

下痢症患者由来カンピロバクター属菌の 発生状況と遺伝子学的解析

桜庭 恵¹⁾ 和栗 敦¹⁾ 澤田 譲¹⁾
三上 稔之¹⁾ 阿部 幸一¹⁾ 畑山 一郎¹⁾
工藤 幸生²⁾ 月足 正辰²⁾ 齋藤 雅明²⁾
竹内 敏博²⁾

1) 青森県環境保健センター

2) 社団法人弘前市医師会成人病検診センター

Key Words : ①下痢症患者②カンピロバクター属菌③
PFGE

I. はじめに

青森県環境保健センターでは、細菌検査施設を有する医療機関及び民間臨床検査センターのうち、地域別に10カ所の定点機関から病原菌の検出情報を収集して統計的解析を行い、毎週「病原微生物検出情報」としてWeb上で公開している。このなかで近年、カンピロバクター属菌分離の報告数増加がみられている。国立感染症研究所発行の月報でも、病因物質別食中毒事件数でサルモネラと腸炎ビブリオが大きく減少したのに対し、カンピロバクターは減少が見られず増加傾向にあるとの報告がされている¹⁾。

II. 目的

近年、カンピロバクター属菌分離の報告数増加がみられ、当該菌による食中毒事件が発生していることから、定点機関で分離されたカンピロバクター属菌相互の関連性を把握し、詳細な菌株の解析を実施することにより、カンピロバクター食中毒予防の一助とするために本調査を行った。

III. 研究方法

1. 検査材料

定点機関のうち最も報告数の多い、社団法人弘前市医師会成人病検診センターで、2005年6月から2006年

3月までの期間に分離された下痢症患者（散発事例）由来カンピロバクター属菌237株を収集し、このうち219株を検査材料として用いた。また、比較のため集団食中毒事例で分離された株（2005年4月、2006年6月に発生の事例）も解析に供した。

2. PCR法による菌種の同定

マルチプレックスPCR法²⁾によりカンピロバクター属菌特異的遺伝子の検索を行った。検索遺伝子は、ヒトからの検出率が高くカンピロバクター腸炎の原因菌である *Campylobacter jejuni/coli* の菌種特異的遺伝子を対象とした。

3. 血清型別

耐熱性抗原による Penner の型別法に準拠した市販血清、カンピロバクター免疫血清「生研」（デンカ生研）を用いた。

4. パルスフィールドゲル電気泳動法（以下、PFGE）³⁾による解析

制限酵素 *Sma* I 処理後に Fingerprinting Plus (Bio-Rad) で解析を行った。

IV. 結果

1. 発生状況

- 1) 月別分離状況：期間を通して分離されたが特に夏季に多く、また、他の菌の分離が少ない冬季にも発生がみられた。
- 2) 性別分離状況：女性44%男性56%で、男性の方がやや多かった。
- 3) 年齢別分離状況：0～9歳が16%、10～19歳が23%、20～29歳が30%、30歳以上が31%であった。
- 4) 年齢と性別：0～9歳ではほぼ同数、10～19歳では男性が70%、20～29歳では男性が61%、30歳以上では女性が59%であった。

2. PCR法による菌種の同定：219株中 *C.jejuni* が180株（80%）、*C.coli* が41株（20%）であった。*C.jejuni* と *C.coli* が混在していた検体が2株あった。

3. 血清型別：24の血清型に型別され、特定の型への偏りはみられなかった。

4. PFGE：同じ血清型であってもPFGEパターンは多様であった。それに対して、集団食中毒事例で分離された株では、血清型とPFGEパターンは同一であった。

V. 考察

カンピロバクターによる散発性の下痢症患者は、近年多数発生している。集団食中毒発生時にはPFGE解析を実施するが、散発の下痢症患者由来株の解析は通常行われない。そこで今回、検査機関に協力を依頼し菌株を

収集して解析を実施した。その結果、集団食中毒事例とは異なる部分があることがわかった。

食中毒では C.jejuni が97%を占め C.coli は非常に少ない¹⁾とされているのに比べ、今回の調査で C.coli が20%と高率に分離された。C.coli は、C.jejuni よりも環境での抵抗力が弱いとされている⁴⁾。その C.coli が散発性の下痢症患者から高率に分離されたことは、低温管理や真空包装等の品質保持における技術の進歩及び流通の迅速化が、カンピロバクターの生存性に好都合の条件を与えていることを示唆している⁵⁾。さらに、肉や内臓を生あるいは生に近い加熱不十分な状態で喫食することや箸の共用等により起こる二次汚染も、カンピロバクター下痢症患者増加の原因になっていると推察される。カンピロバクターによる下痢症を防ぐためには、調理・喫食に際して二次汚染や加熱不十分のないよう留意しなければならない。

血清型は特定の型に偏ることはなく、また、同じ血清型であっても P F G E パターンが一致することは、まれであった。つまり、散発事例では P F G E パターンが一致するものはほとんどないが、一方、集団事例では分離株の大半が一致した血清型や P F G E パターンを示す。このことから、散発事例で一致するパターンを示す場合には、何らかの共通原因があることが想定できる。

今回の調査で、様々な型のカンピロバクター属菌が浸潤しており、原因食品も多岐にわたっていることが推測された。今後、他の菌による散発下痢症患者の解析も実施してデータベースを構築し、保健所等から得た患者情報と併せて比較検討することにより、続発する下痢症の発生防止及び食中毒予防のために、よりの確な情報を提供していきたいと考える。

最後に、病原微生物検出情報提供に協力していただいた、定点機関の細菌検査担当者各位に深謝いたします。

VI. 文献

1. カンピロバクター腸炎1995-2005, 病原微生物検出情報, 27, 7 (2006)
2. John D.Klena, Craig T. Parker et al. J.Clin.Microbiol., 42, 5549-5557 (2004)
3. 伊藤喜久治: 我が国におけるパルスネット構築のための緊急研究. 平成10年度厚生科学 研究費補助金<新興・再新興感染症研究事業>分担研究報告書, 51-56 (1999)
4. 阪崎利一編集, 食水系感染症と細菌性食中毒, 中央法規, 336-356
5. 高木昌美, 鶏病研報, 38増刊号, 25-34 (2002)