

<S-16> コレラ流行地域で分離された *Vibrio cholerae* における毒素遺伝子の分布

○小林健太郎¹、平川宣幸¹、近江友香¹、三好伸一¹、篠田純男²、荒川英二³

(1;岡山大学大学院医歯薬学総合研究科、2;岡山理科大学、3;国立感染症研究所)

要旨

*Vibrio cholerae*はグラム陰性桿菌で、食品や水を通じて経口的に感染し、タンパク質毒素であるコレラトキシン(CT)を菌体外に分泌する。このCTが激しい水様性下痢を主症状とするコレラを起こす主毒素であるが、CTを産生する株は206ある血清型のうちO1、O139の2つが主であり、その他の血清型ではCT産生株の存在はごく稀である。

V.cholerae O1 ElTorもしくはO139によって起こる流行性のコレラは現在も続いており、アジア、アフリカを始めとする地域で大きな問題となっているが、近年CTなどの病原性関連因子の遺伝子伝達による新たな病原性 *V.cholerae*の出現も懸念されている。今回、2003年から2004年にかけてインド、カルカッタにおいて、NICED

(National Institute for Cholera and Enteric Diseases)との共同で、環境水から分離した *V.cholerae*株と、コレラを含む下痢症患者から分離された株について、各病原遺伝子の保有状況を比較した。

環境水から分離した株について血清型別試験を実施した結果、全ての株が non-O1/non-O139であった。病原因子の分布をPCRで調べたところ、全ての株が *toxR*遺伝子を保有し、ほとんどの株がヘモリジン遺伝子である *hlyA*を保有することが示されたが、*st*を保有する株は極めて稀であり、*tdh*保有株は見出されなかった。しかし、*ctxA*、*tcpA*を保有する株がわずか1株ではあるが見出され、しかも *tcpA*が classical typeであったことは興味深い。

下痢症患者から分離された株は、血清型にかかわらずその全ての株が *toxR*遺伝子を持っており、O1およびO139であった株は、例外なく *ctxA*、*tcpA*(El Tor) の遺伝子を保有していた。しかし、血清型が non-O1/non-O139であった株では *hlyA*は全ての株で検出されたが、*ctxA*、*tcpA*や *tdh*、*st*の遺伝子は検出されなかった。このことは、ヘモリジン(HlyA)が主要な病原毒素であることを示唆していると思われる。