

<S-12> Panton-Valentine 型 Leukocidin 変換ファージの多様性と疫学への応用

○千葉潤一<sup>1,2</sup>、金子淳<sup>1</sup>、土井智幸<sup>1</sup>、Y. Piemont<sup>3</sup>、J. Etienne<sup>4</sup>、山崎修<sup>5</sup>、岩月啓氏<sup>5</sup>、神尾好是<sup>1</sup>

(1;東北大院農・生物産業創成、2;仙台厚生病院、3;仏パスツール大、4;仏ブドウ球菌毒血症研究センター、5;岡山大・医・皮膚科)

Panton-Valentine型ロイコシジン(PVL)を産生する黄色ブドウ球菌はフルンケル症など皮膚科領域の特定の病巣から高率で分離され、その白血球に対する高い特異性から感染成立のための重要な病原因子であると考えられてきた。我々はPVL型毒素であるLukM-LukF-PV(P83)の発見と遺伝子の解析から、PVL型毒素がプロファージゲノム上に存在していることを予想し、1997年から2004年にかけて、PVLを保有するプロファージ $\phi$ PVLの存在の証明、LukM-LukF-PV(P83)を保有するプロファージ $\phi$ PV83-proの証明とファージの不活性化メカニズムの解明、さらには $\phi$ SLTの発見によるPVL毒素遺伝子の水辺伝播の証明を行った(第47回の本シンポジウム)。さらに、PVL変換ファージは $\phi$ SLT型、 $\phi$ PVL型の2つの型に大別できること、ファージゲノムの調節領域(及び複製領域)が異なるバリエーションが存在することを見出し、PVL変換ファージの多様性はPVL遺伝子の由来や伝播とその保有率との関係を考える上で非常に興味深い結果であるばかりではなく、PVL産生株の疫学にも重要であることを示唆した(第48回の本シンポジウム)。

本研究は、PVL保有ファージの分子疫学的解析手法を確立し、ファージと宿主菌の疫学を体系的に解析して、PVL遺伝子の水平伝播を加味した疫学を可能にすることを目的とした。

$\phi$ SLT型、 $\phi$ PVL型の調節領域(及び複製領域)が異なるバリエーションのゲノムを決定し、それらの比較からプロファージ状態でそれらを比較するPCRスキャンによるPVLファージの型別システムを開発した。さらに既存の疫学マーカーであるコアグラウゼ型別とPVLファージ型、およびattBの型別を組み合わせることにより、PVL産生株のより詳細な疫学解析が可能となることを示した。

【文献】J. Kaneko, Y. Kamio Bacterial two-component and hetero-heptameric pore-forming cytolytic toxins : structures, pore-forming mechanism, and organization of the genes. Biosci Biotechnol Biochem. 2004 ;68, 981- 1003.