

TURUN YLIOPISTO  
Lääketieteellinen tiedekunta

Iiro, Jonne: 16S ribosomaalisen geenin horisontaalinen geeninsiirto eri kampakylobakteerilajien välillä – Mahdollinen uhka lajimäärityksessä  
Kliininen mikrobiologia  
Joulukuu 2017

Horisontaalinen geeninsiirto eri bakteerien välillä on jo pitkään tunnettu ilmiö, mutta sen on ajateltu aina kohdistuvan bakteerien genomien vaihteleviin osiin eikä ydingenomiin. 16S on ribosomaalinen RNA molekyyli, jota koodaavan geenin on ajateltu olevan erittäin konservoitunut. 16S rRNA geenin siirtymistä on kuvattu eri bakteereilla, mutta kampakylobakteereilla tätä siirtymistä ei ole aiemmin raportoitu. 16S rRNA molekyylin vieressä sijaitsevat ovat 23S ja 5S molekyylit joita koodaavat geenit ovat 16S:n tavoin erittäin konservatiivisia. Kahden yleisimmän kampakylobakteerilajin eli *C. jejuni* ja *C. coli* on viimeaikoina ajateltu yhdistyvän genomitasolla. Tästä johtuen *C. coli* on jaettu edelleen kolmeen eri luokkaan, eli cladeen. Clade 1 muistuttaa genomiltaan eniten *C. jejunia*, kun taas clade 2 ja 3 ovat genomeiltaan kauempana.

Tässä työssä olemme tutkineet potilasnäytteistä eristettyjä 15 *C. coli* kantaa ja yhtä *C. jejuni* kantaa, sekä *C. coli*, *C. jejuni*, *C. lari*, *C. fetus*- lajien tyyppikantoja. Tutkimuksessa on katsottu kaikkien kantojen kokogenomisekvenssit ja näiden perusteella verrattu kantojen välisiä eroja kokogenomin ja rRNA molekyylin tasolla. Tulokset osoittavat että kaikki eri rRNA molekyylit ovat kohteina horisontaaliselle geenisiirrolle *C. coli* ja *C. jejuni* välillä. Kaikki tutkitut *C. coli* kannat sisälsivät eri määriä rRNA geenejä jotka olivat lähempänä *C. jejuni* rRNA geenejä, viitaten siis horisontaaliseen geenisiirtoon. Kokogenomivertailun perusteella potilasnäytteistä eristetyt *C. coli* kannat olivat lähimpänä tunnettua clade 1 vertailukohdetta. Tulokset korreloivat aiemman tutkimustiedon kanssa sen suhteen, että clade 1 on geneettisesti lähimpänä *C. jejunia*.

Nämä löydökset kertovat vahvasti siitä, että eri kampakylobakteerilajien välillä voi siirtyä konservoiduiksi ajateltuja geenejä. Tätä ilmiötä ei ole aiemmin kuvattu kampakylobakteereilla ja se nostaa esiin kysymyksen kampakylobakteerien tyyppityksen tarkkuudesta: onko 16S rRNA – sekvensointi luotettava menetelmä kampakylobakteerien lajimääritykseen?

Avainsanat: Kampakylobakteeri, kokogenomisekvensointi, horisontaalinen geeninsiirto.