

論文審査の結果の要旨

報告番号	博(医歯薬)甲第 1126 号	氏名	Pham Duc Tho
学位審査委員	主査 西田 教行 副査 泉川 公一 副査 長谷部 太		
論文審査の結果の要旨			
<p>1 研究目的の評価</p> <p>1961 年より現在まで続く第 7 次コレラパンデミックは <i>Vibrio cholerae</i> の El Tor 型が原因菌である。近年、El Tor 型はさらに wave 1、wave 2、wave 3 に分類される。本研究は、一番古いタイプの wave 1 のアジアにおける流行のパターンを遺伝学的に明らかにしようとしたもので目的は妥当である。</p>			
<p>2 研究手法に関する評価</p> <p>コレラトキシン (CT) をエンコードする <i>ctxAB</i> 遺伝子はサテライトファージ RS1 や他のモバイルエレメントとともに、CTX prophage region と呼ばれる領域を形成している。1956 年～1962 年にかけて日本を含むアジア各地で分離された O1 コレラ菌 El Tor 型の wave 1 株 18 株の CTX prophage region について、Southern blotting を用いた restriction fragment poly length polymorphism (RFLP)、および特異的プライマーパネルを用いた PCR プロファイル解析、また次世代型シーケンサーによる遺伝子解析、さらには PacBio RS II の解析結果も加味して、全ゲノム情報に基づく系統樹を作成し関連性を検討しており、研究手法も妥当である。</p>			
<p>3 解析・考察の評価</p> <p>O1 コレラ菌 El Tor 型の wave 1 株 18 株は、8 つの異なるグループに分類され、CTX prophage region に地域特異性が見られた。また、地域によっては異なる CTX prophage region を持つ菌が分離された。系統樹解析上、近似のクラスターに分類された El Tor 型株は、同一グループまたは構造が類似する CTX prophage region グループを有する事が判明した。O1 コレラ菌 El Tor 生物型の wave 1 株において CTX prophage region は構造多様性があることである事が判明し、コレラパンデミックの分子疫学的解明へと進展することが期待される。</p>			
<p>以上のように本論文はコレラ流行研究に貢献するところが大きく、審査委員は全員一致で博士(医学)の学位に値するものと判断した。</p>			