

香川県内で発生したカンピロバクター食中毒事例

Case Report of *Campylobacter jejuni* Food Poisoning in Kagawa Prefecture

内田 順子 岩下 陽子 関 和美 福田 千恵美
Junko UCHIDA Yoko IWASHITA Kazumi SEKI Chiemi FUKUDA

要 旨

2015、2016年に香川県内(高松市を除く)飲食店において *Campylobacter jejuni* (以下 *C.jejuni*)による食中毒が4件発生した。そこで4事例より分離された *C.jejuni* の血清型と PFGE による遺伝子解析を行った。Pennerによる血清型は全て型不明となったが、PFGEによる遺伝子解析により4件の事例の由来がそれぞれ異なることが示された。市販されている Penner 法の型別率が低いという欠点により血清型による疫学的解釈の助言は難しく、PFGEによる疫学解析が重要である。

キーワード：カンピロバクター ペナー型別法 遺伝子解析 食中毒

I はじめに

カンピロバクター食中毒は、細菌性の中で発生件数が最も多くなっている。主な原因として、生の状態や加熱不足の鶏肉の喫食や、調理中の取り扱い不備による二次汚染などが考えられる。

そこで、2015、2016年に香川県内(高松市を除く)飲食店で発生した *C.jejuni* による食中毒4事例において、分離された *C.jejuni* の血清型と PFGE による遺伝子解析を行い、関連性を調査した。

II 方法

1 供試菌株(表1)

2016年に発生した事例Aより分離された3株、事例Bより分離された8株、2015年に発生した事例Cより分離された4株、事例Dより分離された2株、合計17株を対象とした。

2 方法

(1) 血清型別

デンカ生研の感作血球調整試薬およびカンピロバクター免疫血清を用いて間接赤血球凝集反応によるPenner型別¹⁾を行った。

(2) PFGE

八尋らの方法²⁾に準じて行った。分離菌株を血液寒天培地で微好気培養後ブロックを作製し、制限酵素 *Sma* I と *Kpn* I を用いて処理した。電気泳動は CHEF DRIII (Bio-Rad) を用い、6.0V/cm, 6.8 to 38.4 sec, 14.0°C で19時間泳動した。解析は、FingerPrinting II (Bio-

Rad) を使用した。

III 結果

4事例より分離された *C.jejuni* の血清型と PFGE 型を表2に、制限酵素で処理した PFGE 解析 dendrogram を図1、2に示す。

1 血清型別

分離された *C.jejuni* の血清型はすべて型別不能であった。

2 PFGE 解析

図1に示す制限酵素 *Sma* I 処理の解析結果より、遺伝子型は大きく5種類に分類された。A事例、D事例はそれぞれ類似度100%と一致した。C事例はバンド数が同じで類似度90%を超えていた。B事例は患者・従業員ともバンド数が同じで類似度95%であったが、残品は類似度25%と低かった。

図2に示す制限酵素 *Kpn* I 処理の解析結果により、遺伝子型は大きく6種類に分類された。C・D事例はそれぞれ類似度100%と一致した。A事例はバンドが2本異なっているが類似度90%を超えていた。B事例は患者由来4株と患者由来2株・従業員由来1株で類似度は85%となり、残品は類似度57%と低かった。

表1 4事例より分離された菌株

事例A (2016)	残品1株 患者便2株
事例B (2016)	残品1株 患者便6株 従業員便1株
事例C (2015)	患者便4株
事例D (2015)	患者便2株

表2 4事例より分離された菌株の血清型と PFGE 型

			Penner型別	Sma I 処理	Kpn I 処理
事例A (2016)	A-1	残品	UT	G1	g1
	A-2	患者便	UT	G1	g1
	A-3	患者便	UT	G1	g1'
事例B (2016)	B-1	残品	UT	G2	g2
	B-2	患者便	UT	G3	g3-2
	B-3	患者便	UT	G3	g3-2'
	B-4	患者便	UT	G3	g3-1
	B-5	患者便	UT	G3'	g3-1
	B-6	患者便	UT	G3''	g3-1'
	B-7	患者便	UT	G3	g3-1
	B-8	従業員便	UT	G3	g3-2''
事例C (2015)	C-1	患者便	UT	G4	g4
	C-2	患者便	UT	G4	g4
	C-3	患者便	UT	G4'	g4
	C-4	患者便	UT	G4'	g4
事例D (2015)	D-1	患者便	UT	G5	g5
	D-2	患者便	UT	G5	g5

G3'・G3''はG3とバンド数は同じ

G4'はG4とバンド数は同じ

g1'はg1とバンドが2本異なる

g3-1'はg3-1とバンド数は同じ

g3-2'はg3-2とバンド数は同じであるが、バンド位置が異なる

g3-2''はg3-2とバンドが2本異なる

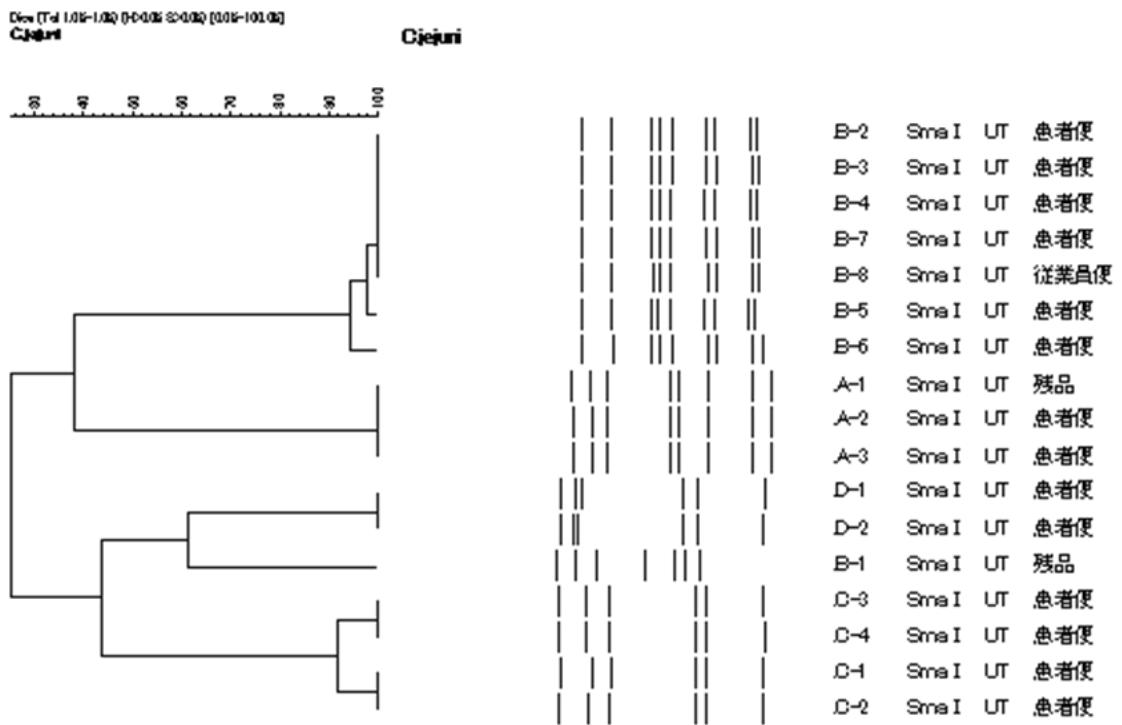


図1 分離された *Campylobacter jejuni* のデンドログラム (制限酵素 *Sma* I 処理)

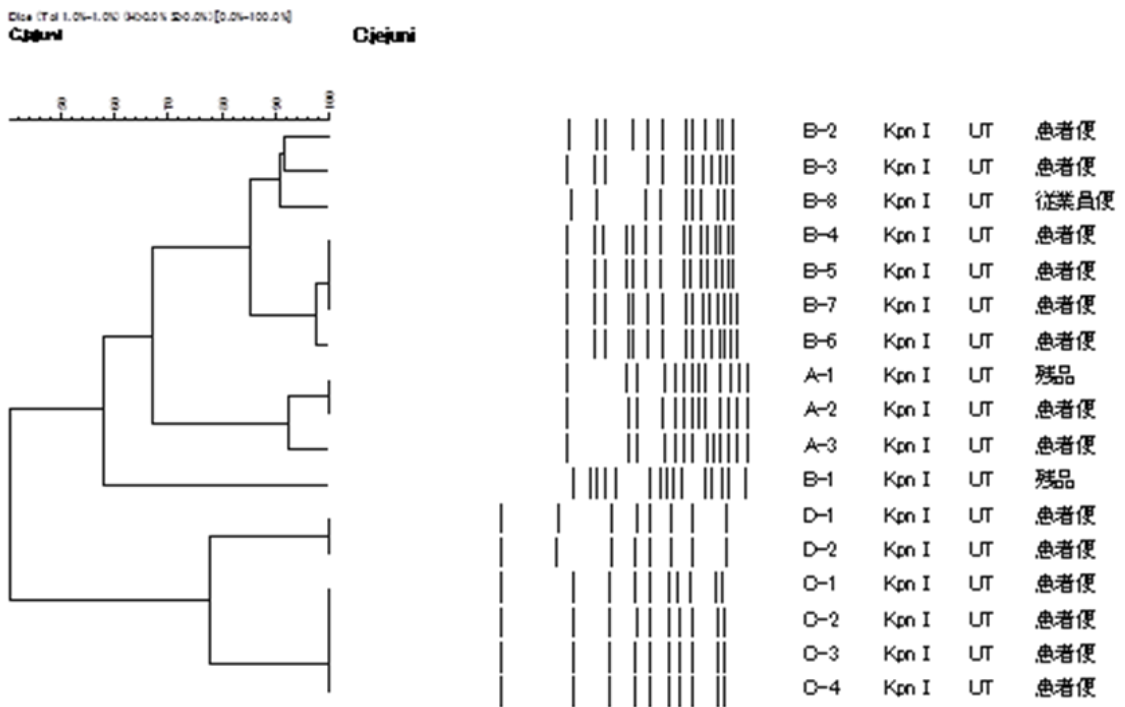


図2 分離された *Campylobacter jejuni* のデンドログラム (制限酵素 *Kpn* I 処理)

IV 考察

C・D 事例においては残品はなく患者便だけであったが、PFGE の解析の結果、C 事例は C のみの共通食で、D 事例は D のみの共通食を喫食して発症したと推定された。

A 事例は、残品・患者便とも PFGE で類似度が高く、残品が原因食材と推測された。

B 事例については、残品において制限酵素 *Sma* I 処理、*Kpn* I 処理ともに類似度が低く遺伝子型が異なった。これは、残品が喫食時の食材と仕入れ日が異なっていたためである。しかし *C.jejuni* に汚染された食材であることより、調理時の取り扱いと生食の危険性について注意喚起となった。患者・従業員便については、制限酵素 *Sma* I 処理での類似度は 95% と同一由来と推測された。制限酵素 *Kpn* I 処理での類似度は 85% であり同じ由来と思われたが、遺伝子パターンが変化した可能性があるかと推測された。

同一事例で複数の菌種が検出されることもあり、原因究明には分離された菌株の解析だけではなく、喫食調査等の疫学調査も重要である。

V まとめ

C.jejuni による食中毒が香川県内(高松市を除く)飲食店において 4 件発生し、今回調査した結果、Penner による血清型は全て型不明となったが、PFGE による遺伝子解析により、4 件の事例の由来がそれぞれ異なることが示された。

市販されている Penner 法の型別率が低いという欠点により血清型による疫学的解釈の助言は難しく、PFGE による疫学解析が重要である。

文献

- 1) 添付文書：カンピロバクター免疫血清(デンカ生研)
- 2) 八尋俊輔, 上野伸広, 山崎省吾, 堀川和美：
「*Campylobacter jejuni* 分子疫学解析の検討」, 厚生労働省科学研究補助金(新興・再興感染症研究事業) 分担研究報告書