

令和元年度秋田県保健環境業務研究発表会抄録

平成30年度における腸管出血性大腸菌検出状況について

樋尾拓子 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）は下痢原性大腸菌の一種であり、ベロ毒素（Vero toxin : VT または Shiga toxin : Stx）を産生する。感染すると一般的に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の場合もある。また、EHECは少量の菌数でも感染が成立するため家族内発生や二次感染が起こりやすい。

EHEC感染症は感染症法における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。EHECの集団感染の早期探知やその原因究明においては、遺伝子型解析が有用であり、現在、厚生労働省通知（平成22年4月16日付け食安発0416第1号）に基づき全国で解析が進められている。当センターでも保健所等の協力のもと菌株の収集、解析等を行っている。平成30年度は56件の発生報告があり、例年よりも患者数が多くなった。そこで、平成30年度の秋田県におけるEHECの検出状況と遺伝子型解析の結果をまとめたので報告する。

2. 対象と方法

2.1 対象

平成30年4月から平成31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EHEC36株を対象とした。

2.2 血清型別及び毒素型の確認

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。毒素型は、VT1及びVT2についてPCR法により確認した。

2.3 遺伝子型解析

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 血清型別及び毒素型

平成30年度に検出されたEHEC36株のO群は、8血清群に分類された（図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11株中7株がVT1&VT2、4株がVT2だった。平成30年の全国のO26検出率は26%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、平成30年度は約半数を占め、県内での多発を認めた。

月別検出数では、7月から10月にかけて32株（88.9%）が検出され、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による事例が多かった（図2）。一方、O26は6

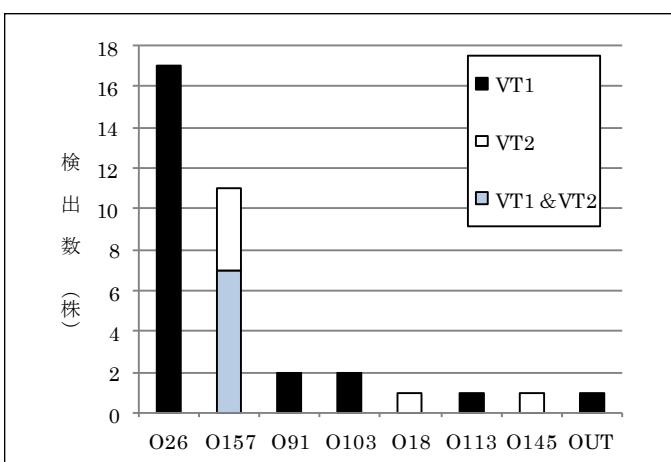


図1 血清型及び毒素型

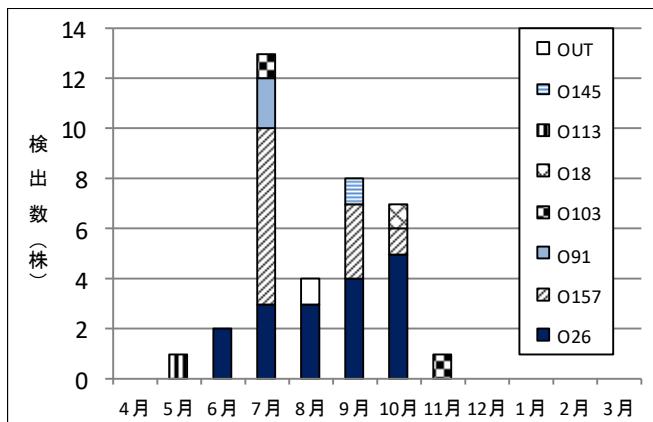


図2 月別検出数

月から 10 月にかけて継続的に検出された。

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3)。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。

3.2 遗伝子型解析

O157 の遺伝子型解析では、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。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

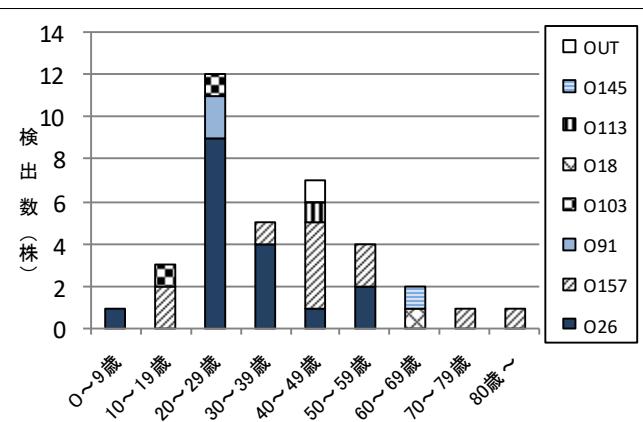


図3 年齢階級別検出数

他自治体からも検出されており、何らかの汚染食品の流通が示唆された。また、家族内感染事例で疫学的関連のある2株が同一type(18m2001)であった。

この他、同一事例で検出された O91 2 株の MLVA 型が一致した（表 2）。O103, O145, O18, O113, OUT での遺伝子型解析では型が一致する菌株は認められず、疫学的関連性も認められなかった。

4. まとめ

平成30年度、県内では同一の遺伝子型を示すEHECが多数検出された。これらの菌株は疫学情報から焼肉を原因とする集団感染や家族内感染に由来する菌株であった。血清型別や毒素型別とともに遺

表 1 0157 株における解析結果

No.	菌株番号	ISコード	MLVAtype	MLVAcomplex
1	17131		18m0135	
2	17132			
3	17133	1-1-1-1-0-0-1-1-1-0-0-1-1-1-1-0-1-0-1-1-1-0-0-1-0-0-0-1-1-1-0-1-1-1		
4	17134		17m0200	18c013
5	17142			
6	17143			
7	17135	0-1-0-1-0-0-1-0-1-0-1-1-1-1-1-0-1-0-0-1-0-0-0-1-1-1-0-1-0-1-1	18m0136	
8	17226	1-0-0-0-0-0-1-0-1-0-0-1-1-0-1-1-1-0-1-0-1-0-0-1-0-0-0-1-0-1-0	18m0344	18c045
9	17239	1-1-0-0-0-0-1-0-1-0-0-1-1-0-1-1-1-0-1-0-1-0-0-1-0-1-0-0-1-0-1-0	18m0070	
10	17247	1-0-0-1-0-0-1-0-1-0-0-0-0-1-1-1-1-0-0-0-0-1-1-0-0-0-1-0-1-0	18m0391	
11	17257	0-0-0-1-0-0-0-1-0-0-0-1-0-1-1-1-1-0-1-0-1-0-0-0-1-0-0-1-0-1-0	18m0499	

った（表1）。

O26 17 株の遺伝子型解析では、MLVA 型は 8 パターンに分類された。特に、8 月末から 10 月上旬までに検出された 10 株が同一の complex (18e214) であった（表 2）。このうち 5 株は同一焼肉店に関連する事例の患者由来で、他の 5 株について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、

伝子型解析を行うことで、集団事例や広域発生事例を迅速に探知し、保健所等と情報共有を行いながら感染拡大を防ぐことが重要と考える。

参考文献

- 1) 国立感染症研究所：病原微生物検出状況、2019,
40, 71-72.

表2 MLVA法による解析（0157株を除く）

O群	菌株番号	診断月	MLVA type	MLVA complex	他自治体との一致
O26	17197	201808	15m2021	18c213	
	17147	201807	18m2001		栃木
	17137	201807	18m2001		
	17087	201806	18m2032		
	17119	201806	18m2033		
	17128	201807	18m2048		
	17186	201808	18m2024	18c214	岡山、福山市、秋田市
	17216	201809	18m2024	18c214	
	17235	201809	18m2024	18c214	
	17236	201809	18m2050	18c214	
	17229	201809	18m2050	18c214	
	17248	201810	18m2050	18c214	
	17249	201810	18m2050	18c214	
	17250	201810	18m2050	18c214	
	17251	201810	18m2050	18c214	
	17252	201810	18m2050	18c214	
	17193	201808	18m2102		
O91	17148	201807	18m8013		
	17151	201807	18m8013		
O103	17149	201807	18m4011		
	17267	201811	18m4032		
O145	17225	201809	18m6011		