

鶏病原性大腸菌に見られる新興群を標的とした 新規検査法の開発と流行調査

宮崎大学農学部・准教授 井口 純

■ 目的

国内では年間約7.3億羽の肉用鶏が生産されており、特に南九州(宮崎県と鹿児島県)では全体の約40%を生産している。鶏大腸菌症は肥育時に頻発し、集団感染を引き起こす場合もあることから、養鶏産業における大きな経済的損失要因となっている。我々はこれまでの研究で、国内で流行する鶏大腸菌症起因大腸菌(avian pathogenic *Escherichia coli*: APEC)の一部が、非常に近縁な特定系統群(系統G)に属していることを明らかにした。系統GとAPECとの関連はこれまでに報告されておらず、血清型や保有する病原遺伝子の特徴についても全く知られていない。また、それらを効率的に検出できる手法も存在しない。APECによる鶏大腸菌症の低減を目指す上で、新興するAPECの特徴を理解する必要がある。そこで本研究では、系統Gに属するAPECのゲノム解析を行い、血清型や病原性遺伝子の保有パターンの詳細を明らかにすることを目的とした。

■ 方法

宮崎県内の食鳥処理場または養鶏農場において鶏大腸菌症だと診断された個体(計681個体)の病変部(蜂窩織炎および漿膜炎)から、DHL寒天平板培地を用いて、1個体につき1株の大腸菌様コロニーを分離した。*gyrB*上の大腸菌に特異的な配列を標的としたPCR法により、大腸菌であることを確認した。さらに、*E. coli* Og-typing PCRおよび*E. coli* Hg-typing PCRにより、Og:Hg型の詳細を判定した。イルミナ・シーケンシングシステムを用いて、ドラフトゲノムを取得し、系統解析や病原性関連遺伝子のスクリーニングを行った。

■ 結果および考察

大腸菌であると判定された669株のOg:Hg型を判定したところ、116種類が確認され、蜂窩織炎由来株ではOg25:Hg4、漿膜炎由来株ではOg36:Hg4が主要な型であった。ゲノム解析の結果、系統Aが12.7%、系統B1が35.1%、系統B2が7.2%、系統Cが4.7%、系統Dが3.2%、系統Eが4.7%、系統Fが5.8%、系統Gが26.1%となった。系統Gの特徴として、21種類のOg:Hg型が含まれるものの、そのうちの18種類(株数では90.2%)がHg4に属し、*vat*と*pic*が系統に特異的な病原性関連遺伝子として確認された。また、APECの世界的な流行型とされるO78では、系統B1に属するOg78:Hg51、系統Cに属するOg78:Hg4とOg78:Hg9、系統Gに属するOg78:Hg4の4種類が確認された。系統解析と血清型の解析により、同一起源株から派生した異なるOg型(またはHg型)に属するAPECが、国内で流行していると推察された。

■ 結語

本研究により、国内で流行している新興型を含むAPECの系統や血清型の特徴が明らかとなった。また、それらの病原性関連遺伝子の分布も明らかとなった。以上の成果は、鶏大腸菌症の低減を目指す上で重要な基礎情報になると考えられた。