

健常者からのSalmonella Typhimurium, S. 4,[5],12:i:-, S. Schwarzengrund および S. Weltevredenの検出状況

○池内 隼佑¹⁾、林 麻貴²⁾、岡村 祥吾²⁾、千葉 寛之²⁾、佐伯 和美²⁾、林谷 秀樹¹⁾
1) 東京農工大学大学院、2) (株) BMLフード・サイエンス

目的

Salmonellaは、感染型食中毒の代表的な原因菌として知られている。

- **S. Typhimurium**およびその単相変異型である**S. 4,[5],12:i:-**は、世界的に分離頻度が高く、多剤耐性のDT104株の出現も報告されており、その世界的な拡散が危惧されている。
- **S. Schwarzengrund**は、近年、我が国ではサルモネラ感染患者からの検出頻度が最も高い血清型で、その公衆衛生上の重要性を増している。
- **S. Weltevreden**は、東南アジア諸国でサルモネラ感染患者からの分離頻度の高い血清型で、我が国でも沖縄県では分離頻度が高いことが報告されている。



これらの血清型に注目し、健常人(食品取扱業従事者)における**これら血清型の保菌状況**を調べるとともに、**分離菌の遺伝学的特徴や薬剤耐性等**について検討した。

材料と方法

2022~2023年に、健常人の糞便から分離したSalmonellaについて、定法に従ってO群型別を行った(図1)。そして、O4群およびO3,10群に型別されたSalmonellaについて、それぞれランダムに150株ずつを抽出し、定法に従ってH抗原型別を行い、血清型を決定した。S. TyphimuriumおよびS. O4,[5],12:i:-と型別された株についてはCLSIのガイドラインに従い、ディスク拡散法を用いて薬剤感受性試験を行った。

また、S. SchwarzengrundおよびS. Weltevredenと型別された株については、いずれもPFGE法およびMLVA法により、分子遺伝子型別を行った。PFGE法は制限酵素として、Xba Iを用い、定法に従い電気泳動後、バンドパターンを比較した。MLVA法はデータベースに登録されている参照株からDNA配列解析ソフトウェアを用いて全ゲノム塩基配列データの解析を行い、ゲノムにおいて反復配列の変異が起こりやすいと考えられる特有の遺伝子領域を選定し解析を行った。

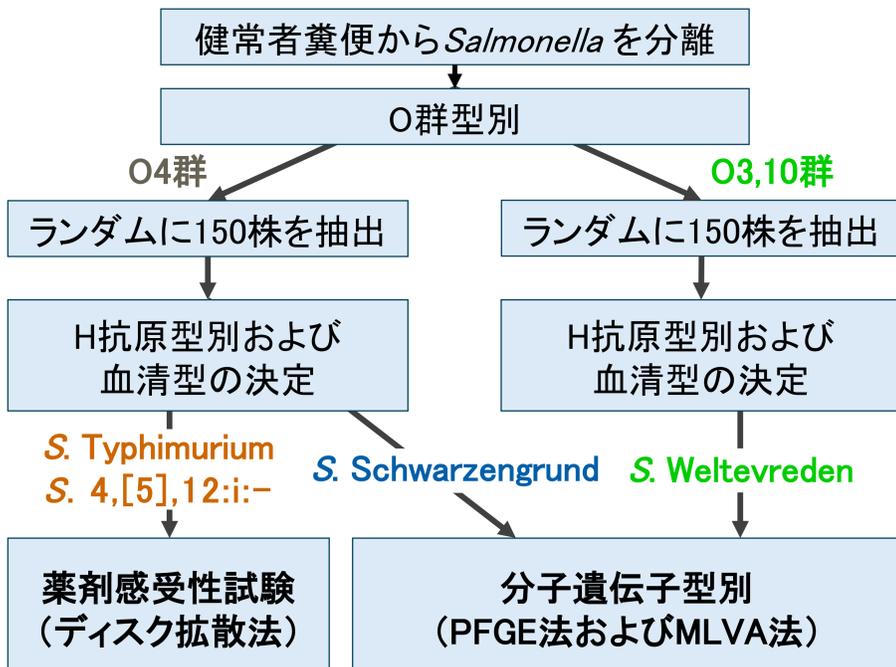


図1. 本研究の方法

結果と考察

1. 健常人からのサルモネラの分離率は、**0.07%**であった。

2. **S. Typhimurium**およびその単相変異型**S. 4,[5],12:i:-**は、O4群に型別されたSalmonella 150株中4株 (**2.7%**) および23株 (**15.3%**) から分離され(表1)、これら菌株のうち、DT104株の典型的な薬剤耐性パターンを示した株は**3株**であった(表2)。

表1. 健常者から分離されたサルモネラ血清型

血清型	陽性数(%)	都道府県(陽性数)
S. Typhimurium	4 (2.7)	東京(3), 京都(1)
S. 4,[5],12:i:-	23 (15.3)	東京(11), 北海道(5), 千葉(3), 岩手(2), 大阪(1), 神奈川(1), 京都(1), 埼玉(1), 兵庫(1), 宮城(1)
S. Schwarzengrund	22 (14.7)	東京(5), 大阪(4), 福岡(3), 埼玉(3), 宮城(2), 秋田(1), 神奈川(1), 京都(1), 千葉(1), 広島(1)
S. Weltevreden	5 (3.3)	沖縄(2), 千葉(2), 東京(1)

表2. S. TyphimuriumおよびS. 4,[5],12:i:-の薬剤耐性パターン

薬剤数	薬剤耐性パターン	菌株数(%)	
		S. Typhimurium	S. 4,[5],12:i:-
0	-		7 (30.4)
1	CP		1 (4.3)
2	SM+TC	1 (25.0)	1 (4.3)
2	AM+SM	2 (50.0)	2 (8.7)
3	AM+SM+TC		9 (39.1)
5	AM+SM+TC+CP+ST*	1 (25.0)	2 (8.7)
6	AM+SM+KM+TC+CP+ST		1 (4.3)
合計		4	23

*DT104株の典型的なパターン

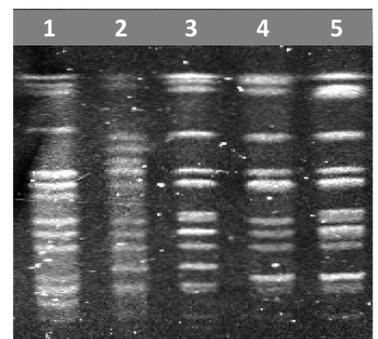
3. **S. Schwarzengrund**は、O4群と型別された150株中22株 (**14.7%**) から分離された(表1)。分離されたS. Schwarzengrund 22株は、**PFGE法では、1パターン**にしか型別されなかったが、**MLVA法では、8パターン**に型別された。分離株はsingle locus variant (SLV) であったことから、いずれも遺伝的に近縁であることが示された。

4. **S. Weltevreden**は、O3,10群に型別された150株中5株 (**3.3%**) から分離された(表1)。分離されたS. Weltevreden 5株は**PFGE法では3パターン**に、**MLVA法では5パターン**に型別され、分離地域が同じ菌株は、同じPFGE型およびSLVを示す傾向にあった(表3および図2)。

表3. S. WeltevredenのPFGE型およびMLVA型

菌株	都道府県	PFGE型	MLVA型	反復数(SWTR)			
				1	2	3	4
W1	千葉	A	M1	23	5	-2*	2
W2	東京	B	M2	19	5	-2	2
W3	千葉	Aa	M3	26	4	-2	2
W4	沖縄	C	M4	12	5	10	1
W5	沖縄	Ca	M5	12	5	15	1

*PCR産物が得られなかった場合、-2と表記



列1-5: S. Weltevreden 菌株(W1-W5)

図2. S. WeltevredenのPFGEパターン

5. 得られた結果から、健常人から分離された菌株の遺伝的性状は、これまでに感染患者、環境などから分離された菌株のものとよく類似していた。今後、健常人由来株の病原性についても検討していく予定である。