厚生労働科学研究委託費(新興・再興感染症に対する革新的医薬品等開発推進研究事業) 委託業務成果報告書

コレラ菌のゲノム情報に基づいた検査系の開発

担当責任者 森田昌知 国立感染症研究所 細菌第一部 主任研究官

研究要旨

現在アジア地域におけるコレラ流行株として、EI Tor 型 *V. cholerae* 01 の変異体である EI Tor variant 型 *Vibrio cholerae* 01 と Haitian variant 型 *V. cholerae* 01 が分離されている。それらの変異体は一塩基多型 (SNPs)により型別されており、新たな流行株の出現に備えコレラ菌の基盤的なゲノム情報を整備し、SNP による系統解析を行う必要がある。インド国立コレラ及び腸管感染症研究所よりゲノム DNA の提供を受け、解析を進めるために、共通のゲノム調整プロコールの作成し、精製ゲノム DNA の品質査定をおこなった。

A. 研究目的

Vibrio cholerae は 200 以上の血清群に分類さ れ、自然環境中では淡水、海水、汽水域と広く分 布している。それらの中でコレラの流行を引き起 こす原因菌は、血清群 01 及び 0139 の V. cholerae に限定されており、コレラの典型的な症状を引き 起こす主要な病原因子はコレラ毒素であること が知られている。また V. cholerae 01 には生化 学的性状の違いから classical 型と El Tor 型の 生物型が存在するが、現在のコレラの世界流行は 1961 年にインドネシア、スラウェシ島を発端と する EI Tor 型 V. cholerae 01 による流行である。 しかしながら 1990 年代以降、コレラ毒素 B サブ ユニット遺伝子の一塩基多型(SNPs)により、EI Tor 型 V. cholerae 01 の変異体の出現が確認さ れ、現在アジア地域においては El Tor 型 V. cholerae 01 は分離されずに、El Tor variant 型 V. cholerae 01 と Haitian variant 型 V. cholerae 01 の両者が分離されている。

このように世界流行の最中において *V. cholerae* 01 は変異を繰り返しているが、変異体は SNPs により型別されている。つまり、今後の

出現が予想される新規コレラ流行株の検出には 全ゲノム情報を整備し、基盤情報を整理しておく 必要がある。そこで本研究ではコレラ菌の全ゲノ ム配列の決定と基本的な配列解析を行い、ゲノム 情報に基づいた新規コレラ流行株の検出系を構 築することを目的とする。コレラの世界流行の中 心はベンガル湾であることを鑑みると、インド国 立コレラ及び腸管感染症研究所(National Institute of Cholera and Enteric Diseases, NICED)との連携及び情報の共有化は重要な役割 を担っている。次世代シーケンサーの導入により ゲノム配列の速度やコストは大幅に改善されて いるものの、アジア各国では普及していない。そ こで次世代シーケンサー用の DNA ライブラリー を NICED にて調整できるようにするため、本年度 はその端緒としてゲノム調整法の標準化を行っ た。

B. 研究方法

コレラ菌の培養方法、及びゲノム調整方法を最適化するため使用培地、ゲノム精製キット等の各種条件を検討した。DNA濃度及び品質は吸光度に

よる定量値と蛍光色素を用いた定量値を比較することで評価した。またゲノム精製試薬に含まれるカオトロピック塩及びコレラ菌由来のタンパク質の混入をそれぞれ波長 230nm における吸光度と波長 260nm における吸光度の比(A_{260}/A_{230})及び波長 280nm における吸光度と波長 260nm における吸光度と波長 260nm における吸光度の比(A_{260}/A_{280})により評価した。

(倫理面への配慮)

人を対象とする研究ではなく、また動物実験も 行なっていないので、該当しない。

C. 研究結果

精製法として磁性ビーズ法とシリカメンブレ ン法を、製造社として MACHEREY-NAGEL 社と QIAGEN 社を比較した。次年度以降インド NICED で実施することをふまえ、ゲノム調整キットの購 入及び作業工程などを考慮し、QIAGEN 社の DNeasy Blood & Tissue Kits を使用することと した。コレラ菌の LB 培地一昼夜培養液からゲノ ム DNA を QIAGEN 社のプロトコール通りに精製し たところ、A₂₆₀/A₂₃₀、A₂₆₀/A₂₈₀ともに 1.6 より大き い値となり、カオトロピック塩及びタンパク質の 混入は低濃度であった。しかしながら、DNA 濃度 は吸光度による定量値が蛍光色素を用いた定量 値の 3 倍以上となっており大きな乖離がみられ た。これは RNA の混入により A₂₆₀ が高く測定され たためであると考えられた。そこで定法に Proteinase K 失活処理と RNase A による RNA 分 解処理を加えた。これにより吸光度による定量値 が蛍光色素を用いた定量値の乖離は小さくなっ たものの、サンプルによっては依然として3倍以 上の大きな乖離がみられた。これを改善するため には、ゲノム精製に至る前段階である培養時の最 適化が必要であると考え、食品や環境中のコレラ 菌はアルカリペプトン水により増菌した後、分離 されることから、使用培地を LB 培地からアルカ リペプトン水に変更し、ゲノムを精製した。その

結果、多くのサンプルで吸光度による定量値が蛍光色素を用いた定量値の乖離が 3 より小さくなり、RNAの混入が改善された。また、今後のライブラリー調整への EDTA の影響を避けるため、予溶出液は 10 倍に希釈した TE buffer とし、標準プロトコールとした(図)。

D. 考察

インドで分離された V. cholerae O1 のゲノム DNA をインド NICED より提供してもらい、ゲノム情報の基盤整備を行うためには、一定した品質のゲノム DNA を継続的に精製しなくてはならない。そのために共通のゲノム精製プロトコールが必要となる。そこで本年度は標準プロトコールの作成を行い、その評価を行った。次年度以降、インド NICED で精製されたゲノム DNA を用いて次世代シーケンサー用のライブラリー調整を行う予定である。またこの標準プロトコールは、インドのみならずアジア各国で適用でき、今後、研究ネットワークが広がった際には、すみやかにサンプルの提供を受けることができるであろう。

さらには本研究課題では国際的な共同研究を通じて、NICED と中長期的な連携体制を築くことを目指している。今後 NICED を訪問し、次世代シーケンサー用の DNA ライブラリー調整法の指導及び技術移転を行うなど、コレラ流行株の基盤情報の取得及びその共有化のために綿密なコミュニケーションを図りたい。

E. 結論

RNA 除去作業を含めた DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen) を用いて、アルカリペプトン水で 培養したコレラ菌からゲノム DNA を精製する方法を標準プロトコールとした。

F. 健康危機情報

特に無し。

- G. 研究発表 特に無し。
- H. 知的財産の出願・登録状況 特に無し。

Single colony grown on LB plates

Inoculate in alkaline peptone 2 mL, 30 shaking culture

The bacterial cells are collected by centrifugation from 1 ml of cultivation medium, and then suspend in 20 μL saline (vortex)

Add 180 μL ATL solution (DNeasy Blood & Tissue Kits, Qiagen) and mixing

Add 20 µL Proteinase K solution (Kit attached) and mixing

Incubate at 56 , 1hr

Incubate 95 for 5 minutes to inactivate the proteinase K by 5min

Add 2 μL RNase A solution

Incubate at 37 , 30min

Add 200µL AL solution (Kit attached)

Add 200µL EtOH (99%)

Tansfer the whole solution to the column (Kit attached) and centrifuge

Add $500\mu L$ AW1 solution (Kit attached) and centrifuge

Add $500\mu L$ AW2 solution (Kit attached) and centrifuge

Centrifuging the empty column to dry up

Add a 10-fold diluted TE (100 μ L) at 55

Incubate at Room temperature, 1min

Centrifuge it (14800rpm, 1min) to elute the genomic DNA

図 ゲノム調整プロトコール