

# 研究情報

## 線毛関連遺伝子のプロファイリングによる *Streptococcus suis* 強毒株の識別

TAKAMATSU Daisuke

細菌・寄生虫病研究チーム 主任研究員 高松 大輔

*Streptococcus suis*は豚レンサ球菌症の原因菌の一つで、豚に髄膜炎、敗血症、心内膜炎などを引き起こします。本菌は養豚産業に経済的な被害を与えるだけでなく、人に髄膜炎や敗血症を引き起こすこともあるため、人獣共通感染症の原因菌としても注目されています。特に、養豚業や食肉処理業など生きた豚や生の豚肉を扱う機会の多い人はそれ以外の職業の人より感染リスクが高く、これらの産業に従事する人の労働衛生を考える上でも非常に重要な病原体です。

*S. suis*は遺伝学的にも生化学的性状的にも多様な株の集団から構成されており、病原性も株によって様々です。しかし、近年のMultilocus Sequence Typing (MLST) 法による型別の結果、病豚や人症例由来株の多くは遺伝学的に近縁ないくつかの株集団に属していることが明らかとなりました。中でもST1 complexと呼ばれる集団には、豚や人に髄膜炎や敗血症などの侵襲性の高い疾病を引き起こした株が多く含まれており、最も強毒な株集団だと考えられています。また、ST27 complexにも病豚由来株に加え、タイや北米の人由来株の多くが含まれ、これら2つの株集団が家畜衛生・公衆衛生上特に重要であることが示唆されています。

この様に、MLST法による型別は豚や人に疾病リスクの高い*S. suis*株を識別する手法として大変有用ですが、型別には①7つの遺伝子 (*aroA*, *cpn60*, *dpr*, *gki*, *mutS*, *recA*, *thrA*) のPCRでの増幅、②PCR産物の塩基配列の決定、③MLSTデータベースとの照合の3つのステップが必要のため(図1)、検査現場で多検体を処理するには適していません。そこで、我々はMLST法でST1またはST27 complexに型別される株をより簡単に見分けるために、PCRのみで行える強毒株識別法(線毛関連遺伝子プロファイリング法)を開発しました。

この方法は、株によって保有している線毛関連遺伝子の種類が違うという*S. suis*の特徴を利用した方法で、たくさんある線毛関連遺伝子のうち、特に、*sbp2*, *sep1*, *sgp1*という3つの遺伝子の有無をプロファイリングすることで疾病リスクの高い株(ST1

またはST27 complexの株)であるか否かを推測します。国内外で健康豚、病豚、人症例から分離された108株を用いて試験したところ、*sbp2/sep1/sgp1*のプロファイルが+/-/-ならST1 complexの可能性が高く、-/-/+ならST27 complexの可能性が高いことが明らかになりました(図1)。さらに、100株以上の豚心内膜炎由来株を用いて、この方法の信頼性が高いことも確認できました。線毛関連遺伝子プロファイリング法はMLST法ほど細かな型別は出来ませんが、疾病リスクの高い株を迅速・簡便に識別できるため、強毒株を保菌する個体を摘出するスクリーニング法として活用できると考えています。

最後に、*S. suis*分離株を提供していただいた大学、家畜保健衛生所および食肉衛生検査所の諸先生に深謝いたします。

掲載誌 Takamatsu D. et al., Vet Microbiol. 138(1-2), 2009, 132-139.

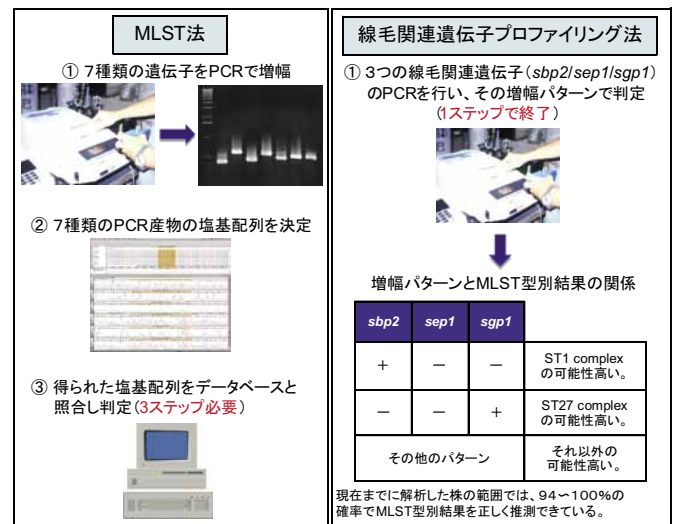


図1. MLST法と線毛関連遺伝子プロファイリング法の比較