

## <S-14> ブドウ球菌エンテロトキシン遺伝子型の多様性

○重茂 克彦<sup>1</sup>, 胡 東良<sup>2</sup>, 温井健司<sup>1</sup>, 高橋一重茂浩美<sup>3</sup>, 中根 明夫<sup>2</sup>, 品川 邦汎<sup>1</sup>  
(1;岩手大・農・獣医、2;弘前大・医・細菌、3;(独)製品評価技術基盤機構)

ブドウ球菌エンテロトキシン(SE)は、ヒト食中毒の原因毒素であるとともに、毒素性ショック症候群にも係わることが知られている。SEは現在18種類(SEA-SEE, SEG-SEU)が報告されており、その遺伝子は種々の可動性遺伝因子上に存在することから、SE遺伝子は *Staphylococcus aureus* の病原体としての進化に大きく関わっていると考えられている。今回、17種類のSE遺伝子およびTSST-1遺伝子を検出する multiplex PCRを用い、*S. aureus* 分離株の詳細なSE-genotypingを行うと共に、SE-genotypeと可動性遺伝因子との関連を検討した。既報の *seg, seh, sei, sej, sek, sel, sem, sen, seo, sep, seq, sel* 遺伝子の塩基配列に基づき、プライマーを設計、合成した。*sea-see* 遺伝子および *tst-1* 遺伝子については、Beckerらの報告したプライマーを用いた。陽性対象として、*femA* および *femB* を増幅するプライマーを用いた。これらのプライマーを組み合わせ、4系列のプライマーセット (Set 1: *sea, seb, sec, sed, see, femB*; set 2: *seg, seh, sei, sej, sep, femA*; Set 3: *sek, sem, seo, tst-1, femA*; Set 4: *sel, sen, seq, ser, femB*) による multiplex PCR system を構築した。各型SE標準菌株のDNAを用いて multiplex PCRを行ったところ、すべてのプライマーセットにおいて、目的遺伝子の良好な増幅が確認され、*S. aureus* 分離株のSE-genotypingに応用可能であると考えられた。次いで、食中毒由来 *S. aureus* 分離株69株および健康ヒト由来 *S. aureus* 分離株97株について、SE-genotypingを行った。食中毒由来株のすべて、および健康ヒト由来株の約80%が何らかの SE遺伝子を保有しており、32種類のSE-genotypeが認められた。これらのSE-genotypeには、すでに報告されているSE遺伝子をコードする可動性遺伝因子の組合せで説明できるものも存在したが、新たな組合せのgenotypeも認められ、新規な可動性遺伝因子の存在が示唆された。