

27P-pm203

セレウス菌株における多様性解析

○桑名 利津子¹, 今村 大輔¹, 高松 宏治¹, 渡部 一仁¹(¹摂南大薬)

細菌性食中毒の原因菌として知られているセレウス菌は、院内感染の起因菌にもなっている。セレウス菌は *Bacillus* 属細菌であり、芽胞形成能を有する。芽胞は熱・紫外線・化学薬品などに対して耐性を持っているため、防除が困難であり、食品や医薬品の衛生管理を行う上で重要な存在となっている。本研究では PCR 法を応用したセレウス菌株の簡便で正確な検出法の確立を目的とした。遺伝子の多様性解析として、セレウス菌株 9 種類に対して特定の遺伝子マーカーを利用した PCR 法とランダムプライマーを用いた Randomly Amplified polymorphic DNA (RAPD)-PCR 法を行った。ゲノム情報が明らかにされているセレウスグループの細菌について、べん毛・毒素生産・薬剤耐性などに関わる遺伝子をマーカーとして遺伝子の有無について解析を行った。次に RAPD-PCR 法により増幅された遺伝子断片のサイズに基づいてクラスター解析を行った。同一菌種において菌株間の差が遺伝子レベルであり、多様性であることが明らかとなった。さらにセレウス菌株において薬剤感受性試験を行ったところ、菌株ごとに保持している薬剤耐性が異なっていた。一方で、セレウス菌の胞子形成について解析を行ったところ、胞子形成率、胞子の耐性獲得、および胞子の形態が多様であったことがわかった。これらのことは菌株の遺伝子型と表現型は必ずしも一致しないことを示している。本研究で開発した検出法は、セレウス菌株の分類に有効であり、食中毒や院内感染の原因菌の同定に役立つと期待される。