

新種ボレリア *Borrelia miyamotoi* の鞭毛遺伝子の 解析および鞭毛遺伝子による分類学的位置づけ

福長将仁, 是木康代

FEMS Microbiol. Lett. 134, 255-258 (1995)

The flagellin gene of *Borrelia miyamotoi* sp. nov. and its phylogenetic relationship among *Borrelia* species

Masahito Fukunaga, Yasuyo Koreki

We have cloned and sequenced the flagellin gene from *Borrelia miyamotoi* strain HT31 and compared it with previously published flagellin sequences. The sequence similarity analysis demonstrated that strain HT31 is phylogenetically distant from the three species of Lyme disease borreliae and is deeply branched into the relapsing fever borrelia cluster. The result was in full agreement with the classification of *Borrelia* strains using 16S rRNA sequences. This finding indicates that a phylogenetic analysis using flagellin gene sequences might be useful for classification of *Borrelia* strains.

新種ボレリア *Borrelia miyamotoi* および関連ボレリア種の鞭毛遺伝子の塩基配列を決定し比較を行った。鞭毛遺伝子による系統樹では *Borrelia miyamotoi* はライム病ボレリアとは別のクラスターを形成し、回帰熱ボレリアに近縁であることが明らかとなった。この結果は、種の分類基準の1つでもある 16S rRNA 遺伝子の塩基配列の比較によるものともよく一致しており、ボレリア種の分類には鞭毛遺伝子の塩基配列の比較が有用であることが示唆された。