目的領域が増幅でき、そのうちの数株の塩基配列を決定した。この配列の解析から UPTC で 624bp の ORF が、UN *C. lari* では 627bp の ORF が見つかった。*cmeR* 遺伝子をコードしていると推定される。UPTC と UN *C. lari* 間の塩基配列の相同性は 80%、推定アミノ酸配列では 77%であった。UPTC と UN *C. lari* 間で CmeR の活性に差がある可能性が考えられる。また、*C. lari* (UPTC、UN *C. lari*) と *C. jejuni* あるいは *C. coli* 間での相同性は塩基配列では約 60%、推定アミノ酸配列では 35~39%であった。CmeR は *C. lari* と *C. jejuni* や *C. coli* との間で活性に違いのある可能性が示唆された。残りの株についても解析し、その結果を報告する。