

資料

## 広島県内の散発下痢症患者および家畜から分離された大腸菌のO抗原血清型と病原性関連遺伝子の保有状況

竹田 義弘, 東久保 靖\*, 小川 博美

### O-Serotypes and Virulence Genes in *Escherichia coli* Isolated from Sporadic Patients with Diarrhea and Domestic Animals in Hiroshima Prefecture

YOSHIHIRO TAKEDA, YASUSHI TOUKUBO\* and HIROMI OGAWA

(Received Sept. 30, 2004)

県内の散発下痢症患者および家畜(牛, 豚, 鶏)に由来する大腸菌のO抗原血清型と下痢の発現に関与する9種類の病原遺伝子(LT, STh, STp, VT, *invE*, *ipaH*, *eaeA*, *aggR*, *astA*)の保有状況をPCR法により検討した。

- 1) 病原遺伝子の保有率は, 患者由来株が17.1% (191/1,120株), 家畜由来株が11.8% (13/110株)であった。
- 2) 患者由来株からはLT, STh, STp, VT, *eaeA*, *aggR*および*astA*の7種類の遺伝子が検出された。そのうちLT, SThおよびSTp保有株の血清型は既知血清型が多く, *aggR*保有株はO86a:HNM, O111:H21, O126:H27の3血清型が90%を占めた。VTは全てO157:H7から検出された。病原遺伝子保有株を年齢階層別(10歳区分)にみると, 9歳以下の小児からの検出数が最も多かったが, 年齢階層ごとの検出率で比較すると, 40歳代(25.0%)が最も高く, 次いで9歳以下(22.9%)であった。
- 3) 家畜由来株では, 牛由来株から*eaeA*と*astA*が, 鶏由来株から*astA*が検出された。豚由来株からは病原遺伝子は検出されなかった。
- 4) 病原遺伝子保有株の一部に実施した薬剤感受性試験では, 患者由来株(83株)の耐性率は94.0%と高かった。特に*aggR*保有株はABPCに著しい耐性率(100%)を示した。また, LT, SThおよびSTp保有株と*aggR*保有株の耐性パターンは全て異なった。家畜由来株(13株)の耐性率は92.3%と高かった。特に鶏由来株の耐性率は100%と著しく高く, その66.7%を多剤耐性株が占めた。

キーワード: 散発下痢症, 家畜, 大腸菌O抗原血清型, 病原性関連遺伝子, 薬剤感受性

#### はじめに

感染性胃腸炎の原因菌のひとつである下痢原性大腸菌は, 病原機序の違いによって主に腸管毒素原性大腸菌(ETEC), 腸管侵入性大腸菌(EIEC), 志賀毒素産生性大腸菌(STEC), 腸管病原性大腸菌(EPEC), 腸管凝集接着性大腸菌(EAECまたはEAggEC)および分散接着性大腸菌(DAEC)の6種類に大別されている[1]。このうちETECのエンテロトキシン(LT, ST), EIECの細胞侵入性因子(*invE*, *ipaH*), STECの志賀毒素(*stx*またはベロ毒素VT)については, すでに病原因子の遺伝子が明らかにされている。また, EPECについては, 腸管上皮細胞への接着障害(Attaching and effacing lesion; A/E)に関与する*eaeA*遺伝子が, EAggECについては,

産生する耐熱性エンテロトキシン(EAST1)に関与する*astA*遺伝子とHEp-2細胞への凝集性接着に関与する*aggR*遺伝子が明らかにされ, それぞれの病原遺伝子保有株による食中毒事例[2-4]も報告されている。

今回, 県内の散発下痢症患者と家畜(牛, 豚, 鶏)から分離された大腸菌のうち, 市販の病原大腸菌免疫血清でO抗原型別された株について, これらの病原性関連遺伝子(以下, 病原遺伝子と略す。)の保有状況を, PCR法を用いて検討した。また, 病原遺伝子保有株の一部については薬剤感受性試験を実施し, 病原遺伝子と薬剤感受性との関連性について検討したので報告する。

\*現食肉衛生検査所: Present Address, Hiroshima Prefectural Meat Inspection Center

## 材料および方法

### 1 供試株

#### 1) 散発下痢症患者由来株

2002年4月～2004年3月に県内5地区(広島, 呉, 尾三, 福山, 備北)の10医療・検査機関において患者便から分離された1,120株を用いた(1患者1菌株)。

#### 2) 家畜由来株

同時期に県内の食肉・食鳥処理施設で解体された家畜(牛60頭, 豚40頭, 鶏80羽)の腸管内容物から分離された110株(牛41株, 豚11株, 鶏58株)を用いた(1家畜複数菌株を含む)。なお, 腸管内容物(牛, 豚は直腸部分, 鶏は盲腸部分から採取)からの大腸菌の分離は, 検体の約1gをEC培地(Difco: 44.5℃培養)とノボピオシン加mEC培地(極東製薬: 42℃培養)でそれぞれ18～20時間培養後, DHL寒天培地(日水製薬)とクロモアガーO157寒天培地(CHROMagar)を用いて菌分離し, 大腸菌が疑われる集落をそれぞれ5株ずつ釣菌し, 常法[1]に従って同定した。

### 2 血清型別試験

O抗原型およびH抗原型別は, 市販の病原大腸菌免疫血清(デンカ生研)を用いて実施した。

### 3 病原遺伝子の検索

検査対象とした病原遺伝子はLT, STh(ST I b), STp(ST I a), VT(*stx*), *invE*, *ipaH*, *eaeA*, *aggR*, および*astA*の9種類である。このうち*eaeA*はPatonら[5], *aggR*および*astA*は小林ら[6]が報告しているプライマーをカスタム合成してPCRに用いた。その他はTaKaRaのプライマーを用いた。

PCR反応はいずれもSingle PCRで行った。供試株を滅菌蒸留水に懸濁後, 95℃, 10分間加熱し, 12,000rpm, 5分間遠心した上清5μlをプレートDNAとした。PCR反応液は, ×10ExTaq Buffer 5μl, 2.5mM dNTP 4μl, ExTaq 0.25μl(TaKaRa)にプライマー1,2各0.5μl, 滅菌蒸留水34.75μlの全量50μlとした。

遺伝子の増幅は, GeneAmp PCR System 9700(Applied Biosystems)を用い, 熱変性95℃1分, アニール55℃1分, 伸長72℃1分を35サイクル行い, 72℃10分間の最終伸長反応を行った。増幅DNAは2%ゲルで電気泳動後, エチジウムブロマイド染色を行い写真撮影した。

### 4 薬剤感受性試験

センシディスク(BBL)を用いて1濃度ディスク法で実施した。薬剤にはアンピシリン(ABPC), セファゾリ

表1 散発下痢症患者由来株の血清型(O抗原型)と病原遺伝子の保有状況

血清型	供試株 株数	病原遺伝子										
		保有株	単独保有遺伝子					複数保有遺伝子				
		LT	STp	<i>eaeA</i>	<i>aggR</i>	<i>astA</i>	<i>aggR+astA</i>	<i>eaeA+astA</i>	STp+ <i>astA</i>	STh+ <i>astA</i>	VT+ <i>eaeA</i>	
O1	367(32.8%)*	7				7						
O6	115(10.3%)	13				13						
O15	33(2.9%)	6				1	3	1		1		
O18	183(16.3%)	7			1	6						
O20	7	3			1	2						
O25	78(7.0%)	5	1		1	3						
O26	9	3			1	1			1			
O27	3	2		1								
O29	2	1				1				1		
O55	7	6			4				2			
O63	7	5			3	1			1			
O78	10	4			1	2					1	
O86a	33(2.9%)	17				16	1					
O111	31	27				23		4				
O112ac	3	1					1					
O114	5	1			1							
O115	3	1			1							
O119	8	6			4		1		1			
O126	26	24				3		21				
O128	14	6			5		1					
O142	1	1			1							
O143	3	2					2					
O152	2	1								1		
O153	29	17			5		12					
O157	3	3									3	
O159	6	2					1			1		
O166	27	3			1		2					
O167	13	8	1		5		2					
O169	17	9		1			1			7		
その他	74											
合計	1,120	191 17.1%**	2 0.2%	2 0.2%	35 3.1%	44 3.9%	62 5.5%	26 2.3%	5 0.4%	8 0.7%	4 0.4%	3 0.3%

\*上位5血清型の分離率を示す。

\*\*検出率を示す。

ン(CEZ), セフトキシム(CTX), カナマイシン(KM), ゲンタマイシン(GM), テトラサイクリン(TC), オフロキサシン(OFLX), クロラムフェニコール(CP), ナリジクス酸(NA), ノルフロキサシン(NFLX), フォスホマイシン(FOM), ST合剤(ST)の12薬剤を用いた。

## 結 果

### 1 供試株の血清型と分離頻度

#### 1) 散発下痢症患者由来株

供試株のO抗原型は41種類に分類された。表1に病原遺伝子保有株と分離頻度の高かった血清型の分離率を示した。そのうちO1が32.8%(367株)を占め最も多かった。次いでO18が16.3%(183株), O6が10.3%(115株), O25が7.0%(78株)と多く, この上位4血清型で全体の66.3%を占めた。

#### 2) 家畜由来株

供試株のO抗原型は27種類に分類された。表2に病原遺伝子保有株と分離頻度の高かった血清型の分離率を示した。そのうちO18(14.5%:18株)が最も多く, 次いでO8(10.9%:12株), O25(8.2%:9株)およびO124(6.4%:7株)が多かった。

家畜の種類別では, 牛由来株は19血清型に分類され, そのうちO8が多かった。豚由来株は9血清型に分類され, そのうちO114が多かった。鶏由来株は19血清型に分類され, そのうちO18が多かった。

### 2 病原遺伝子の検出状況

#### 1) 散発下痢症患者由来株

供試した1,120株のうち191株(17.1%)からいずれかの病原遺伝子が検出された(表1)。

検出された病原遺伝子はLT, STh, STp, VT, *eaeA*, *aggR*および*astA*の7種類であった。*invE*および*ipaH*保有株は認められなかった。最も検出頻度が高かった病原遺伝子は*astA*で, 105株(9.4%)から検出された。次いで*aggR*が70株(6.3%), *eaeA*が43株(3.8%), STpが10株(0.9%), SThが4株(0.4%), VTが3株(0.3%)およびLTが2株(0.2%)の順であった。

病原遺伝子保有株は, これらの遺伝子を単独または複数で保有し, その保有タイプは10種類に分類された。単独保有タイプは*astA*(62株)が最も多く, 次いで*aggR*(44株), *eaeA*(35株), LT(2株), STp(2株)の順で, 75.9%(145/191株)を占めた。複数保有タイプは*aggR+astA*(26株)が最も多く, 次いでSTp+*astA*(8株), *eaeA+astA*(5株), STh+*astA*(4株), VT+*eaeA*(3株)の順であった。

病原遺伝子保有株の血清型(O:H型)は66種類に分類された。表3に各病原遺伝子保有株の主要な血清型を示

表2 家畜由来株の血清型(O抗原型)と病原遺伝子の保有状況

血清型	供試株 株数	家畜の種類別			病原遺伝子		保有遺伝子	
		牛	豚	鶏	保有株	<i>astA</i>	<i>eaeA+astA</i>	
O1	6(5.5%)*	1	1	4				
O6	6(5.5%)	3	1	2				
O8	12(10.9%)	9	1	2	1		牛1	
O15	3	1	2	1	1		鶏1	
O18	16(14.5%)	2		14				
O20	3	1	2	1			鶏1	
O25	9(8.2%)	3	6	2			鶏2	
O27	3		1	2	1		鶏1	
O28ac	6(5.5%)	1	1	4				
O86a	6(5.5%)	4	2					
O114	6(5.5%)		3	3	2		鶏2	
O119	4		1	3				
O124	7(6.4%)	2	5	2			牛2	
O128	4	3	1					
O157	3	3			1			牛1
O166	2		2	2	2		鶏2	
その他	14	8	2	4				
合計	110	41	11	58	13	牛3, 鶏9	牛1	
					11.8%**	2.7%, 8.2%	0.9%	

\*上位5血清型の分離率を示す。 \*\*検出率を示す。

表3 散発下痢症患者由来病原因子保有株の主要血清型

保有遺伝子*	血 清 型
LT	O25:HNM**, O167:H5
STp	O27:H7, O169:H27, O169:H41, O169:HNM
STh	O15:H11, O78:H12, O152:H10, O159:HUT***
VT	O157:H7
<i>eaeA</i>	O55:H7, O128:H2, O153:H7, O167:H9
<i>aggR</i>	O86a:HNM, O111:H21, O126:H27
<i>astA</i>	O6:HUT, O18:HNM, O153:H6, O126:H27

\*LT以外, 複数の遺伝子を保有するものも含む

\*\* NM: non-motile, \*\*\*UT: untypable

した。LTはO25:HNMとO167:H5の2株が保有し, いずれもLT単独保有株であった。SThはO15:H11, O78:H12, O152:H10およびO159:HUTの4株が保有し, いずれもSTh+*astA*保有株であった。STpはO27:H7, O169:H27, O169:H41, O169:HNMの4血清型, 10株が保有し, そのうちO169:H41が50.0%(5/10株)を占めた。また, STp+*astA*保有株が80.0%(8株)を占めた。VTはO157:H7の3株が保有し, いずれもVT+*eaeA*保有株であった。*eaeA*は23血清型, 43株が保有し, そのうちO55:H7, O128:H2, O153:H7およびO167:H9の4血清型が多かった。*aggR*は8血清型, 70株が保有し, そのうちO111:H21(24株)が最も多かった。次いでO126:H27(23株), O86a:HNM(16株)が多く, この3血清型で*aggR*保有株の90.0%(63/70株)を占めた。また, O86a:HNMとO111:H21は*aggR*の単独保有が多かったが, O126:H27は*aggR+astA*保有が多かった。*astA*は48血清型, 105株が保有し, そのうちO126:H27が21株(20.0%)を占めた。次いでO6:HUT, O18:HNM, O153:H6が多かった。また, 分離頻度が高かったO抗原型のO1, O6およびO18にも*astA*または*eaeA+astA*保有株が認められた

表4 散発下痢症患者由来株からの年齢階層別(10歳区分)病原遺伝子の検出状況

保有遺伝子	分 離 年 齢 と 株 数									
	0-9歳	10-19歳	20-29歳	30-39歳	40-49歳	50-59歳	60-69歳	70-79歳	>80歳	不明
	471	83	71	83	28	61	43	55	56	169
LT				1			1			
STp							2			
eaeA	18	4	1	1	2	1	2			6
aggR	35		2			1	1	1		4
astA	22	6	6	6	3	3	3	4	2	7
aggR+astA	25									1
eaeA+astA	3					1				1
STh+astA	1		1	1				1		
STp+astA	1		1	1	2			2		1
VT+eaeA	3									
合 計	108	10	11	10	7	6	9	8	2	20
	22.9%*	12.0%	15.5%	12.0%	25.0%	9.8%	20.9%	14.5%	3.6%	11.8%

\*検出率を示す。

が、その保有率はO1が1.9% (7/367株), O6が11.3% (13/115株) およびO18が3.3% (6/183株) と低かった。

表4に年齢階層別(10歳区分)の検出状況を示した。病原遺伝子保有株は全ての年齢階層から検出されたが、そのうち9歳以下が56.5% (108/191株) を占めた。その他の年齢階層からの検出数は少なかったが、年齢階層ごとの検出率では、40歳代が25.0% (7/28株) と最も高く、次いで9才以下の22.9% (108/471株) であった。また、その他の年齢階層の検出率についても、80歳以上が3.6% (2/56株) と低かったが、50歳代の9.8% (6/61株) から60歳代の20.9% (9/43株) の範囲で、各年齢階層の検出率には著しい差は認められなかった。

LT, SThおよびSTp保有株は、20歳以上の年齢階層から多く検出されたが、eaeA, aggRおよびastA保有株は9歳以下が多かった。VT保有株は全て9歳以下から検出された。

表5に地区別の検出状況を示した。病原遺伝子保有株

表5 散発下痢症患者由来株からの地区別病原遺伝子の検出状況

保有遺伝子	分 離 地 区 と 株 数				
	広島	呉	尾三	福山	備北
	348	245	26	458	7
LT	1	1			
STp	2				
eaeA	15	6	1	13	
aggR	24	10		10	
astA	16	19	3	24	
aggR+astA	16	8		2	
eaeA+astA	1	1		2	1
STh+astA	2	1		1	
STp+astA	7	1			
VT+eaeA				3	
合 計	84	47	4	55	1
	21.9%*	19.2%	15.4%	12.0%	14.3%

\*検出率を示す。

は全ての地区から検出されたが、そのうち広島地区からの検出率が21.9% (84/348株) と最も高かった。次いで呉地区19.2%, 尾三地区15.4%, 備北地区14.3%, 福山地区12.0%の順で、最も供試株数が多かった福山地区の検出率は低かった。

LT, SThおよびSTp保有株は広島, 呉地区から、eaeA, aggRおよびastA保有株は広島, 呉および福山地区から多く検出された。VT保有株は全て福山地区から検出された。

## 2) 家畜由来株

供試した110株のうち13株 (11.8%) からいずれかの病原遺伝子が検出された(表2)。

家畜の種類別では、牛および鶏由来株から検出され、豚由来株からは検出されなかった。検出された病原遺伝子はeaeAとastAの2種類であった。

病原遺伝子保有株の血清型(O:H型)は9種類に分類された。牛由来株はastAをO8:H51, O124:HNMの2血清型, 3株, eaeA+astAをO157:H7の1株が保有していた。鶏由来株はastAをO15:HUT, O20:HNM, O25:HUT, O27:H21, O114:HNMおよびO166:HNMの6血清型, 9株が保有していた。このうち散発下痢症患者由来株と血清型および保有病原遺伝子の種類(astA保有)が一致したものは、鶏由来のO15:HUT (1株) およびO25:HUT (2株) と少なかった。

## 3 薬剤感受性試験

薬剤感受性試験は、散発下痢症患者由来のLT (2株), STh (4株), STp (10株) およびaggR保有株 (O86a (16株), O111 (27株), O126 (24株)) の83株と家畜由来のastA保有株 (牛4株, 鶏9株) の13株, 合計96株について実施した。

### 1) 散発下痢症患者由来株

試験した83株の耐性率は94.0% (78株) と高く、その

表6 散発下痢症患者由来病原遺伝子保有株の薬剤感受性

薬剤耐性型	保有遺伝子						合計
	LT	STp	aggR	STh+astA	STp+astA	aggR+astA	
—		O27(1)	O111(1)	O15(1) O159(1)	O27(1)		5
ABPC			O86a(3) O111(9)			O111(1) O126(8)	21
TC	O25(1)*	O169(1)			O169(4)		6
NA				O152(1)			1
ABPC, CEZ			O86a(12) O111(7) O126(3)			O126(10)	32
ABPC, TC						O111(3)	3
ABPC, ST				O78(1)			1
ABPC, CEZ, TC			O111(4)			O126(3)	7
ABPC, CEZ, NA			O111(1) O86a(1)				2
ABPC, TC, ST					O169(3)		3
ABPC, CEZ, TC, NA			O111(1)				1
ABPC, TC, NA, ST	O167(1)						1

\*血清型(株数)を示す.

耐性パターンは11タイプに分類された(表6). そのうちABPC・CEZ 2剤耐性型(41.0% : 32/78株)が最も多く, 次いでABPC 1剤耐性型(26.9% : 21/78株)が多かった. 特にABPCには高い耐性率(91.0% : 71/78株)を示した. また, 64.1% (50/78株)を多剤耐性型が占めた.

病原遺伝子別では, LT, SThおよびSTp保有株の耐性率は75.0% (12/16株)と高く, その耐性パターンは5タイプに分類された. そのうちTC 1剤耐性型が50.0% (6/12株)を占めた. 次いでABPC・TC・ST 3剤耐性型(3株)が多かった. 一方, aggR保有株の耐性率は98.5% (66/67株)と著しく高く, その耐性パターンは6タイプに分類された. そのうちABPC・CEZ 2剤耐性型が48.5% (32/66株)を占めた. 次いでABPC 1剤耐性型が31.8% (21/66株)と多かったが, ABPCには全ての耐性株が耐性化していた. また, LT, SThおよびSTp保有株とaggR保有株の耐性パターンは異なった.

## 2) 家畜由来株

薬剤耐性率は92.3% (12/13株)と高く, その耐性パターンは8タイプに分類された(表7). その58.3% (7/12株)を多剤耐性型が占めた. また, 患者由来株と同様にABPCに高い耐性率(75.0% : 9/12株)を示した.

家畜の種類別では, 牛由来株の耐性率は75.0% (3/4株)と高く, そのうちの66.7% (2/3株)をABPCおよびTC 1剤耐性型が占めた. 一方, 鶏由来株の耐性率は100%

表7 家畜由来病原遺伝子保有株の薬剤感受性

薬剤耐性型	保有遺伝子		合計
	astA	eaeA+astA	
—	O8(牛1)*		牛1
ABPC	O25(鶏2) O124(牛1)		鶏2, 牛1
TC		O157(牛1)	牛1
NA	O114(鶏1)		鶏1
ABPC, TC	O124(牛1)		牛1
GM, TC	O114(鶏1)		鶏1
ABPC, TC, NA	O27(鶏1) O166(鶏1)		鶏2
ABPC, KM, TC, NA	O15(鶏1)		鶏2
ABPC, KM, TC, NA, ST	O20(鶏1)		鶏1

\*血清型(家畜の種類, 株数)を示す.

(9/9株)と著しく高く, その66.7% (6/9株)を多剤耐性株が占めた.

## 考 察

県内の散発下痢症患者と家畜(牛, 豚, 鶏)に由来する大腸菌のO抗原血清型と下痢の発現に關与する病原遺伝子の保有状況を検討した.

散発下痢症患者由来株の病原遺伝子保有率は17.1%と低く、八柳ら(25.4%; 323/1,271株)[7]、西ら(9.2%; 17/184株)[8]、岡崎ら(20.5%; 31/151株)[9]の成績と類似するものであった。そのため、下痢症患者から分離されたO抗原型別株の多くが、今回検討した以外の病原因子遺伝子を保有しているか、下痢症には関与しない大腸菌と考えられた。また、今回検出された病原遺伝子がLT, STh, STp, VT, *eaeA*, *aggR*および*astA*の7種類であったことから、県内の散発下痢症に關与する下痢原性大腸菌はETEC, STEC, EPECおよびEAggECの4種類が主な原因菌であることが明らかになった。しかし、このうちLT, STh, STpおよびVTの検出率(0.3%~0.9%)は、*eaeA*(3.8%), *aggR*(6.3%)および*astA*(9.4%)と比較して低かったことから、県内の下痢原性大腸菌による散発下痢症の多くがEPECおよびEAggECによるものであった。また、*invE*および*ipaH*保有株が検出されなかったことは、EIECを原因とする県内の散発下痢症が極めて少ないことを示唆するものであった。

LT, SThおよびSTp保有株の血清型は、既知血清型[10]が多く、特にSTp保有株はO169:H41が50.0%を占めた。この血清型は集団食中毒事例の報告[11-13]もみられ、下痢症との関連性が高い血清型であった。VT遺伝子は全てO157:H7から検出されたが、O157以外にもVTの検出頻度の高い血清型[14]として知られているO26, O111からはいずれもVTは検出されなかった。しかし、O111は*aggR*を保有するものが多く、特にO111:H21はO86a:HNM, O126:H27と共に*aggR*保有率の高い血清型であった。また、O86a:HNMとO111:H21は*aggR*の単独保有が多かったが、O126:H27は*aggR*と*astA*の2種類の病原遺伝子を保有するものが多く、血清型により保有遺伝子の保有状況が異なることが判明した。*aggR*保有株の血清型については、加藤ら(東京都)[15]は、*aggR*保有株がO86a, O111およびO126に型別されたこと、また、石畝ら(福井県)[16]は、O111:H21およびO126:H27の2血清型が*aggR*を多く保有していたことを報告している。そのため本県においても*aggR*保有株の血清型は、他県と同様な分布状況であると考えられた。

*AstA*遺伝子は、患者由来株および家畜由来株とも最も保有率の高い病原遺伝子であった。この病原遺伝子は他の病原遺伝子との複数保有も多く、特にO126:H27はそのほとんどが*astA*と*aggR*を保有していた。また、STh保有株の全てと、STp保有株の多くが*astA*を保有し、STの病原機序との関連性が示唆された。一方、分離頻度が最も高かった血清型のO1にも*astA*保有株が認められたが、その保有率は1.9%と低く、散発下痢症患者から高頻度に分離されるO1の多くは病原性との関連は少

ないと思われた。

病原遺伝子保有株は、9歳以下の小児から最も多く検出され、保護者への食品の取扱いや手洗い等の衛生面の啓発が必要であった。また、LT, SThおよびSTp保有株は20歳以上の成人から、VT, *eaeA*および*aggR*保有株は9歳以下の小児から多く検出されたことは、小児と成人の食生活の違いを示唆しており、今後それぞれの原因食品の究明が必要であった。

薬剤感受性試験では、*aggR*保有株の耐性率(98.5%)がLT, SThおよびSTp保有株の耐性率(75.0%)と比較して著しく高いことが明らかとなった。特にABPCには高度に耐性化(100%)しており、EAggEC株のABPCに対する耐性化が、本菌の生物学的特徴の一つであるとする加藤ら[15]の報告と一致した。また、LT, SThおよびSTp保有株と*aggR*保有株の薬剤耐性はいずれも耐性パターンが異なり、有効な治療には薬剤感受性試験が必要であった。

家畜由来株の病原遺伝子保有率は11.8%と低く、検出された病原遺伝子も*eaeA*と*astA*の2種類と少なかった。また、今回の調査では散発下痢症患者由来株と血清型および保有病原遺伝子が一致した株は少なく、県内の散発下痢症との関連性は低かった。

薬剤感受性試験では、病原因子保有株の耐性率は92.3%と高く、多剤耐性株もそのうちの半数以上(58.3%)を占めていた。特に鶏由来株は耐性率が100%と高度に耐性化しており、また、多剤耐性株が7割近く(66.7%)を占めていたことから、今後の患者由来株との関係について動向を注目しておく必要があった。

## 謝 辞

本研究のため貴重な菌株を分与して下さいました県立広島病院、広島市医師会臨床検査センター、呉市医師会病院臨床検査センター、三原市医師会病院、三原赤十字病院、尾道市立市民病院、国立福山病院(現福山医療センター)、福山市医師会総合健診センター、市立三次中央病院、三次地区医師会臨床検査センターの諸先生方に感謝致します。また、家畜の検体採取にご協力下さいました、福山市食肉衛生検査所、県食肉衛生検査所の職員の皆様に感謝致します。

## 文 献

- [1] 坂崎利一編(2000):食水系感染症と細菌性食中毒、中央法規、東京。
- [2] 長谷 篤, 小笠原準他(2001):病原大腸菌O126:H27の集団事例について一大阪市、病原微生物検出情報, 22, 88。

- [3] 北西陽一, 児玉洋江他(2001): 軽費老人ホームで発生した腸管病原性大腸菌O119:H21の食中毒事例ー石川県, 病原微生物検出情報, 22, 195-196.
- [4] 石村勝之, 毛利好江他(2002): 腸管凝集付着性大腸菌耐熱性毒素遺伝子(*astA*)保有大腸菌が原因と考えられた集団下痢症ー広島市, 病原微生物検出情報, 23, 229-230.
- [5] Paton. A.W, J.C. Paton (1998): Detection and Characterization of Shiga Toxigenic *Escherichia coli* by Using Multiplex PCR Assays *stx1*, *stx2*, *eaeA*, Enterohemorrhagic *E.coli hlyA*, *rfb*<sub>O111</sub>, and *rfb*<sub>O157</sub>, J. Clin. Microbiol. 36, 598-602.
- [6] 小林一寛, 勢戸和子他(2002): 下痢原性大腸菌における付着因子保有状況とそれに基づく大腸菌検査法の一考察, 感染症誌, 76, 911-920.
- [7] 八柳 潤, 齋藤志保子他(1999): 医療機関等で分離された下痢原性大腸菌疑い株の病原因子保有状況ー秋田県, 病原細菌検出情報, 20, 62-63.
- [8] 西順一郎, 吉永正夫他(1999): 散発下痢症患者から分離した大腸菌における病原遺伝子の検出頻度, 感染症誌, 73, 1104-1109.
- [9] 岡崎充宏, 鈴木恭子他(2000): 患者糞便由来下痢原性大腸菌として推定した菌株の病原因子の遺伝学的検索, 感染症誌, 74, 372-377.
- [10] 坂崎利一, 田村和満(1992): 腸内細菌下, 近代出版, 東京.
- [11] 東久保靖, 竹田義弘他(1999): 台湾旅行後の集団食中毒事例由来の毒素原性大腸菌O169:H41のDNA解析, 日獣医学会誌, 52, 189-193.
- [12] 安藤佳代子, 板屋民子他(1993): 毒素原性大腸菌O169:H41による集団食中毒の細菌学的, 疫学的検討, 食品と微生物, 10, 77-81.
- [13] 塚本定三, 河合高生他(1995): 毒素原性大腸菌O25:H42およびO169:H41の混合感染による食中毒とその感染経路について, 日食微誌, 12, 129-134.
- [14] 田村和満, 伊豫田淳他(2000): O157以外の腸管出血性大腸菌(EHEC)の血清型別成績, 病原微生物検出情報, 21, 94.
- [15] 加藤 玲, 尾形和恵他(2002): 散発下痢症患者由来大腸菌の腸管病原性大腸菌(EPEC) *eaeA*遺伝子および腸管凝集性大腸菌(EAggEC) *aggR*遺伝子保有状況とその病原性の評価, 感染症誌, 76, 721-729.
- [16] 石畝 史, 中村雅子他(2002): 福井県の散発下痢症患者由来大腸菌株の中にみられた病原性遺伝子保有率の高い4種血清型について, 感染症誌, 76, 730-737.