

資料

## G型, I型エンテロトキシン遺伝子を保有した黄色ブドウ球菌が原因と推定された食中毒事例

竹田 義弘, 東久保 靖, 井上 佳織, 小川 博美

柳本 慎治\*1, 石部 敦子\*2, 松岡 俊彦\*2, 本慶 啓子\*2, 高橋 峰雄\*3, 松田 政明\*2

### Outbreak of Food poisoning Suspected *Staphylococcus aureus* Possessing the Type G and I Enterotoxin Genes

YOSHIHIRO TAKEDA, YASUSHI TOKUBO, KAORI INOUE, HIROMI OGAWA, SINJI YANAGIMOTO\*1, ATUKO ISHIBE\*2, TOSHIHIKO MATUOKA\*2, KEIKO HONGEI\*2, MINEO TAKAHASHI\*3 and MASAOKI MATUDA\*2

(Received Nov. 9, 2001)

平成12年7月に発生した食中毒事例から分離した*S.aureus*の病原因子について検討した。本事例の患者は嘔吐, 下痢など典型的な*S.aureus*食中毒様症状を呈した。検査した食品, 患者吐物および糞便のすべてから多数のコアグラゼII型*S.aureus*が検出されたが, 分離菌株および食品からはEnt(A~E型)は検出されず, 原因菌とは特定できなかった。しかし, 患者の症状やその他の食中毒起因菌の検出状況から*S.aureus*以外の菌が原因とは考えられなかった。今回, PCR法で分離菌株の病原因子を検索した結果, 供試した本事例株のすべてからEntG型(*seg*)遺伝子とEntI型(*sei*)遺伝子が検出された。また, AP-PCR法とPFGE法によるDNA解析によって本事例株はすべて同一起源に由来すると考えられた。そのため, 本事例は*seg*および*sei*遺伝子を保有したコアグラゼII型*S.aureus*を原因菌とする稀な食中毒事例と考えられた。

キーワード: 黄色ブドウ球菌, エンテロトキシン, コアグラゼ型, 病原因子, PCR法, *seg*(G型)遺伝子, *sei*(I型)遺伝子, AP-PCR法, PFGE法

### 緒 言

黄色ブドウ球菌(*Staphylococcus aureus*, 以下*S.aureus*)食中毒は, 食品中に産生された毒素(エンテロトキシン, 以下Entと略す)を摂取することによって嘔吐や下痢などを起こす食物内毒素型食中毒の代表である。そのため*S.aureus*食中毒の検査では, 分離された*S.aureus*株のEnt産生能と食品中のEntを調べることが必要である。

現在, *S.aureus*のEntはその抗原性によってA~Lの12型に型別されている[1]。このうちのEntF型は, 毒素性ショック症候群(TSS)の原因毒素(TSST-1)であるが, 嘔吐, 下痢活性は保持せず, 食中毒の原因毒素とはされていない。また, EntJ型, K型およびL型の催吐作用については検討されておらず未確認である[1]。現在,

Entの検出には逆受身ラテックス凝集反応(RPLA法)およびその遺伝子の検出にはpolymerase chain reaction(PCR法)が広く用いられている。これらの検査は共に市販キットにより簡易に実施でき, RPLA法ではEntA~D型が, PCR法ではEntA~E型遺伝子がそれぞれ検出できる。EntG型, H型, I型についてはまだ研究機関等において遺伝子レベルでの解析が行われているだけで, 一般的には実施されていない。

平成12年7月に嘔吐を主症状とする食中毒事件が発生した。食中毒菌検査の結果, 食品, 患者吐物および糞便のすべてから多数の*S.aureus*が分離されたが, 分離菌株および食品からはEnt(A~E型)は検出されなかった。しかし, 本事例は患者の症状やその他の食中毒起因菌の検出状況から*S.aureus*食中毒と考えられ, 今回, 分離菌株

\*1 広島県備北地域保健所: Hiroshima Prefectural Bihoku Regional Community Health Center.

\*2 広島県尾三地域保健所尾道分室:

Hiroshima Prefectural Bisan Regional Community Health Center, Onomichi Branch office.

\*3 広島県福祉保健部食品衛生室:

Food Hygiene Office Welfare and Health Affairs Department Hiroshima Prefectural Government.

の病原因子について検討した。病原因子の検索にはPCR法を用い、Ent遺伝子(*sea*(A型), *seb*(B型), *sec*(C型), *sed*(D型), *see*(E型), *seg*(G型), *seh*(H型)および*sei*(I型))とtoxin遺伝子(*tst*(TSS toxin-1), *eta*(exfoliative toxin a)および*etb*(exfoliative toxin b))の検索を行った。また、菌株間の相同性について薬剤感受性試験, arbitrarily-primed polymerase chain reaction (AP-PCR法)およびpulsed field gel electrophoresis (PFGE法)により検討したので報告する。

### 食中毒の発生概要

平成12年7月15日、誕生会パーティーの食事をした20名のうち9名(男2名, 女7名:発症率45.0%)が食中毒様症状を呈した。患者らは各家庭で調理した料理をオーブン形式で喫食していた。主症状は嘔吐(88.9%), 嘔気(66.7%), 腹痛(66.7%), 下痢(33.3%), あい気(33.3%)で発熱は認められなかった。潜伏期間は平均3.5時間であった。喫食調査の結果、患者の共通食はパーティー料理に限られていたが、食品残品の保管状態が悪く特定できなかった。しかし、 $\chi^2$ 検定から食品のうち混ぜご飯( $\chi$ の値:20.0)とポテトサラダ(7.593)には他の食品(0.002~1.818)と比べ有意差が認められた。特に混ぜご飯を喫食した者は全員発症(100%)しており、食べていない者は発症していなかった。当センターでは保健所で取去された食品残品11検体、患者吐物6検体および糞便4検体の計21検体について*S.aureus*, 腸炎ビブリオ, サルモネラ, 病原大腸菌, カンピロバクター, ウエルシュ菌, セレウス菌, エルシニア属菌, 腸炎ビブリオ以外のビブリオ属菌およびエロモナス属菌を、常法に従い検査した[2]。その結果、21検体(100%)すべてから多数の*S.aureus*が検出された。分離された*S.aureus*のコアグララーゼ型はすべてII型で一致した。その食品からの菌数(MPN値)は、原材料のパルミット(40/100g)と市販品のピザ(2,400/100g)の2検体を除きすべて11,000/100g以上の*S.aureus*汚染が認められた。しかし、分離菌株および食品からはEnt(A~E型)は検出されなかった。*S.aureus*以外にはセレウス菌が食品8検体、吐物3検体から検出された。このうちの食品3検体から分離されたセレウス菌株からはRPLA法でEntが検出されたが、Ent非産性株と共に菌数はいずれも10<sup>2</sup>オーダーと少なかった。その他に患者便1検体

からウエルシュ菌を検出した。これらの成績から、本事例は*S.aureus*以外の菌が原因とは考え難くかった。

### 材料および方法

#### 1. 供試菌株

供試菌株には食品由来の6株, 患者吐物由来の1株および糞便由来の2株, 計9株を用いた。また、対照株に平成13年8月に分離された*S.aureus*食中毒由来の1株(コアグララーゼIII型, EntA産生)を用いた(Table 1)。

#### 2. コアグララーゼ型別

ブドウ球菌型別用免疫血清(デンカ生研)を用い、潮田らの方法で実施した[3]。

#### 3. RPLA法によるEnt(A~D型)の検出

SET-RPLA(デンカ生研)を用いて実施した。被検毒素液には、供試菌株をBHIプロスに接種して37℃20時間振とう培養後、培養液を12,000rpm 5分間遠心した上清を用いた。

#### 4. DNAの抽出方法

PCR法のtemplate DNAには、供試菌株をTSBプロスに接種して37℃20時間振とう培養後、培養液を12,000rpm 5分間遠心して上清を取り除いたものから核酸抽出剤Sepa Gene(三光純薬)にて抽出したDNAを用いた。ただし、核酸抽出剤の検体希釈液(試薬I, トリス-塩酸緩衝液)にはlysostaphin(Sigma)を1mg/mlになるように加え、37℃の水浴中で30分間incubateさせた。

#### 5. PCR法による病原因子の検索と解析

Ent遺伝子のうち*sea*, *seb*, *sec*, *sed*および*see*の検索にはTaKaRaのSEA-1/2, SEB-1/2, SEZ-1/2, SED-1/2およびSEE-1/2のprimerを用いた。*seg*, *seh*および*sei*の検索にはSEG-1/2(5'-AATTATGTGAATGCTCAACCCGATC-3', 5'-AAACTTATATGGAACAAAAGGTACTAGTTC-3'), SEH-1/2(5'-CAATCACATCATATGCGA AAGCAG-3', 5'-CATCTACCCAAACATTAGCACC-3')およびSEI-1/2(5'-CTCAAGGTGATATTGGTGTAGG-3', 5'-AAAAAACTTACAGGCAGTCCATCTC-3')のprimerを合成して用いた[4]。また、toxin遺伝子の*tst*,

Table 1 供試菌株

菌株番号	分離材料	菌株番号	分離材料
1	プロイラーのリゾット	6	患者吐物
2	トルテブラジャー	7	パルミット
3	団子	8	患者糞便
4	サラダ	9	患者糞便
5	サラダ	10	対照株(コIII型, EntA)

*eta*および*etb*の検索にはTSST-1/2(5'-ATGGCAGCATCAGCTTGATA-3', 5'-TTTCCAATAACCACCCGTTT-3'), ETA-1/2(5'-CTAGTGCATTTGTTATTCAA-3', 5'-TGCATTGACACCATAGTACT-3')およびETB-1/2(5'-ACGGCTATATACATTCAATT-3', 5'-TCCATCGATAATATACCTAA-3')のprimerを合成して用いた[4]. PCRの反応液組成は10×ExTaq Buffer (TaKaRa) 10μl, d-NTP Mixture 2.5mM (TaKaRa) 8 μl, primer各1 μl, ExTaq 5u/μl (TaKaRa) 0.5 μl, 滅菌蒸留水69.5 μlにtemplate DNAを10 μl加えた. PCRの増幅条件は熱変性94℃ 1分, アニーリング55℃ 1分, 伸張反応72℃ 1分で35サイクル増幅した. サーマルサイクラーにはASTEPC-700を使用した. 増幅産物は2.0%アガロースゲルで電気泳動し, エチジウムブロマイドで染色した. また, PCRで検出した遺伝子の増幅産物は, 制限酵素Hinf I (Roche: 15U/10 μl 37℃ 3時間)で消化した後, 2.5%アガロースゲルで電気泳動し, エチジウムブロマイドで染色した.

6. 薬剤感受性試験

バイオピック(日水)を用いて菌液を調整し, 感性ディスク用培地N(日水)に接種した. 薬剤ディスクにはセンシ・ディスク(日本ベクトン・ディッキンソン)を用いて1濃度ディスク法により実施した. 薬剤にはアンピシリン(ABPC), ジクロキサシン(MDIPC), ペニシリン(PCG), オキサシリン(MPIPC), セファマンドール(CMD), セファゾリン(CEZ), セファメタゾール(CMZ), エリスロマイシン(EM), ミノサイクリン(MINO), バンコマイシン(VCM)およびオフロキサシン(OFLX)の11種類を使用した.

7. AP-PCR法

PCRの primerには M13 sequencing primer (5'-TTATGTAACGACGGCCAGT-3')と M13 reverse

primer (5'-GGAAACAGCTATGACCATG-3')を合成して用いた[5]. PCRの反応液組成は10×ExTaq Buffer (TaKaRa) 10 μl, d-NTP Mixture 2.5mM (TaKaRa) 8 μl, primer 1 μl, ExTaq 5 u/μl (TaKaRa) 0.5 μlおよび滅菌蒸留水70.5 μlにtemplate DNAを10 μl加えた. PCRの増幅条件は熱変性94℃ 5分, アニーリング36℃ 5分, 伸張反応72℃ 5分で4サイクル増幅した後, さらに熱変性94℃ 1分, アニーリング36℃ 1分, 伸張反応72℃ 2分にて30サイクル増幅した. 増幅産物は2.0%アガロースゲルで電気泳動し, エチジウムブロマイドで染色した.

8. PFGE法

菌体を包埋したアガロースプラグの作成, 溶菌処理および制限酵素処理は国立感染症研究所の方法に準拠した[6]. ただし, 菌体の溶菌処理にはlysostaphin (Sigma)を0.2mg/mlになるように加え, 37℃ 5時間静かに振盪しながらincubateした. アガロースプラグは制限酵素Sma I (Roche: 40U/plug 25℃ 5時間)により消化した. 電気泳動にはBIO-RAD CHEF MAPPERを使用した. 泳動条件は1%アガロースゲル, 0.5×TBE, 液温14℃, 電圧6.0V/cm, 角度120°, パルスタイムInitial swichtime 0.47sec, Final swichtime 1min3.8sec, Linearで20時間18分電気泳動し, エチジウムブロマイドで染色した.

結 果

1. コアグララーゼ型

本事例株のコアグララーゼ型はすべてII型で一致していた.

2. 病原因子

Table 2 に毒素遺伝子の検出状況を示した. 本事例株のすべてから642bpの*seg*遺伝子と576bpの*sei*遺伝子が検

Table 2 毒素遺伝子の検出状況

毒素遺伝子	1	2	3	菌 株 番 号	4	5	6	7	8	9	10
<i>sea</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
<i>seb</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>sec</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>sed</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>see</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>seg</i>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-
<i>seh</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>sei</i>	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-
<i>tst</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>eta</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>etb</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

菌株番号: 1~9 (事例株), 10 (対照株; EntA産生株)

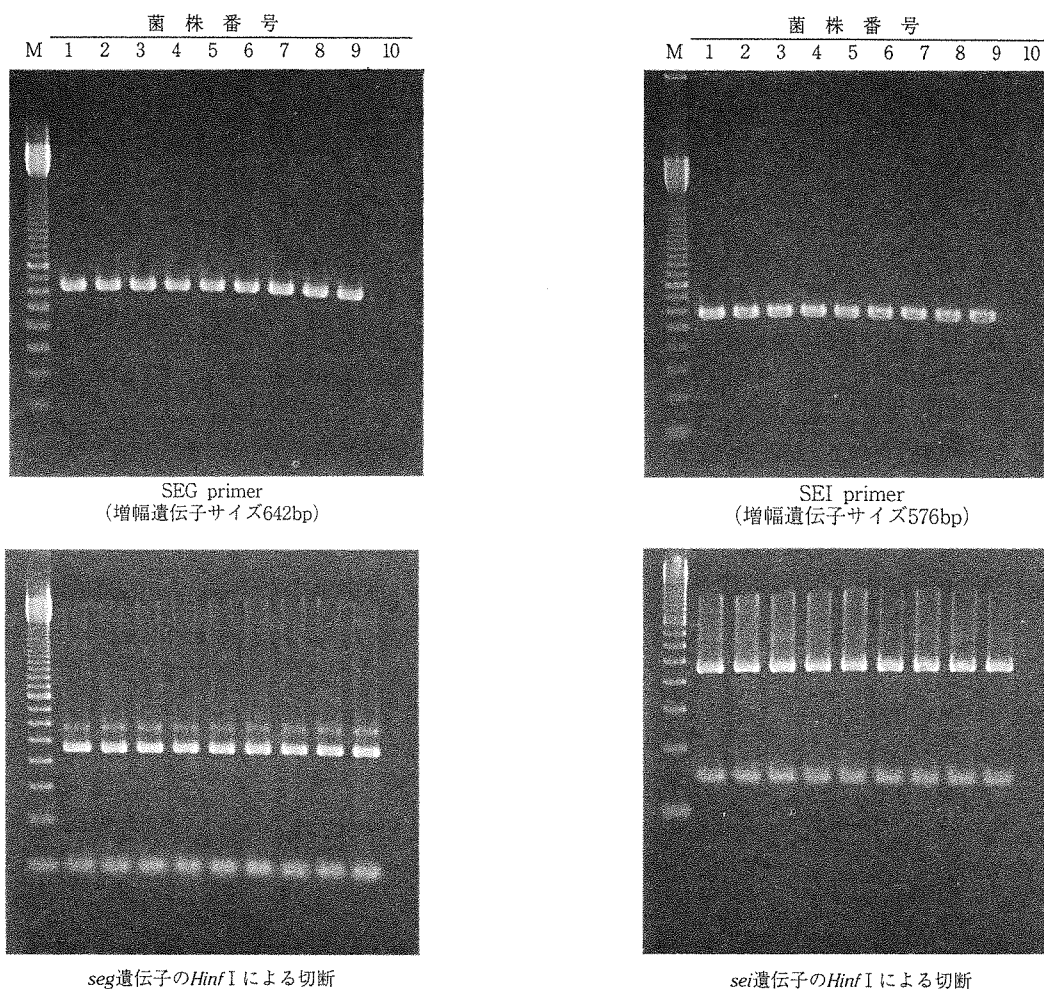


Fig. 1 PCR法により検出されたseg(G型), sei(I型)遺伝子とHinf Iによる解析

Lanes 1~9 事例株 Lane 10 対照株  
M 100 Base-Pair Ladder

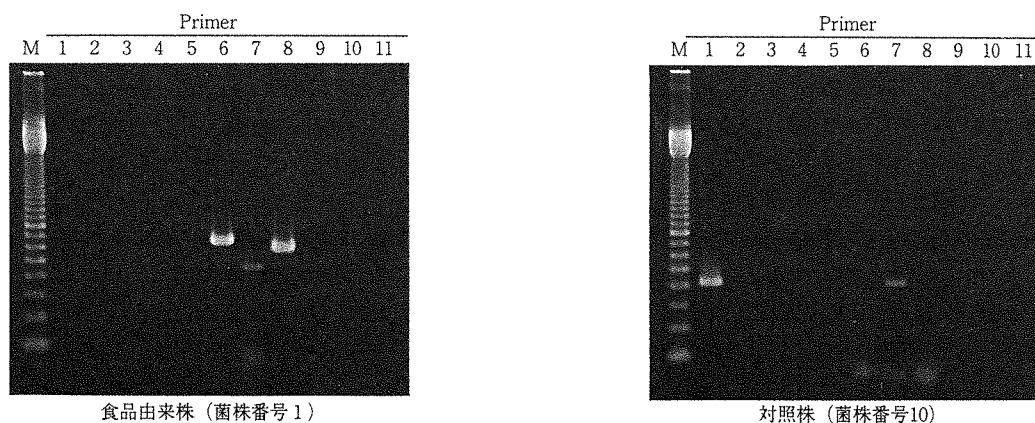


Fig. 2 PCR法で検出されたsea(A型), seg(G型), およびsei(I型)遺伝子

Lane	Primer	増幅遺伝子サイズ	Lane	Primer	増幅遺伝子サイズ
1	SEA	423bp	7	SEH	375bp
2	SEB	391bp	8	SEI	576bp
3	SEZ	146bp	9	TSST	350bp
4	SED	499bp	10	ETA	119bp
5	SEE	557bp	11	ETB	200bp
6	SEG	642bp			

M : 100 Base-pair Ladder

Table 3 薬剤感受性

薬剤名	菌株番号									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
ABPC	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R
MDIPC	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
PCG	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R
MPIPC	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMD	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CEZ	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
CMZ	I	I	I	I	I	I	I	I	I	I
EM	I	I	I	I	R	R	R	R	R	R
VCM	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
OFLX	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
MINO	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S

S:感受性 I:中間 R:耐性 菌株番号:1~9 (事例株), 10 (対照株)

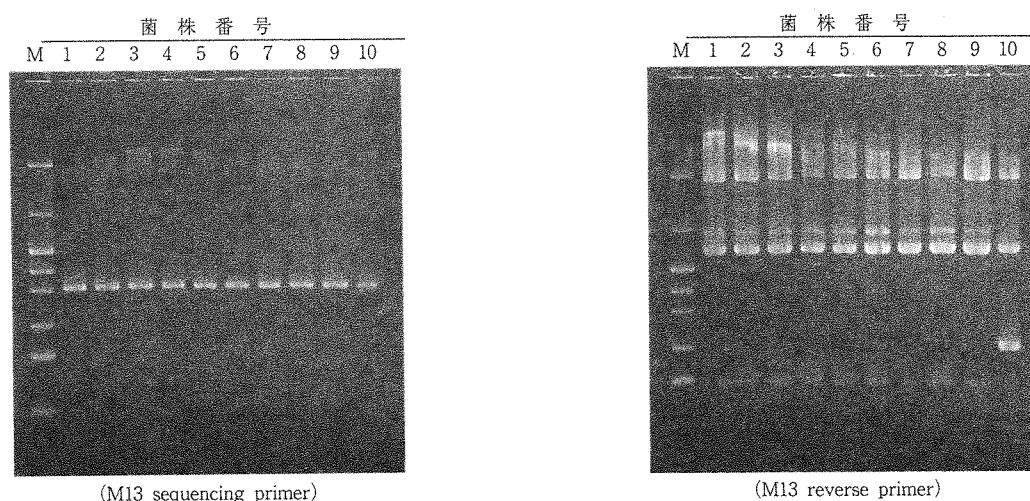


Fig.3 AP-PCRパターン

Lanes 1~9 事例株 Lane 10 対照株  
M pHY Maker

出された(Fig. 1). 検出された $seg$ ,  $sei$ 遺伝子の増幅産物を制限酵素 $Hinf$ Iで消化したところ, それぞれの遺伝子間においてはすべて同じ切断パターンが認められた(Fig. 1). 対照株からは423bpの $sea$ 遺伝子のみが検出された. その他の遺伝子はいずれも検出されなかった. Fig. 2に食品由来株(菌株番号1)と対照株(菌株番号10)からの検出遺伝子の泳動像を示した.

### 3. 薬剤感受性

Table 3に薬剤感受性試験結果を示した. ペニシリン系ではMDIPCとMPIPCにすべて感受性(S)が認められた. 一方, 同じペニシリン系でもABPCとPCGの2剤には糞便由来の2株(菌株番号8, 9)が感受性を示したが, その他はいずれも耐性(R)であった. セフェム系ではCMDとCEZにすべて感受性が認められたが, CMZはすべて中間型(I)であった. マクロライド系のEMには食品

由来の4株(菌株番号1~4)が中間型を示した以外すべて耐性であった. VCM, OFLXおよびテトラサイクリン系のMINOにはすべて感受性を示した.

### 4. AP-PCR法によるDNA解析

Fig. 3にAP-PCR泳動像を示した. M13 sequencing primerではすべての菌株が同一パターンを示し, 菌株間の差が認められなかったが, M13 reverse primerでは本事例株のみが同一のパターンを示し, 対照株とは異なった.

### 5. PFGE法によるDNA解析

Fig. 4に $Sma$ IでDNAを切断したPFGE泳動像を示した. 本事例株はすべて同一のパターンを示し, 対照株とは明瞭に異なった.

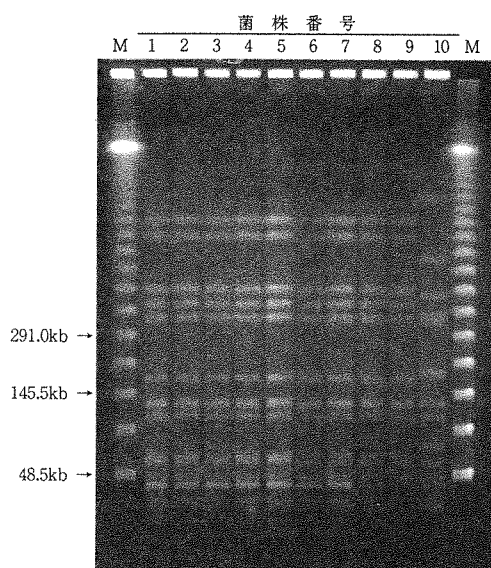


Fig. 4 PFGEパターン (制限酵素 *Sma* I)

Lanes 1~9 事例株 Lane 10 対照株  
M Lambda ladder

## 考 察

嘗て*S.aureus*食中毒は、腸炎ピブリオに次いで事件数は多く、発生頻度の高い食中毒として注目されてきた。しかし昭和53年の277件をピークに減少傾向を示し、平成8年には年間44件まで減少した[7]。その間*S.aureus*食中毒の事件数は平成元年にはサルモネラ属菌に、平成8年には病原大腸菌およびカンピロバクターにそれぞれ追いつかれた。過去3年間(平成10年~12年)における病原物質の構成割合をみても*S.aureus*は2~3%台の低い水準で推移している[7~9]。そうしたなか平成12年6月~7月に起きた牛乳のEnt汚染事件により13,420人にもおよぶ食中毒患者が発生し、再び*S.aureus*による食中毒がクローズアップされた。この事件では原因食品から菌は分離されず、低濃度のエンテロトキシン(EntA型)のみが検出され、より高感度なエンテロトキシン検出法の確立が問題となった[10]。これまで本邦で報告されている*S.aureus*食中毒事例の殆どがEntA~E型によるもので、それ以外のEnt型が原因と考えられる事例報告は極めて少ない。小田らは既知Ent型(A~E型)以外のEntを産生する*S.aureus*による食中毒と推定された2事例を報告している[11]。また、長らは食中毒事例から*seg*(G)と*sei*(I)遺伝子を保有したコアグラージェII型*S.aureus*を分離し、Ent陰性の*S.aureus*による食中毒事例はこれらのEntによることもあると報告している[12]。今回、著者らも患者が典型的な*S.aureus*食中毒様症状を呈し、食品や患者吐物および糞便から多数のコアグラージェII型

*S.aureus*を分離したにもかかわらず、分離菌株および食品からはEnt(A~E型)が検出されなかった食中毒事例を経験した。喫食調査から食中毒の原因として家庭で調理された混ぜご飯が最も疑われたが、食品残品の保管状態が悪く、すべての食品から*S.aureus*が検出されたことから原因食品の特定はできなかった。また、本事例からは、*S.aureus*以外にもセレウス菌が多くの食品と吐物から検出され、*S.aureus*食中毒と症状が酷似している嘔吐型セレウス菌食中毒も疑われたが、Ent産生能の異なる株もあり、菌数も $10^2$ オーダーと少なかったことから原因菌とは考えられなかった。そのため分離された*S.aureus*が食中毒の原因菌を検討するためPCR法による病原因子の検索を試みた。その結果、本事例株はすべて*seg*と*sei*遺伝子を保有していることが判明した。その他の遺伝子はいずれも検出されなかった。これは長らが食中毒事例から分離した*S.aureus*株の性状(Ent型およびコアグラージェ型)と一致するものであった[12]。一方、EntA型を産生する対照株からは*sea*遺伝子のみが検出され、*seg*および*sei*遺伝子はすべての*S.aureus*が保有する遺伝子ではないことが認められた。また、本事例株から検出された*seg*、*sei*遺伝子の増幅産物を制限酵素*Hinf* Iで消化し、菌株間の切断パターンを比較したところ、それぞれの遺伝子間ではすべて同じパターンを示し、同一遺伝子であることが確認された。そこで菌株間の相同性をみるため、薬剤感受性試験、AP-PCR法およびPFGE法による疫学的解析を行った。その結果、薬剤感受性試験では、本事例株および対照株ともに試験した11薬剤のうちMDIPC、MIPIC、CMD、CEZ、MINO、VCMおよびOFLXの7剤には感受性(S)、CMZとEMの2剤には中間(I)または耐性(R)を示し、これらの薬剤における感受性パターンに有意な差は認められなかった。一方、ABPCとPCGの2剤には本事例株のうち糞便由来の2株は感受性を示したが、その他の菌株はすべて耐性で性状に差が見られ、食品および吐物由来株とは起源が異なることが示唆された。しかし、AP-PCR法およびPFGE法によるDNA解析では、薬剤感受性に差がみられた糞便由来株もすべて本事例株間においては遺伝子学的に差異は認められず、すべて同一起源に由来すると考えられた。以上の結果から、本事例は*seg*および*sei*遺伝子を保有したコアグラージェII型*S.aureus*を原因菌とする稀な食中毒例と考えられた。そのため今後もこのような*S.aureus*食中毒が発生することも考えられ、EntA~E型以外の病原因子を保有した*S.aureus*のヒト、動物および食品等における分布状況についても調査し、疫学的な解析を実施することが必要と思われた。また、原因不明食中毒においては、PCR法による病原因子の検索が原因究明に極めて有効な手段と考えられた。

## ま と め

- 1) 平成12年7月, 嘔吐を主症状とする食中毒事件が発生し, 食品, 患者吐物および糞便から多数のコアグラゼⅡ型*S.aureus*が検出された.
- 2) 分離菌株および食品からはRPLA法およびPCR法においてEnt(A~E型)は検出されなかった.
- 3) PCR法によりその他の病原因子を検索した結果, 本事例株のすべてから*seg*, *sei*遺伝子が検出された.
- 4) AP-PCR法とPFGE法によるDNA解析により, 本事例株はすべて同一起源に由来すると考えられた.

以上の結果から, 本事例は*seg*および*sei*遺伝子を保有したコアグラゼⅡ型*S.aureus*を原因菌とする稀な食中毒例と考えられた.

## 参考文献

- [1] 五十嵐英夫(2001):ブドウ球菌エンテロトキシン, 病原微生物検出情報, 22(8), 187-188.
- [2] 坂崎利一編集(2000):新訂食水系感染症と細菌性食中毒, 中央法規出版, 東京.
- [3] 潮田 弘, 寺山 武, 坂井千三 他(1975):黄色ブドウ球菌のコアグラゼ型別簡易法とその応用, 東京衛研年報, 26(1), 1-6.
- [4] Sophie, J., Gregoire, C., Francois, V., et al(1999): Involvement of Enterotoxins G and I in Staphylococcal Toxic Shock Syndrome and Staphylococcal Scarlet Fever, J.Cli. Micro., 37(8), 2446-2449.
- [5] 北条聡子, 藤田次郎, 根ヶ山 清 他(1995): Arbitrarily-primed polymerase chain reaction(AP-PCR)法によるMethicillin-resistant *Staphylococcus aureus*(MRSA)のタイピング, 感染症誌, 69(5), 506-510.
- [6] 国立感染症研究所細菌部(1997):腸管出血性大腸菌O157の検出, 解析等の技術研修マニュアル.
- [7] 厚生省生活衛生局食品保健課(1998):平成10年食中毒統計.
- [8] 厚生省生活衛生局食品保健課監視係(2000):平成11年食中毒発生状況, 食品衛生研究, 50(9), 118-195.
- [9] 厚生労働省医薬局食品保健部監視安全課(2001):平成12年食中毒発生状況, 食品衛生研究, 51(9), 110-195.
- [10] 病原微生物検出情報(2001), 22(8), 185-186.
- [11] 小田隆弘, 桶脇 弘, 椿本 亮 他(1996):既知A~E型以外のエンテロトキシン産生黄色ブドウ球菌が原因と推定される食中毒2事例, 日食微誌, 13(3), 133-136.
- [12] 長 則夫, 首藤敦子, 新堀精一(2001):食中毒より分離されたG, I遺伝子を持つ*Staphylococcus aureus*, (社)日本食品衛生学会第81回学術講演会講演要旨集, 19.

