

# 21PO-am221

インド コルカタ環境水中に生息する病原性遺伝子を保有する *V. cholerae* の調査  
○高橋 栄造<sup>1</sup>, 水野 環<sup>2</sup>, 三好 伸一<sup>2</sup>, 岡本 敬の介<sup>1</sup> ( <sup>1</sup>岡山大学インド研セ, <sup>2</sup>岡山大学  
大院医歯薬)

【目的】世界的に流行している激しい下痢症コレラの原因菌は *Vibrio cholerae* O1 及び O139 に限られ、それ以外の non-O1 /non-O139 抗原型は NAG ビブリオ(non agglutinable vibrio)と呼ばれ、散発性下痢の原因菌として知られる。インド コルカタの環境水中には多様な *V. cholerae* が生息しており、*V. cholerae* O1 と NAG ビブリオが接触し、新たな病原性状を獲得した菌が発生する可能性が危惧される。そこで、インドコルカタの環境水から病原性遺伝子を有する *V. cholerae* の単離を行い、病原性遺伝子を保有する菌の病原性状を調べた。

【方法】 環境水を TCBS プレートやアルカリペプトン水に播種し、培養した。コレラ毒素 A サブユニット遺伝子(*ctxA*)、TCP 絨毛構成蛋白質遺伝子(*tcpA*)、O 抗原生合成遺伝子(*rfbO1*, *O139*)を PCR 法を用いて検出し、病原性遺伝子保有株を選別した。単離された *ctxA* 遺伝子保有 *V. cholerae* を AKI 培地で 37°C、24 時間静置培養し、培養上清中のコレラ毒素(CT)濃度を CT-ELISA 法を用いて検出した。また、菌体から RNA を抽出し、*ctxA* 遺伝子の転写量を qRT-PCR 法を用いて調べた。また、下痢活性をウサギ腸管ループ試験で調べた。

【結果と考察】コルカタ環境水から 4 株の *ctxA* 遺伝子保有 NAG ビブリオを単離した。これらの O 抗原型はそれぞれ O14、O124、O152、undeterminable であった。いずれも *ctxA* 遺伝子の転写量は低く、CT 産生量は少量、もしくは産生していなかった。しかし、腸管ループ試験においては、O124 株、O152 株は下痢活性を示した。それゆえ、本菌が CT 高発現の機構を獲得すると強病原性株へと変化すると考えられる。