

感染症発生動向調査事業

秋田県における 2018 年度の腸管出血性大腸菌検出状況と解析について

樫尾拓子 小川千春 今野貴之 高橋志保 熊谷優子

1. はじめに

腸管出血性大腸菌（EHEC）は5つに分類される下痢原性大腸菌の一つであり、ベロ毒素（Vero toxin：VT または Shiga toxin：Stx）を産生する。EHECに感染すると一般に3～4日の潜伏期間の後、腹痛及び下痢を起こす。特徴として、出血性大腸炎（血便）や溶血性尿毒症候群（HUS）などの合併症を続発する。これらの症状は、小児や高齢者で顕著にみられるが、患者によっては無症状である場合もある。

EHECの集団感染の早期探知やその原因究明においては、分子疫学解析が有用であり、現在、厚生労働省通知に基づき全国で解析が進められている。EHEC感染症は、感染症法で三類感染症の全数把握対象疾患に指定されており、全国で毎年4,000件前後の発生報告がある¹⁾。秋田県でも毎年40件前後の発生報告があるが、感染源や感染経路が特定できない場合も多い。特に2018年度は56件の発生報告があり、例年よりも患者数が多かった。そこで、2018年度の秋田県におけるEHECの検出状況と分子疫学解析の結果をまとめたので報告する。

2. 方法

2.1 対象

2018年4月から2019年3月までに感染症発生動向調査等において検出されたEHEC 36株を対象とした。

2.2 血清型別及び病原因子の検出

血清型別は、病原大腸菌免疫血清「生研」（デンカ生研）を用いて行った。O群型別不能株については、国立感染症研究所に型別を依頼した。病原因子は、*stx1*、*stx2*、*eae*についてPCR法により確認した²⁾。

2.3 分子疫学解析

O157については、IS printing system（東洋紡）を用いて遺伝子型別（IS法）を実施した。また、O157、O26、O111、O103、O121、O145、O165、

及びO91では反復配列多型解析（MLVA）法、他の血清型ではパルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）法による解析を国立感染症研究所に依頼した。

3. 結果と考察

3.1 血清型別及び病原因子

2018年度に当センターで分離したEHEC 36株のO群は、8血清群に分けられた（表1）。国立感染症研究所に型別を依頼したO群型別不能株は2株で、1株はO113、もう1株はOUTと判定された。毒素型はO26、O91、O103、O113及びOUTが全株VT1、O18及びO145がVT2、O157はVT1&VT2が7株、VT2が4株だった。2018年の全国のO26検出率は24%であり¹⁾、秋田県でも例年（過去10年調べ）は3割程度であるが、2018年度は約半数を占め、県内でのO26の流行が認められた。

年齢階級別（0～9歳から80歳以上まで10歳刻み）では各血清群ともに60歳未満で感染者が多く見られた（図1）。特にO26については20歳代から30歳代に患者が集中しており、流行がこの年齢層を中心としたものであることが疑われた。

月別検出数は、7月から10月にかけて32株（88.9%）と比較的気温の高い時期に集中していた。特に、7月が13株（36.1%）と最多で、O157による感染事例が多かった（図2）一方、O26は6月から10月にかけて継続的に検出され

表1 血清型及び毒素型

血清型	ベロ毒素型	検出数(株)
O26	VT1	17
O157	VT1&VT2	7
	VT2	4
O91	VT1	2
O103	VT1	2
O18	VT2	1
O113	VT1	1
O145	VT2	1
OUT	VT1	1
計		36

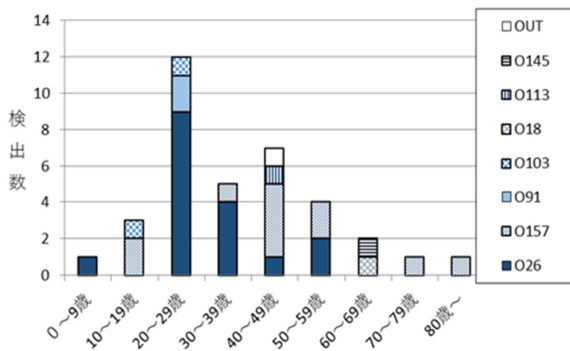


図1 年齢階級別検出数（2018年度）

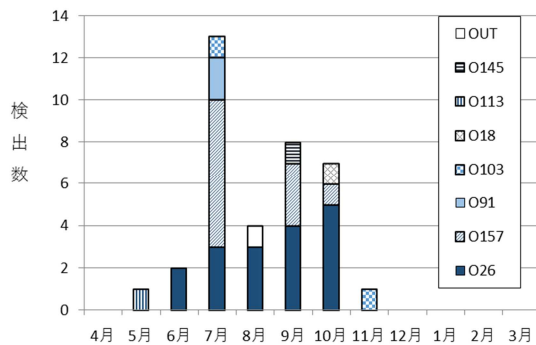


図2 月別検出数（2018年度）

ていた。

3.2 分子疫学解析

分子疫学解析の結果、O91では2株のMLVA型が一致した（表2）。これらの株は同一事例で疫学的関連が認められた。

O157 11株の分子疫学解析では、IS法により6パターンに分類された。このうち、6株が一致したパターンは家族内感染事例で疫学的に関連性が認められ、国立感染症研究所でのMLVA法による解析でも同一のcomplex（18c013）であった（表2）。他5パターンについては、MLVA型も異なり疫学的関連性は認められなかった。

O26 17株の分子疫学解析では、MLVA型は8 typeに分類された（表2）。このうち1 type（18m2001）に一致した2株は家族内感染事例で疫学的関連が認められた。また、8月末から10月上旬までに分離された10株が同一complex（18c214）であった。このうち5株については同一の焼肉店に関連する事例の患者由来であり、他の5株でも大半が発症前に焼肉を喫食していた。このcomplexについては、他自治体からも分離されており、何らかの汚染食品の流通が示唆された。

4. まとめ

2018年度、県内では同一のMLVA complex

表2 MLVA法による解析結果

O群	菌株No.	診断日	MLVA type	MLVA complex	他の自治体との一致
O91	17148	20180725	18m8013		
	17151	20180730	18m8013		
O103	17149	20180730	18m4011		
	17267	20181109	18m4032		
O145	17225	20180915	18m6011		
O157	17142	20180717	17m0200	18c013	
	17143	20180717	17m0200	18c013	
	17132	20180720	17m0200	18c013	
	17133	20180720	17m0200	18c013	
	17134	20180720	17m0200	18c013	
	17239	20180918	18m0070		茨城、青森
	17131	20180720	18m0135	18c013	
	17226	20180918	18m0344	18c045	
	17247	20180927	18m0391		
	17257	20181015	18m0499		
	17135	20180719	18m0136		
O26	17197	20180828	15m2021	18c213	
	17147	20180721	18m2001		栃木
	17137	20180724	18m2001		
	17087	20180606	18m2032		
	17119	20180630	18m2033		
	17128	20180718	18m2048		
	17186	20180821	18m2024	18c214	岡山、福山市、秋田市
	17216	20180910	18m2024	18c214	
	17235	20180927	18m2024	18c214	
	17236	20180912	18m2050	18c214	
	17229	20180919	18m2050	18c214	
	17248	20181003	18m2050	18c214	
	17249	20181005	18m2050	18c214	
	17250	20181006	18m2050	18c214	
	17251	20181006	18m2050	18c214	
	17252	20181007	18m2050	18c214	
	17193	20180820	18m2102		

を示すEHECが多数検出されていた。これらの菌株の疫学情報から、焼肉を原因とする集団感染や家族内感染が発生し、それにより2018年度のEHEC感染者が増加したと考えられた。

参考文献

- 1) 国立感染症研究所:病原微生物検出情報, **40**, 2019, 71-72.
- 2) Takayuki Konno et al.: Determination of Enterohemorrhagic *Escherichia coli* Serotype O165:HNM Infection in a Hemolytic Uremic Syndrome Patient with Adenovirus Serotype 41, *Jpn J Infect Dis.* **66**, 5, 2013, 394-397.