

Salmonella Typhimurium の遺伝的背景を判定するための新しい型別法

Salmonella Typhimurium (ST) による家畜のサルモネラ症は家畜伝染病予防法における届出伝染病に指定されています。ST は牛や豚から分離されるサルモネラの半数以上を占めますが、ST の中でも様々な遺伝子型があることが知られており、優勢な遺伝子型が時代とともに変遷する現象が認められてきました。遺伝子型の決定にはこれまでパルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) や多座塩基配列型別 (MLST) が用いられてきました。しかしながら、PFGE による型別は必ずしも遺伝的背景を反映しないこと、MLST は DNA シークエンサーが必要であることなどから、一般の検査室で本菌の遺伝的背景を明らかにすることは容易ではありません。そこで我々は一般の検査室でも実施可能な PCR 法をベースとする新しい遺伝子型別法を開発し、過去 40 年間にわたる家畜由来 ST の遺伝子型変遷を明らかにしたので紹介します。

☆ 技術の概要

1. 約 120 株の ST の全ゲノム塩基配列解析を行い、これらの菌株を 9 つの遺伝子型 (1 ~9 型) に型別しました。
2. 9 つの遺伝子型を一般の検査室で特定できる PCR 法を開発し、牛由来 828 株と豚由来 140 株を本法で型別しました。
3. 牛由来株では 1990 年代に 1 型が、2000 年代には 7 型が、そして 2011 年以降は主に 9 型が最優勢となっていることがわかりました (図)。
4. 豚由来株では 1990 年代は 1 型が、そして 2000 年代以降は 3 型及び 9 型が優勢となっていることがわかりました (図)。

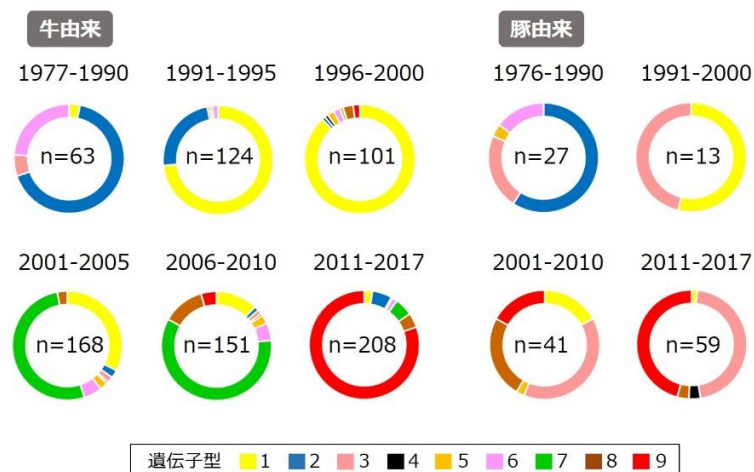


図 過去 40 年間の牛及び豚由来 ST の遺伝子型変遷

☆ 活用面での留意点

本法により被検菌の遺伝的背景を明らかにすることで、過去の流行株との異同が判定できます。さらに PFGE による型別を組み合わせることで、より詳細な疫学的考察が可能となります。

(農研機構 動物衛生研究部門 企画管理部 秋庭正人)