

歯周病原性細菌 *Eikenella corrodens* はファージ感染により口腔内で高病原化する

Periodontopathogenic bacterium, *Eikenella corrodens*, enhances its pathogenicity by phage infections in oral cavity.

山田 和範、○倉重 吉宏、加藤 昭夫、恵比須 繁之<sup>1</sup>、阿座上 弘行（山口大・農、<sup>1</sup>阪大院・歯）  
Kazunori Yamada, ○Yoshihiro Kurashige, Akio Kato, Shigeyuki Ebisu<sup>1</sup>, Hiroyuki Azakami  
(Yamaguchi Univ, <sup>1</sup>Osaka Univ)

【目的】 *Eikenella corrodens* は歯周病関連細菌の一つで、その菌体表層のレクチンが本菌の病原性に大きく関与する。我々は臨床分離株の一つ（1073 株）から線状ファージに由来するプラスミド pMU1 を発見し、それにコードされたリコンビナーゼ遺伝子を標準株（23834 株）に導入することにより、線毛遺伝子領域を含むゲノムが大きく再編されることを報告した。さらに、このゲノム再編により、線毛の消失に伴うコロニー形状の変化が見られ、またレクチン活性、バイオフィーム形成能、溶血活性、増殖速度、炎症性サイトカイン誘導能などの本菌の病原性の各指標が上昇することも明らかにした。ゲノム再編が起こった株の線毛遺伝子領域の塩基配列を解析したところ、ある臨床分離株（VA1 株）とほぼ同じであったことから、このようなゲノム再編如る高病原化が口腔内で頻繁に起こっている可能性が示唆された。そこで、今回は、本菌のゲノム再編による高病原化が口腔内において普遍的に起こり得るのか、またゲノム再編のメカニズムについて調べたので報告する。

【方法および結果】 国内外から分離された臨床分離株 7 株に pMU1 由来のリコンビナーゼ遺伝子を導入した。その結果、4 株にゲノム再編が見られたが、残りの 3 株では変化は認められなかった。また、ゲノム再編の見られた 4 株全てにおいて、線毛の消失に伴うコロニー形状の変化が見られ、レクチン活性、バイオフィーム形成能、溶血活性、増殖速度、サイトカイン誘導能が上昇していた。しかし、ゲノム再編が見られなかった 3 株では、これらの変化は見られなかった。したがって、ゲノム再編による高病原化がファージ感染などによって口腔内で頻繁に起こっている可能性が示唆された。また、ゲノム再編が見られた株は全てゲノム中に線状ファージ（pMU1）の配列を含んでいたことから、かつてファージ感染を受けた株が再度感染を受けることによって高病原化する可能性が示唆された。さらに、株が分離された地域性によって組換え株の検出頻度が異なっていたことから、ファージの感染が水平伝播により広がったことも示唆された。

本研究により、口腔内でのファージ感染を介した遺伝子の水平伝播により歯周病原性細菌にゲノム再編が起こり、高病原化株が出現していることが示唆された。