

Ribot らの方法^[2]に準じて PFGE 法による遺伝子型別を行った (制限酵素 *Sma* I)。

馬の *Campylobacter jejuni* 保菌調査

田中 真希¹⁾ 白田 忠亮¹⁾ 中沢 圭¹⁾
小山田博也¹⁾ 前田 良博¹⁾

1) 青森県十和田食肉衛生検査所

Key Words : ① *Campylobacter jejuni* ②馬由来株 ③血清型及び遺伝子型

I. はじめに

Campylobacter jejuni (以下、*C.jejuni*) は様々な動物の腸管内に分布し、鶏肉や牛レバーを介する食中毒原因菌としても広く知られている。本県では馬肉等の喫食が盛んであるが、馬の *C.jejuni* に関する報告はほとんどない。今回、管内と畜場に搬入された馬の *C.jejuni* 保菌調査を行い、分離菌株について血清型及び遺伝子型で分類し、当所で保存している牛及び人由来株との比較を行ったのでその概要を報告する。

II. 材料及び方法

1. 保菌調査

平成17年11月～18年10月に搬入された40生産者の馬295頭 (平均年齢5才) について、シードスワブ (栄研) を用いて盲腸便を採材し、常法に従い *C.jejuni* を同定した。7～10月搬入分については部位別保菌率の比較のため、同時に直腸便も採材した。

2. 血清型及び遺伝子型による分類

今回分離された馬由来株、当所で保存している牛由来株55検体及び人由来株 (県内の散発下痢症患者及び集団食中毒患者由来) 53検体について、以下の試験を実施した。

1) Penner の耐熱性抗原による血清型別

市販血清 (デンカ生研) を用いて血清型別を行った。

2) Random amplified polymorphic DNA PCR (以下、RAPD) 法による遺伝子型別

Nielsen らの方法^[1]に準じて遺伝子型別を行った (プライマー HLWL85)。

3) パルスフィールド・ゲル電気泳動 (以下、PFGE) 法による遺伝子型別

血清型及び RAPD パターンが一致した検体について、

III. 成績

1. 保菌調査

40農場の295頭中、14農場の39頭 (13.2%) から *C.jejuni* が分離された。この他、2頭 (0.7%) の盲腸便から *C.coli* が分離された。同一個体から採材した盲腸便及び直腸便からの *C.jejuni* 分離率はそれぞれ17.8%、3.0%であり、盲腸と直腸の両方から分離されたのは2頭、直腸のみから分離されたのは1頭であった。月別では0～21.4%と幅があり、6～9月には20%以上であった。

2. 農場別の分離状況

搬入の多い5農場の *C.jejuni* 分離率を比較したところ、農場1は22.5%、農場2は20.0%、農場3は12.5%で、農場4と5からは分離されなかった。

3. 血清型の分類

C.jejuni は39頭から42株分離され、これらの血清型は11種類に分類された。このうち最も多かったのはG群9株、次いでC群6株、A群5株、R群4株、D、Z2群3株、I群2株、その他4群が各1株で型別不能は6株であった。

4. 血清型及びRAPDパターンによる分類

分離された42株の RAPD パターンは30種類に分類され、さらに血清型と RAPD パターンの組合せにより30種類に分類された。このうち主な3農場について表1に示した。

表1 血清型及びRAPDパターンによる分類

農場	A	C	D	G	R	Z2	Z7
農場1	a (1) c (4)	b (1) d (1)	e (1) g (1)	f (4) h (1)	j (1)	m (2)	n (1)
農場2		b (2)		h (1) i (1)	k (1)		
農場3				f (1)	l (1)		

※ 表中の a～n は RAPD パターンを、() 内の数字は検体数をそれぞれ表す

5. PFGE法による遺伝子型の比較

馬、牛及び人由来株で血清型と RAPD パターンの組合せによる分類を行ったところ、血清型C群、RAPDパターンbの組合せで一致するものが馬由来3株、牛由来3株、人由来6株の計12株認められ、PFGE法による確認を行ったところ、切断パターンも一致した。

IV. 考察

今回の調査で、馬からの *C.jejuni* 分離率は6～9月に高い傾向が見られた。*C.coli* の分離率は0.7%と低く、馬における *Campylobacter* 属菌の保菌は鶏や牛と同様に *C.jejuni* が主であることがわかった。部位別では直腸便

よりも盲腸便で高く、盲腸が採材に適していると考えられた。以前調査した牛では両部位に差がなかったことから、動物種によって主な保菌部位が異なると考えられた。農場別の分離状況にも差が認められ、20%以上を示す農場がある一方で全く分離されない農場もあり、飼養環境等が保菌状況に影響していると考えられた。血清型ではG群が多く、以前調査した鶏と人ではB群、牛ではD群が多いという結果とは異なる傾向が見られた。血清型とRAPD パターンの組合せは同一農場内でも多岐に渡り、導入されている馬の由来が様々であること、飼養期間が他の家畜より長いことによると考えられた。また、同じ組合せの菌株が同一農場の複数の個体より異なる時期に分離される例もあり、特定の菌が農場内に長期間存在していることが考えられた。一方、異なる農場から同じ組合せの菌株が分離されたことから、土壌等自然環境中に共通する菌が存在している可能性も考えられた。

当所では、これまで血清型及び遺伝子型別を用いた調査により、人由来株と鶏及び牛由来株の関連性について知見を得てきたが、今回、馬由来株についても人由来株と一致する菌株が確認された。本調査により、馬の *C.jejuni* 保菌率及び菌株の分布状況等が明らかとなった。今後も調査を続け、より正確な実態把握を目指すと共に今回の結果を広く還元し活用していきたい。

V. 文 献

- [1] Nielsen et al : J.Clin.Microbiol.38,3800-3810 (2000)
- [2] Ribot et al: J.Clin.Microbiol.39,1889-1894 (2001)