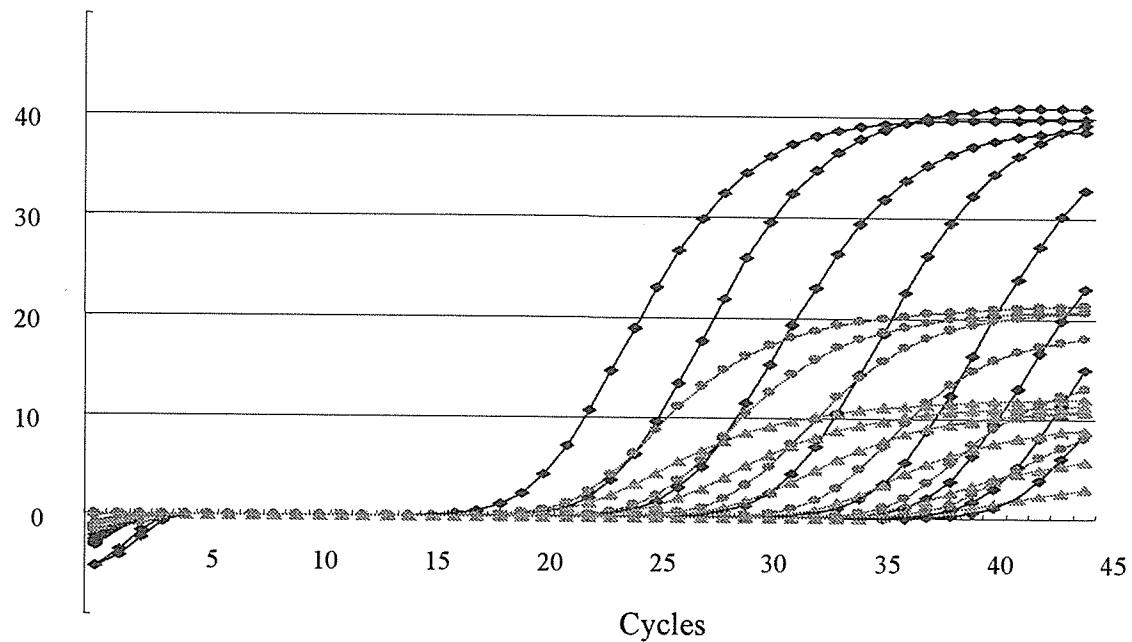


図 8. *V. cholerae* 及び類縁菌における *ret*, *ompW* 遺伝子の保有状況



Probes	gene	primer/probe
—●— FAM	<i>ctxA</i>	250nM/900nM
—●— Cal560	<i>ret</i>	〃
—●— TAMRA	<i>ompW</i>	〃

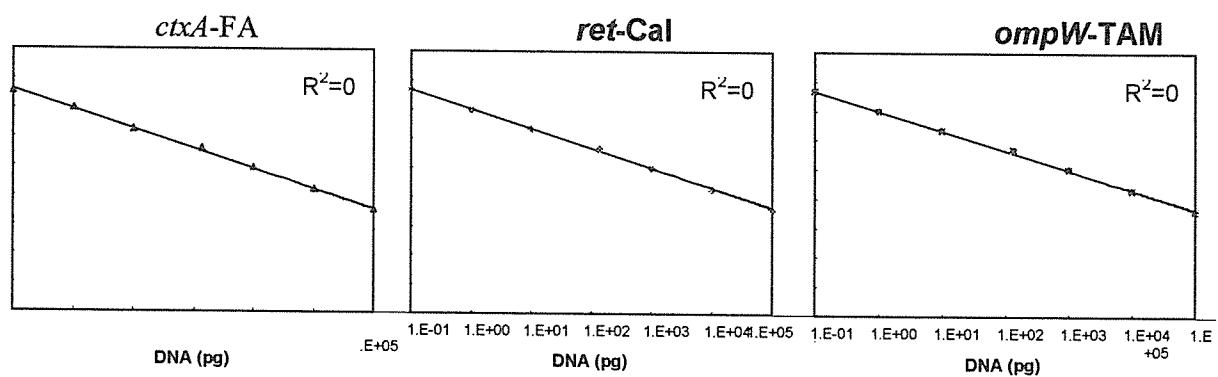


図9. リアルタイムPCRにおける定量曲線と標準曲線

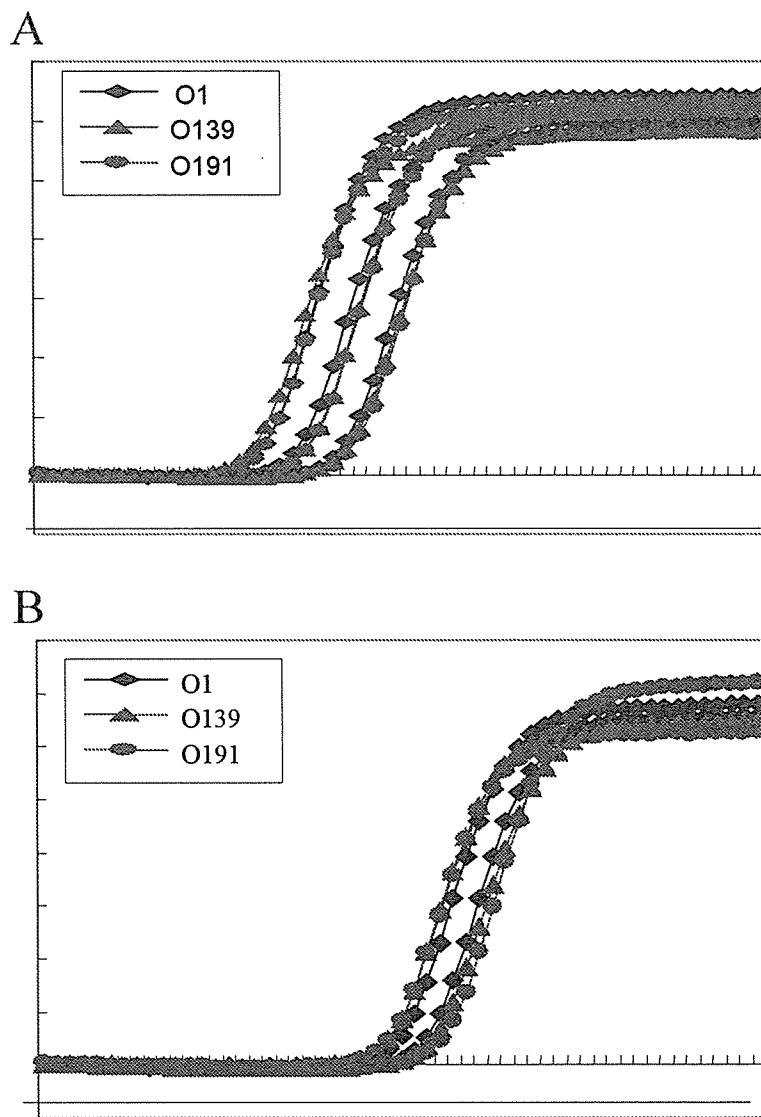


図10. 食品からのコレラ菌由来DNA(*ctxA*)抽出効率

V. cholerae O1, O139, O191 各代表株 $10^0\text{-}10^2\text{CFU}$ を市販冷凍エビ 25g に接種し、APW で 10 倍希釈・懸濁した後、2ml より DNA 抽出を行い、全量をリアルタイム PCR に供した。抽出は Mora Extraction kit を用いたフェノール濃縮法 (A) および熱変性 (B) により行なった。

表 1. 供試菌株一覽

Strain	Serotype (Biovar)	Isolation Source	<i>ctxA</i> gene
<i>V. cholerae</i>			
NIH35A3	O1 (Inaba, classical)	Human	+
NIID281-03	O1 (Inaba, classical)	Human	-
NIH41	O1 (Ogawa, classical)	Human	+
TVC343	O1 (Ogawa, classical)	Human	-
P6973	O1 (Inaba, El Tor)	Human	+
P1418	O1 (Ogawa, El Tor)	Human	+
NIID236-93	O139	Human	+
NIID1061-93	O139	Turtle	+
ATCC51394	O139	Human	+
NIHS12-06	O31	Squid	-
NIHS0013	O59	Shrimp	-
NIHS0014	O79	Shrimp	-
YCH11	O136	Shellfish	-
NIID455-92	O138	Crab	-
NIID863-94	O179	Prawn	-
NIID372-95	O186	Prawn	-
NIID626-95	O187	Prawn	-
NIID366-96	O191	Prawn	-
<i>V. parahaemolyticus</i>			
NIID-K1	<i>tdh</i> +	Human	-
NIID-K4	<i>trh</i> +	Human	-
<i>V. vulnificus</i>			
NIID459-95	O1, <i>vvh</i> +	Human	-
NIID-1115-80	O4, <i>vvh</i> +	Human	-
<i>V. fluvialis</i> NIHS-060222		Shrimp	-
<i>V. mimicus</i> NIHS-060223			-
<i>Ple. pneumophila</i>			-
<i>Mor. morganii</i>			-
<i>Aeromonas</i> spp. 62-11291		Shrimp	-
<i>Ent. cloacae</i>			-
<i>E. coli</i>	C600		-
	H4-54	O26:H11	Cattle
	EDL933	O157:H7	Human
<i>Sh. flexneri</i> YSH6000			-
<i>L. monocytogenes</i> EGD			-
<i>Ery. rhusiopathiae</i> Tama-96			-
<i>Sa. Enteritidis</i> 273			-
<i>Sa. Typhimurium</i> LT2		Reference	-

表 2. PCR スクリーニング検査における内部標準設計用プライマー

	Primer	Oligonucleotides (5' to 3')
1	16s-1	GCGGCAGCACAGAGGAACCTG
	16s-2	GTCTCCGCTAGATTCTCTGG
2	16s-ctxA-F	ACAGAGTGAGTACTTGACCGCGCAGCACAGAGGAACCT
	16s-ctxA-R	ATACCATCCATATATTGGGAGGTCTCCGCTAGATT

表 3. TCBS 寒天培地上で冷凍エビより優勢に分離された代表株

	菌種	コロニー数	備考
	<i>V. fluvialis</i>	3	
	<i>V. parahemolyticus</i>	2	<i>tdh-, trh-</i>
	<i>V. vulnificus</i>	2	
	<i>Aeromonas</i> spp.	2	
	<i>Enterobacter</i> spp.	1	
	計	10	

表 4. PCR 検出用プライマー

Gene		Sequences (5' to 3')	Size(bp)	GC%	Tm(°C)
<i>ctxA</i>	Forward	ACAGAGTGAGTACTTGACCC	308		
	Reverse	ATACCATCCATATATTGGGAG			
<i>ompW</i>	Forward	ATGAAACAAACCATTGCCTAGCC	654		
	Reverse	TTAGAACTTATAACCACCCGCGATG			
<i>ret</i>	Forward	TTGAATATACTAACCATTAAGAGA	449		
	Reverse	TTAGTTACTTCCTCTGAGAATT			

表 5. リアルタイム PCR 用プライマー/プローブ

Gene	Primer/probe	Sequences (5' to 3')	Oligo length	GC%	Tm (°C)
<i>ctxA</i>	Forward primer	GTTTCCCTCCGGAGCATAGA	20	55.0	61.5
	Reverse primer	GATCTGGAGCATTCCCACAA	21	47.6	62.3
	Probe (FAM)	CTTGGAGGGAAGAGCCGTGGATTCA	25	56.0	72.1
<i>ompW</i>	Forward primer	AGTTGCCTCGTCGTACTGGAT	22	50.0	62.3
	Reverse primer	GCCGGTTCTATCCAAGTACGTAG	24	50.0	62.3
	Probe (Cal560)	CTAAAGGCAAACCTTCACCCGTCGG	27	51.9	71.5
<i>ret</i>	Forward primer	GCGCATCCTCTAGTAAGCTAA	23	47.8	62.1
	Reverse primer	GCATAGCTTGAGTCATGTACCTCA	25	44.0	61.8
	Probe (Cy5)	TTTGTCAAGGCCATTGAATGCTATCCT	28	42.9	71.4
16s rRNA	Forward primer	CTCCTACGGGAGGCAGCA	18	66.7	62.5
	Reverse primer	AACCCGAAGGCCTTCTCA	19	52.6	62.0

Probe (Cal630)	TTGCACAATGGGCGCAAGCC	20	60.0	71.7
----------------	----------------------	----	------	------

表 6. *ctxA*, *ompW*, および *ret* 遺伝子の検出状況

菌種	菌株数	Detection for		
		<i>ctxA</i>	<i>ompW</i>	<i>ret</i>
<i>V. cholerae</i>				
O1, Ctx-positive	4	4	4	4
O1, Ctx-negative	2	-	2	2
O139, Ctx-positive	3	3	3	3
non-O1, non-O139	9	-	9	-
<i>V. parahaemolyticus</i>	2	-	-	-
<i>V. vulnificus</i>	2	-	-	-
Other bacterial spp.	14	-	-	-

表 7. リアルタイム PCR を用いた冷凍エビ中のコレラ菌定量性について

Inoculum (CFU/g)	Cal.	<i>ret</i>			<i>ompW</i>			<i>ctxA</i>		
		O1	O139	O191	O1	O139	O191	O1	O139	O191
		CP	33.58±0.18	34.19±0.12	ND*	33.68±0.05	34.51±0.18	32.27±0.17	32.55±0.22	33.08±0.11
100	CP	91.58	103.61	-	92.63	91.51	109.29	106.69	100.56	103.14
	CFU	33.58±0.21	37.66±0.33	ND	35.69±0.12	37.48±0.16	35.33±0.37	35.32±0.19	35.80±0.09	35.46±0.22
10	CP	8.99	9.88	--	7.66	7.49	11.35	10.47	11.24	10.59
	CFU	38.36±0.12	39.43±0.09	ND	38.30±0.18	39.71±0.23	40.23±0.22	39.17±0.42	38.37±0.07	39.82±0.20
1	CP	0.81	1.09	-	1.21	0.94	1.87	0.98	0.86	1.07
	CFU	38.36±0.12	39.43±0.09	ND	38.30±0.18	39.71±0.23	40.23±0.22	39.17±0.42	38.37±0.07	39.82±0.20

平成18年度厚生労働科学研究費補助金・新興再興感染症事業
研究課題名：食品由来の2類感染症のリスクアセスメントモデル構築に関する研究

分担研究課題：海外渡航者由来のコレラ菌分離株の疫学解析に関する研究

分担研究者 泉谷秀昌（国立感染症研究所 細菌第一部 第二室 室長）
研究協力者 荒川英二、森田昌知、三戸部治郎（国立感染症研究所 細菌第一部）
西村聖美、竹内真人、岡村徳子（成田空港検疫所）

研究要旨

コレラは、コレラ菌（コレラ毒素産生性の *Vibrio cholerae* O1 もしくは O139）によって生じる経口感染症であり、本菌に汚染された食品や水を介してヒトに感染する。コレラは現在 1961 年頃から始まった第7次世界的流行が現在も続いている状態であり、その原因是エルトール型 *V. cholerae* O1 である。我が国ではコレラは主としてアジアを中心とした海外渡航者による輸入例が大半を占めている。国内例の報告もあるが、そのほとんど全てが散発例ということもあり原因究明にいたることはほとんどない。こうした国内例の原因究明にあたり、現在の海外の流行菌株を把握することは非常に重要であると考えられる。本研究では主として海外渡航者由来のコレラ菌分離株に着目しこれらの特徴づけを行うべく、最近報告された国際的な統一手法となりつつあるパルスネット プロトコールによるコレラ菌のパルスフィールドゲル電気泳動法による解析を行った。

A. 研究目的

コレラはコレラ菌に汚染された食品や水を介して感染する。現在は 1961 年から始まった *V. cholerae* O1 El Tor による第7次世界流行の最中にあり、開発途上国を中心に年間数十万人のコレラ患者が発生している。

国内では 1822 年に初めてのコレラ流行が発生した。その後、1897 年に制定され、1988 年に改訂された伝染病予防法に基づいた防疫が行われてきた。1999 年 4 月にはいわゆる感染症法が施行され、コレラは 2 類感染症に位置づけされた。1999 年 12 月には食品衛生法施行規則の改正に伴い、食中毒統計の病因物質の種別に追加されている。

最近の我が国におけるコレラ患者については、年によって多少の変動はあるが、ほぼ 7-8 割が海外輸入例である。そして、そのほとんどがアジアへの渡航歴を有している。残り 2 割程度が国内例であるが、散発例であることがほとんどのため、

感染源の究明にいたることはほとんどない状態である。本研究では、まず、我が国を取り巻くコレラ菌の現状を把握することを目的とし、海外渡航者由来のコレラ菌分離株を材料に型別を行い、流行菌株を特徴づけ、そのデータバンクの構築を試みる。

B. 研究方法

当部に保存されている海外由来株、および成田空港検疫所で分離された海外渡航者由来株を供試菌株とした。

型別の方法として、昨年、国際的共同研究で提唱されたパルスネット プロトコールに基づいたパルスフィールドゲル電気泳動法 (PFGE) を使用した (K. L. F. Cooper, et al., Foodborne Pathogens and Disease, 3, 51-58, 2006)。泳動像の解析には同じくパルスネットで利用されている Bionumerics (もしくは Fingerprinting II) ソフトウェアを使用して、コンピューターに取り込

んだ泳動像の解析を行った。

C. 研究結果

感染研細菌第一部保存株（1992年－1997年）30株、および成田空港検疫所保存株（1999年－2006年）18株について、パルスネットプロトコールによるPFGEを行った。DNA消化に使用した制限酵素はNotIであった。サイズマーカーとして *Salmonella Braenderup H9812* 株のDNAをXbaI消化したものを使用した。泳動像の代表例を図1に示す。泳動像はスキャナーを用いてコンピューターに取り込み、Bionumericsソフトウェアによるクラスター解析を行った。比較のため、異なる5種類の血清型からなるNAGビブリオ(non-O1, non-O139 *V. cholerae*)分離株15株についても同様に処理を行い、クラスター解析に供した。その結果を図2に示す。*V. cholerae* O1株は1株を除き、NAGビブリオ株とは異なるクラスターを形成し、また、NAGビブリオはそれぞれの血清型でクラスターを形成した。各クラスター間を分ける類似度の閾値は約75%であった。

V. cholerae O1株に関しては、ほとんど全てが80%以上の類似度を示した一方で、類似度100%を示したのは4組(8株)のみであった。このうち3組はそれぞれ1992年南米、1997年フィリピン、2005・6年フィリピンで分離されたもので、年代および／もしくは地域によって異なるクラスターに分類された(図3)。

2005年5月にはインドネシアバリ島への旅行者においてコレラの集団事例が発生した。感染者のほとんどがバリ島の同一ホテルに宿泊し、またコレラ感染のリスク行動でもある生野菜の喫食やプールでの水泳をしていた。病原微生物情報(第27巻、8・9頁、2006年1月号)に掲載された本集団事例関連株のPFGE泳動像を本研究のクラスター解析にあてはめると1997年のシンガポールおよびインドネシア分離株と近縁であることが示唆された(図4)。しかしながら、同じインドネシア分離株でも上記のように同じ小クラ

スターに入らないものもあり、こうした結果から、PFGEによる解析が今後のコレラ患者の疫学解析において有用であることが示唆された。

今回供した菌株の海外渡航者の疫学情報(n=33)としては、年齢では20代が多く、6割を占めた。性別では男性が7割を占めた。また、リスク要因となりうる食品等の喫食情報は果物、乳製品、ジュースが多く、生野菜、氷などがそれに次いでいた(図5)。

D. 結論

最近発生する海外渡航歴のないコレラの感染源はほとんど不明のままである。しかしながら、コレラのそもそも発生地はアジアにあり、渡航歴のあるコレラ患者の原因菌を解析することでコレラ菌の現状を把握することは、国内例の感染源の解明にも役立つことと考えられる。患者の喫食調査、行動調査とともに、こうした菌株の疫学解析も重要と考えられる。

E. 研究発表

論文発表

M. Morita, K. Ito, K. Hirose, H. Takahashi, K. Shimuta, J. Terajima, M. Ohnishi, M. Harada, M. Matsuzaki, H. Watanabe, and H. Izumiya: Development of a real-time PCR assay for detection of *gyrA* mutations associated with reduced susceptibility to ciprofloxacin in *Salmonella enterica* serovar Typhi and Paratyphi A. *Microbiol. Immunol.* 50, 707-711, 2006.

F. 知的所有権取得状況

1 特許取得

なし

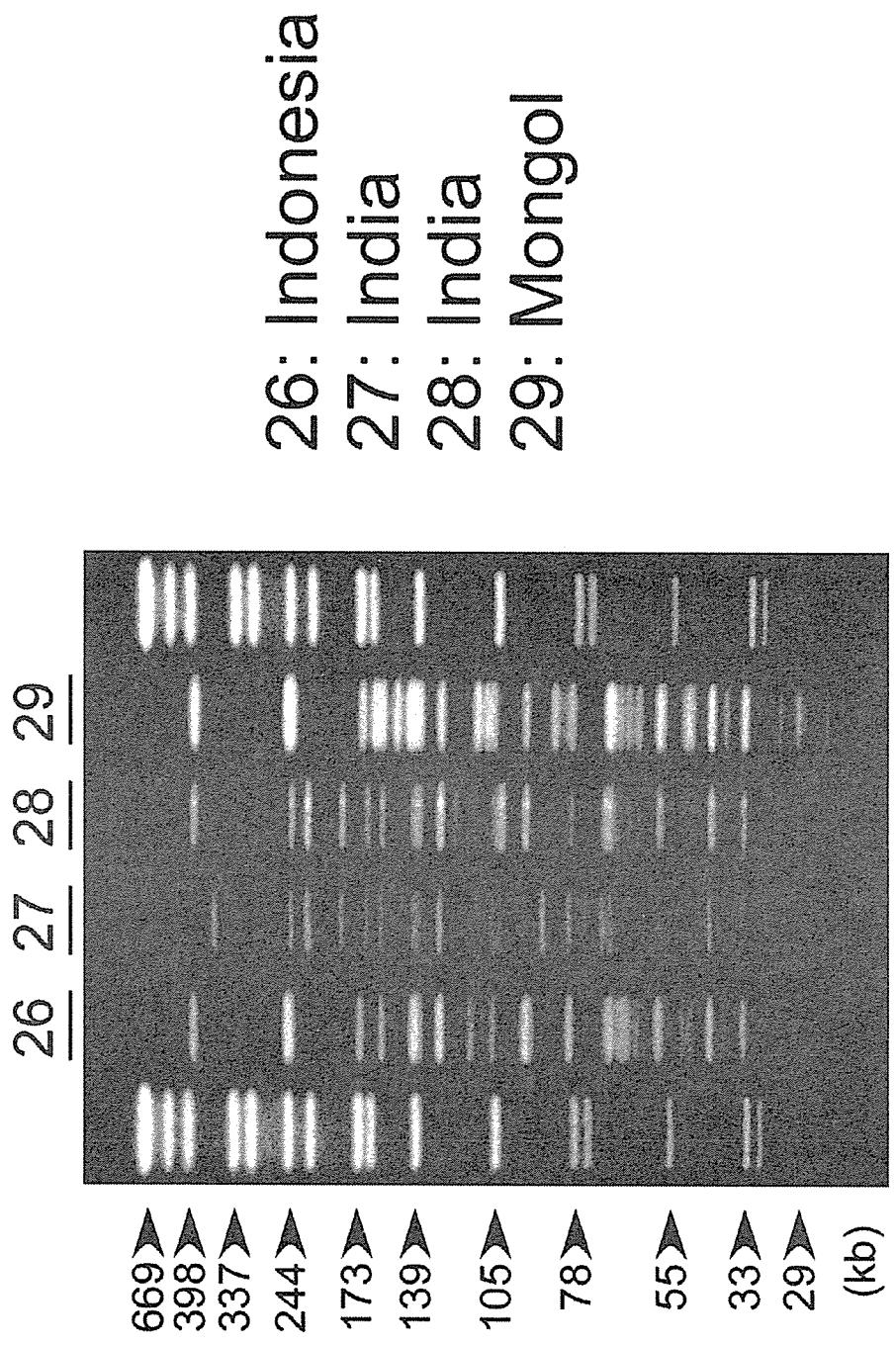
2 実用新案

なし

3 その他

なし

図1. コレラ菌O1株PFGE泳動像(例)



マーク: *Salmonella* Braenderup H9812

図2. 泳動像解析-1

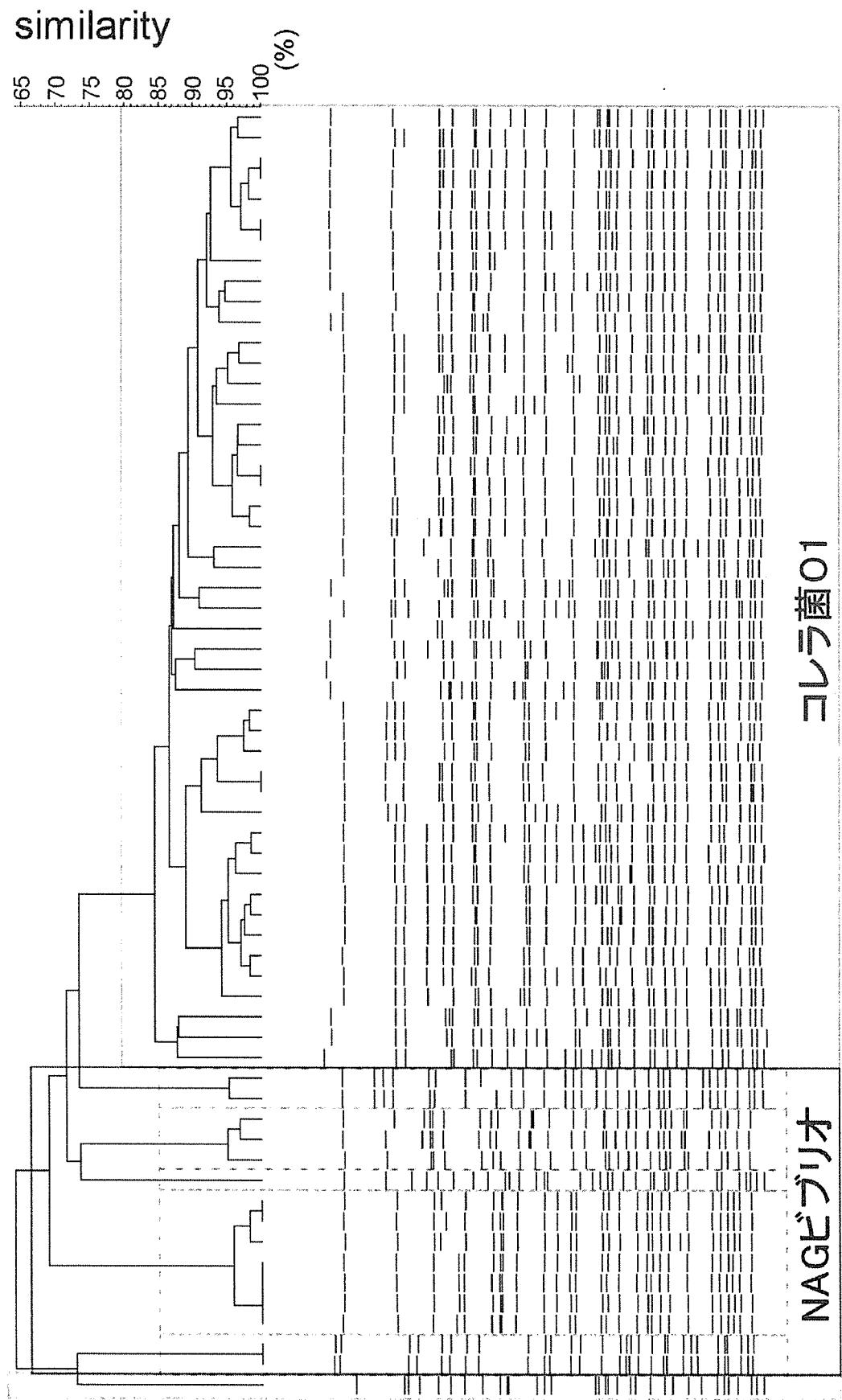


図3. 汚染動像解析-2

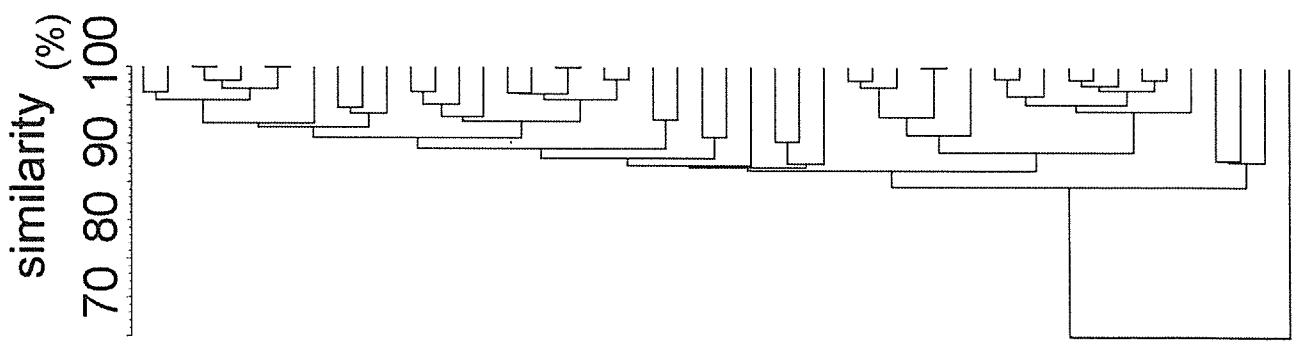
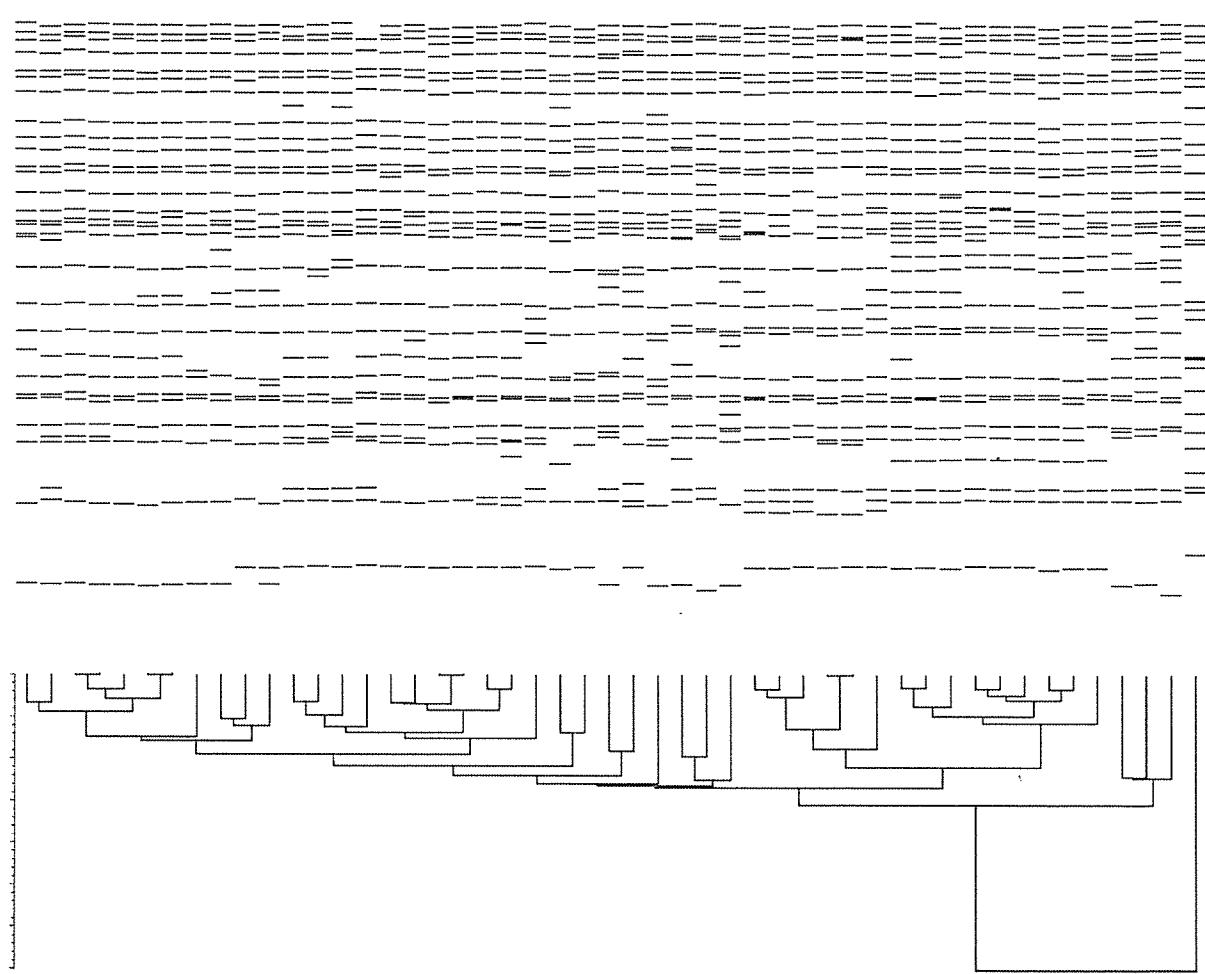


図4. 液動像解析-3

similarity (%)
70 80 90 100



2005年
ノリ島株
Singapore 1997
Indonesia 1997
Singapore 1997
Indonesia 2005

図5. 海外渡航者コレラ患者の喫食状況(複数回答)

