

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

山崎 裕介<sup>1</sup>, ○松原 京子<sup>1</sup> (<sup>1</sup>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* (*C.jejuni/coli*) によるものであり、UN *C.lari* による報告は少なく、UPTC ではヒトから分離されることは極めて少ない。これら *Campylobacter* 属菌間の病原性の違いの要因解明には、病原性遺伝子候補の解析が有効と考えられる。病原性遺伝子候補 *katA* 遺伝子は catalase をコードし、菌の酸化ストレス抵抗性に関与している。本研究では、*C.lari* における *katA* 遺伝子領域を解析し、*C.lari* 間あるいは、他の *Campylobacter* 属との比較を試みた。

【方法】 菌株として UPTC (13 株) と UN *C.lari* (4 株) を用いた。*C.lari* の *katA* 遺伝子領域を PCR 法により増幅後、塩基配列を決定し、比較解析した。*katA* 遺伝子が細胞内で転写されていることの確認のため、RT-PCR 法を行った。

【結果・考察】 *C.lari* 17 株すべてで *katA* 遺伝子の ORF が見つかり、その大きさも 1425 bp と全て同じであった。*C.lari* 同士での塩基配列および推定アミノ酸配列の相同性は全て 90% 以上であった。*C.jejuni/coli* と *C.lari* の間での両配列の相同性も 80~90% であった。この結果から、*C.jejuni/coli* と *C.lari* 間で KatA 活性が異なる可能性は低いと考えられる。一方、*katA* 遺伝子のプロモーターは、*C.jejuni/coli* と同様に *C.lari* においても半保存的 T リッチ配列と -10 配列から構成されていた。さらに、*C.jejuni/coli* と比較して *C.lari* では半保存的 T リッチ配列と -10 配列の間の距離が長くなっていた。このことより、*C.lari* と *C.jejuni/coli* の間で *katA* 遺伝子の転写活性に違いがある可能性が考えられる。今後、このプロモーター構造の違いが転写活性に影響するかどうかを調べる必要がある。