

演題番号：3

演題名：豚の疣贅性心内膜炎由来 *Streptococcus suis* の性状解析

発表者名：○西野珠美¹⁾、岡野祥¹⁾、佐々木哲¹⁾、仲本佑子¹⁾、高松大輔²⁾、大倉正稔²⁾

発表者所属：1) 中央食肉衛生検査所、2) 動物衛生研究所

1. はじめに

豚レンサ球菌 *Streptococcus suis* (*S. suis*) は、豚や人に髄膜炎、敗血症などを引き起こす。本菌の病原因子や発病機構は不明点が多いが、豚や人由来の菌株が遺伝的に近縁であることが近年明らかとなり、PCR を用いた線毛関連遺伝子プロファイリング (PAGP) 法という簡便な疾病リスクの推定法が開発された。当所では平成 27 年より本菌による疣贅性心内膜炎を伴う敗血症が増加しているが、その原因菌の性状解析は行われていない。そこで県内での疾病リスクが高い菌株の分布状況を把握するため、当所で分離した菌株の血清型別試験及び各種遺伝子解析に基づく性状解析を行った。

2. 材料及び方法

材料は平成 26 年 6 月から平成 28 年 9 月に分離した豚の疣贅性心内膜炎由来 *S. suis* 70 株を用いた。疫学マーカーとして莢膜形成遺伝子 (*cps*-1J, 2J, 7H, 9H) 及び病原関連遺伝子 (*epf*, *sly*, *mrp*, *arcA*) の出現パターンを PCR により解析した。血清型別は *cps* 保有 57 株を用いて共凝集試験を行った。疾病リスクの推定は PCR で線毛関連遺伝子 (*sbp2*, *sep1*, *sgp1*) を標的とする PAGP 法で行った。また PAGP 法で疾病リスクが高い株集団 Clonal Complex (CC) 1 または 28 に属すると推定された株のうち 4 株については Multi-Locus Sequence Typing (MLST) により Sequence Type (ST) を決定し、疾病リスクを特定した。

3. 結果

遺伝子出現パターンは *cps2J*+/*mrp*+/*arcA*+ 52 株 (74.3%)、*cps2J*+/*epf*+/*sly*+/*mrp*+/*arcA*+ 5 株 (7.1%)、*mrp*+/*arcA*+ 11 株 (15.7%)、*arcA*+ 1 株 (1.4%)、*epf*+/*sly*+/*mrp*+/*arcA*+ 1 株 (1.4%) の 5 つに分類された。血清型は 2 型が 38 株、型別不能 (UT) が 18 株、2 型と UT 混在型 1 株であった。PAGP 法では 62 株 (88.6%) が CC28、6 株 (8.6%) が CC1 と推定され、2 株は CC 不明であった。MLST では 2 株が ST1、残り 2 株が ST28 であった。

4. 考察及びまとめ

遺伝子出現パターン及び割合は他県の報告と同様であり、県内でも既報と同様の型の菌が蔓延していると考えられた。血清型は豚や人で最も高頻度に検出され、強毒株が多く含まれる 2 型が最多 (54.2%) であった。UT 株は莢膜を失っている可能性があり本来病原性が低いと考えられていたが、心内膜炎病変部では有莢膜株・無莢膜株が共存し、両株が協調して病変を形成することが最近報告されている。心内膜炎多発上位 2 農場での UT 株検出率が高いことから、UT 株はある程度の病原性を有し、多発に関与している可能性が示唆された。PAGP 法では 97% の株が疾病リスクの高い CC に推定され、そのうち MLST を行った 4 株は人由来株と同じ ST であり、特に ST1 は強毒株であることから人にも強毒な株が県内に分布していることが確認された。このことから今後は本菌に強毒株が存在することを考慮し、特に保留検査時の臓器や菌の取扱いに一層注意を払い、と畜検査業務に当たる必要がある。