

Escherichia fergusonii の集団ゲノミクスと LT1 産生株のゲノム特性の解明

奥野未来¹、水流奈己²、吉野修司²、後藤恭宏³、山本武司¹、林哲也³、小椋義俊¹

1. 久留米大・医・感染医学、2. 宮崎衛研・微生物部、3. 九大・医・細菌学

E. fergusonii は 1985 年に新種命名されて以降、たびたび菌血症、尿路感染、下痢症を呈したヒトや動物から分離されている。しかし、病原性大腸菌や新興病原体 *E. albertii* で実施されているようなシステムティックなゲノム解析は行われておらず、その集団構造や病原因子の分布には不明な点が多い。2014 年、宮崎県内の病院において患者の便サンプル（症状の詳細不明）から *elt1* 遺伝子を保有する *E. fergusonii* が分離され、LT1 産生性が *E. fergusonii* による下痢の発症に関与することが示唆された。そこで、本研究では（1）NCBI に登録されている *E. fergusonii* のシーケンスデータとサンプル情報を活用した集団構造と *elt* を含めた病原因子の分布の解明、（2）比較ゲノム解析による *elt1* 陽性 *E. fergusonii* のゲノム特性の解明に取り組んだ。