

Genomic Features of *Rickettsia* *heilongjiangensis* Revealed by Intraspecies Comparison and Detailed Comparison With *Rickettsia japonica*

笠間, 健太郎

<https://hdl.handle.net/2324/6787473>

出版情報 : Kyushu University, 2022, 博士 (医学), 課程博士
バージョン :
権利関係 : OPEN ACCESS

氏名： 笠間 健太郎

論文名： Genomic Features of *Rickettsia heilongjiangensis* Revealed by Intraspecies Comparison and Detailed Comparison With *Rickettsia japonica*

(極東紅斑熱リケッチアの菌種内比較および日本紅斑熱リケッチアとの詳細な比較解析により明らかとなったゲノムの特徴)

区分： 甲

論文内容の要旨

極東紅斑熱リケッチア *Rickettsia heilongjiangensis* (Rhei) は主に極東ロシアや中国を流行地とする極東紅斑熱の原因菌である。日本では2008年に宮城県仙台市で本症のヒト感染例が初めて確認され、感染推定地域で採取されたイスカチマダニ (*Haemaphysalis concinna*) から Rhei 菌が分離された。リケッチアにおける種内ゲノム多様性についてはよく調べられていないが、所属研究室での最近の解析により、Rhei と近縁で日本紅斑熱の原因菌である日本紅斑熱リケッチア *R. japonica* (Rjap) ではゲノム多様性が非常に低いことが明らかとなっている。

本研究では、Rhei のゲノム多様性と日本分離株と中国分離株の遺伝的関係を明らかにするために、仙台市内でイスカチマダニから分離した3株、中国内モンゴルで同マダニから分離した1株のゲノム配列を新たに決定し、中国黒龍江省でモリカクマダニ (*Dermacentor silvarum*) から分離された Rhei の標準株である054株との比較ゲノム解析を行なった。

仙台市で分離された3株はそれぞれ2008年、2009年、2012年に分離されたが、ゲノム配列については完全に同一であり、単一のクローン (仙台株) を保有するイスカチマダニが仙台市内に分布していることが示された。仙台株と中国分離株の間には、地理的・時間的に大きな違いがあるにもかかわらず、僅かに81箇所のSNPと13箇所の挿入・欠失 (InDel) のみが同定された。また、81箇所のSNPのうち、16は組換えによって生じたものであることが明らかになった。これらの結果は、Rjapと同様に、Rhei の種内におけるゲノム多様性が非常に低いことを示している。さらに本研究では、Rhei と Rjap に共通する遺伝子とそれぞれの種に特異的な遺伝子を正確に知るために、詳細な Rhei と Rjap のゲノム比較解析を行った。本解析の結果、RelA/SpoTファミリータンパク質をコードする遺伝子や表層タンパク質のタンデムリピート構造について明らかなるバリエーションが見られたものの、両種間の遺伝子レパートリーの違いは非常に小さいことが明らかになった。この結果は、もし両種間に何らかの生理的な違いが存在する場合には、今回同定したSNPや小さなInDelが原因であることを示唆する。また本解析により同定した Rhei と Rjap のそれぞれに特異的なゲノム領域は、両菌種を区別するためのPCRにおいて理想的な標的配列となる。