令和6年度 厚生労働科学研究費補助金(食品の安全確保推進研究事業)

食中毒調査の迅速化・高速化及び広域食中毒発生時の早期探知に資する研究 研究代表者 明田幸宏 国立感染症研究所

分担研究報告書

食品関連サンプル由来株の収集、解析

研究分担者 廣瀬昌平 国立医薬品食品衛生研究所

研究要旨

本研究では、2021年から 2022年までの間に国内の食肉処理施設 B に搬入された牛から分離された腸管出血性大腸菌 (EHEC) 9 株の血清型および Stx サブタイプを同定し、MLVA 型を解析した。牛糞便由来 EHEC 株の血清型は、0157:H7 が 8 株、0182:H2 が 1 株であり、0157 株は 6 種類のMLVA 型に分類された。同一 MLVA 型の株が同一農場由来の異なる個体から分離されたことから、農場内で複数の個体が同一 MLVA 型の EHEC 株を保有している可能性が示唆された。食肉処理施設 B から収集した全ての牛糞便由来 EHEC 0157 株は、 stx2c を保有していた。また、令和 5 年度に収集した食肉処理施設 A 由来の EHEC 0157 株(33 株)と、施設 B 由来の 0157 株(8 株)との MLVA 型比較から、由来施設ごとに異なるクラスターが形成される傾向が確認された。これらの知見から、今後の広域的な食中毒の早期探知には、地域ごとに牛糞便由来 EHEC 株の収集と MLVA型およびゲノムデータの体系的蓄積が重要であると考えられた。

研究協力者

国立感染症研究所

泉谷 秀昌

A. 研究目的

腸管出血性大腸菌(EHEC)による 食中毒は、その届出数や重症度も 相まって日本の食中毒対策として 最も警戒が必要となっている。 EHEC集団感染事例の発生時には、 感染源や感染経路を把握し、全国 的な感染拡大を予防するために患 者や食品から分離された菌株の迅 速な解析が求められる。近年で は、反復配列多型解析法(MLVA 法)が迅速性、精微性に優れてい ることから、国内では主に MLVA 法 を用いた解析が行われている。

EHEC 食中毒の原因として特定さ れた原因食品としては、牛肉、牛 レバー、チーズなど牛に関連する 食品が多い。EHECの主な生息場所 は、ほ乳動物や鳥類の腸管内とさ れており、家畜の中では特に牛の 腸管や糞便からの分離が多く報告 されている。そのため、糞便を介 した牛肉の汚染やその調理品に残 存した EHEC の食中毒への関連が疑 われている。そこで、本研究で は、令和5年度に引き続き、食品 関連サンプル由来株として食肉処 理施設に搬入された牛の糞便由来 EHEC 株を収集し、MLVA 型およびゲ ノムデータを蓄積することを目的 とした。

B.研究方法

1)菌株

2021年10月から2022年9月に 国内食肉処理施設Bに搬入された 牛の糞便から分離されたEHEC9株 を供試した。

2) DNA 抽出

カジトン培地に保存した牛糞便 由来株を Tryptone soya agar (0X0ID) に画線し、37℃にて 18 時間培養した。滅菌爪楊枝でコロニーを釣菌し、わずかに濁る程度の量を滅菌蒸留水 $100 \mu l$ に懸濁した。ヒートブロックで $100 C 10 分間加熱した後、加熱したサンプルを氷で急冷し、<math>10,000 \times g 10 分間遠心した上清を DNA 溶液として保存した。$

3) *stx* および *eae* の保有の確認 ならびに 0 血清群の決定

stx および eae の保有ならび に主要7血清遺伝子型(026、 045, 0103, 0111, 0121, 0145, 0157) をマルチプレックスリアル タイム PCR によって判定した。プ ライマーセット、プライマーおよ びプローブの組み合わせおよび配 列を表1に示す。リアルタイム PCR の反応条件は、95℃で 10 分を 1 サイクル、次いで 95℃で 15 秒、 59℃で1分の組み合わせを 45 サイ クルとした。いずれかの 0 遺伝子 型のプライマーで陽性と判定され た株は、陽性となった 0 群の抗血 清を用いて0血清群を決定した。 いずれの 0 遺伝子型も陰性となっ た株は、0-genotyping PCR

(Iguchi ら、2015) を用いて 0 遺伝子型を決定し、陽性となった 0 遺伝子型の抗血清を用いて 0 血清型を決定した。

4) H血清型の決定

H-genotyping PCR (Banjoら、 2018)を用いてH遺伝子型を決定 し、陽性となったH遺伝子型の抗 血清を用いてH血清型を決定し た。

5)生化学性状および運動性試験 カジトン培地に保存した EHEC 9 株を TSI 培地および LIM 培地に接 種し、37℃で 24 時間培養し、生化 学性状および運動性を確認した。 6)マルチプレックス PCR および 増幅産物の MLVA 解析

2種類のプライマーミックスを 調製した(表2)。牛糞便由来 EHEC 株の抽出 DNA を鋳型として供試 し、ProFlex PCR System (サーモ フィッシャーサイエンティフィッ ク)を用いてマルチプレックス PCR 反応を行った。 PCR 反応には 2x QIAGEN Multiplex PCR Master Mix (Qiagen) を使用した。95℃15 分の熱変性後、95℃20 秒-60℃90 秒-72℃60 秒を 30 サイクルの増 幅反応後、72℃で10分間反応させ た。増幅産物は Applied Biosystems SegStudio Genetic Analyzer(サーモフィッシャーサ イエンティフィック) を用いた高 精度電気泳動によってフラグメン ト解析を行い、GeneMapper Software 6.0を用いて各遺伝子座 のリピート数を決定した。遺伝子 座ごとのリピート数を菌株間で比較した。また、得られたピークデータを基に MLVA 型を決定した。

7)Stx サブタイプ型別試験
Scheutz らの PCR 法(J Clin
Micro, 2012 50(9)2951)に従
い、牛糞便由来 EHEC 株が保有する
Stx サブタイプ(stx1a, stx1c,
stx1d, stx2a, stx2b, stx2c,
stx2d, stx2e, stx2f, stx2g)の
型別を実施した。 2)で抽出した
DNA を鋳型として供試し、機器は
ProFlex PCR Systemを使用した。
PCR 反応には HotStarTaq Master
Mix Kit(Qiagen)を使用した。
Stx サブタイプ型別用のプライマ

8)株間の類縁関係解析

ーを用いた(表3)。

令和5年度に収集した食肉処理施設A由来の牛糞便分離EHEC 0157株(33株:菌株1、3から13、15から34、36)と令和6年度に収集した食肉処理施設B由来の牛糞便分離EHEC 0157株(8株:菌株37から43、45)の株間の類縁関係を明らかにするためPHYLOViZ 0nlineを用いてMLVA解析結果の各遺伝子座リピート数を株間で比較し、Minimum spanning tree (MST)を作成した。

C.研究結果

1)牛糞便由来 EHEC 株の血清型お ラスターを超えて混在した。 よび MLVA 型

食肉処理施設 B から収集された 牛糞便由来株 9 株は、すべて stx および eae 陽性であり、血清型は 0157:H7 が 8 株、0182:H2 が 1 株で あった (表 4)。 MLVA 型は 21m0152, 22m0067, 22m0603, 22m0604、22m0605 および 24m0510 の 6 種類に分類された。 22m0603 および 24m0510 は、同一農場由来 の異なる個体から分離された。 0157 株の TSI および LIM 培地での 生化学性状判定結果は、一般的な 大腸菌と同様に乳糖および白糖分 解 (+)、ガス産生 (+)、リジン (+)、インドール(+)および運 動性(+)であった。0182株は、 運動性(-)であり、その他の性状 は 0157 株と同じであった。

2)牛糞便由来 EHEC 株が保有する Stx サブタイプ遺伝子パターン

保有する Stx サブタイプ遺伝子 のパターンは、0157株では全て *stx2c* 単独保有であり、0182 株は *stx1a* 単独保有であった (表 4)。

3) 由来施設間での菌株の比較

食肉処理施設 A 由来 EHEC 0157 株および食肉処理施設 B 由来 EHEC 0157 株は概ね別のクラスターを形 成した (図1)。しかし、菌株 13 および菌株 36 など一部の菌株はク

D.考察

本研究では、国内の食肉処理施 設Bから収集された牛糞便由来 EHEC 株 9 株について、血清型、 Stxサブタイプ、MLVA解析を実施 し、施設A由来株との類縁関係を 明らかにした。施設 B 由来の EHEC 株は主に 0157:H7 であり、特に Stx サブタイプ stx2c を保有する ことが特徴であった。一方で、 0182:H2 という異なる血清型およ び Stx サブタイプ stx1a を保有す る株も確認され、多様な EHEC 株が 存在することが示唆された。MLVA 解析結果から、施設 B 由来の EHEC 株は6つの MLVA 型に分類され、一 部の MLVA 型 (22m0603 および 24m0510) は同一農場由来の異なる 個体から分離されていることか ら、特定の農場において複数の個 体間で同一または近縁な株が広が っている可能性が示唆された。

MSTを用いた MLVA 型の比較で は、施設 A と施設 B の EHEC 0157 株が概ね別のクラスターを形成し たことから、施設の地域あるいは 農場ごとに偏りがある可能性が推 察された。しかし、一部の株が施 設を超えて混在していたことか ら、MLVAのみの情報で分離地域を 特定することは困難であると推察された。

E. 結論

農場内で同一MLVA型のEHEC株が複数の個体に存在する可能性が示唆された。また、EHECのMLVA型には食肉処理施設や農場ごとのMLVA型には食肉処理施設や高にはなりが見られることから、広域の自動をであるとのを表しては、地域ごとに牛糞便由来株などのEHEC株を収集し、MLVA型およびゲノムデータを体系的にはなどのでクロックを体系を収集し、MLVA型およびゲノムデータを体系的に蓄積することが重要であると考えられた。

F. 健康危険情報 なし

G. 研究発表

1. 論文発表 なし

2. 学会発表

• Shouhei Hirose, Hidemasa Izumiya, Yoshimasa Sasaki, Yukihiro Akeda and Yukiko Hara-Kudo: Multilocus variable-number tandem-repeat analysis genotype diversity, pathogen-related genes and antimicrobial susceptibility of enterohemorrhagic Escherichia coli isolates in the same food sample,

International Association for Food Protection Annual Meeting 2024, 2024 (令和6)年7月15日, ロサンゼルス.

H. 知的財産権の出願・登録状況 なし

表1. 腸管出血性大腸菌検出用プライマーセット、プライマーおよびプローブの組み合わせと配列

アッセイ名	標的	プライマー	配列	出典	
) / C14	遺伝子	とプローブ	всуу	山央	
Assay1	stx	Stx-F	TTTGTYACTGTSACAGCWGAAGCYTTACG	USDA	
		Stx-R	CCCCAGTTCARWGTRAGRTCMACDTC		
		Stx1-P	CTGGATGATCTCAGTGGGCGTTCTTATGTAA		
		Stx2-P	TCGTCAGGCACTGTCTGAAACTGCTCC		
	eaeA	Eae-F	CATTGATCAGGATTTTTCTGGTGATA	USDA	
		Eae-R	CTCATGCGGAAATAGCCGTTM		
		Eae-P	ATAGTCTCGCCAGTATTCGCCACCAATACC		
Assay2	16S rRNA gene	16S rRNA-F	CCTCTTGCCATCGGATGTG	USDA	
		16S rRNA-R	GGCTGGTCATCCTCTCAGACC		
		16S rRNA-P	GTGGGGTAACGGCTCACCTAGGCGAC		
	RfbEO157	RfbE O157-F	TTTCACACTTATTGGATGGTCTCAA	EFSA	
		RfbE O157-R	CGATGAGTTTATCTGCAAGGTGAT		
		RfbE O157-P	AGGACCGCAGAGGAAAGAGAGGAATTAAGG		
Assay3	WzxO26 Wzx O26-F GTATCGCTGAAATTAGAAGCGC		GTATCGCTGAAATTAGAAGCGC	USDA	
		Wzx O26-R	AGTTGAAACACCCGTAATGGC		
		Wzx O26-P	TGGTTCGGTTGGATTGTCCATAAGAGGG	 ,	
	WbdIO111	Wbdl O111-F	TGTTCCAGGTGGTAGGATTCG	USDA	
		Wbdl O111-R	TCACGATGTTGATCATCTGGG		
		Wbdl O111-P	TGAAGGCGAGGCAACACATTATATAGTGC		
Assay4	WzxO45	Wzx O45-F	CGTTGTGCATGGTGGCAT	USDA	
		Wzx O45-R	TGGCCAAACCAACTATGAACTG		
		Wzx O45-P	ATTTTTGCTGCAAGTGGGCTGTCCA		
	WzxO121	Wzx 0121-F	AGGCGCTGTTTGGTCTCTTAGA	USDA	
		Wzx O121-R	GAACCGAAATGATGGGTGCT		
		Wzx 0121-P	CGCTATCATGGCGGGACAATGACAGTGC		
Assay5	WzxO103	Wzx O103-F	TTGGAGCGTTAACTGGACCT	USDA	
		Wzx O103-R	ATATTCGCTATATCTTCTTGCGGC		
		Wzx O103-P	AGGCTTATCTGGCTGTTCTTACTACGGC		
	WzxO145	Wzx 0145-F	AAACTGGGATTGGACGTGG	USDA	
		Wzx 0145-R	CCCAAAACTTCTAGGCCCG		
		Wzx 0145-P	TGCTAATTGCAGCCCTTGCACTACGAGGC		

USDA: USDA, Laboratory Guidebook, MLG 5C Appendix 4.01

EFSA: EFSA Journal. 11:3138、2013

表 2. MLVA 解析用プライマーミックス

プライマー ミックス	遺伝子座	Dye	Forward	Reverse	
	EHC-2	VIC	CCAGTTCGGCAGTGAGCTG	ACGCTGGTCCGGGAGATTAT	
	0157-25	PET	GCCGGAGGAGGGTGATGAGCGGTTATATTTAGTG	CGCTGAAAAGACATTCTCTGTTTGGTTTACAC	
	0157-9	VIC	GCGCTGGTTTAGCCATCGCCTTCTTCC	TTCATTAAAATAAAAAATCCCATGGAAAATATTTTTTG	
	0157-9			GTGTCAGGTGAGCTACAGCCCGCTTACGCTC	
Mix1	EH157-12	PET	ACAGTACCCATGCCAGCAA	GAAAGCTGGGTGAAAACACCGATGC	
	EH111-8	PET	CCGGACGAGGGAGTAAATGAA	CATAAATTATGCTTAATGGAATTAGTAACGCTG	
		PET	CCGGGCGAGTAGGAGTAAATGAA	CATGAATTATGCTTAATGGAATTAGTCAAGCTG	
	EHC-1	VIC	GTGCGTAACCTGCTGGCACA	CGCGGCTGCCGGAGTATC	
	EHC-5	NED	ATACTACAGACGTCTGCTGATGA	CCGCTTTGTTACCGGTCTTTTTC	
	0157-3	NED	GGCGGTAAGGACAACGGGGTGTTTGAATTG	GAACAACCTAAAACCCGCCTCGCCATCG	
	0157-34	5-FAM	TGTTACCAACGCGAAGCTAACAAG	AGGCATTAATAGCAGATGTTC	
	EH26-7	PET	CCCCTATCAAAACTGATACCCGATAAG	CGCCGGAAGGCAAAAGATCAT	
Mix2	0157-19	NED	GCAGTGATCATTATTAGCACCGCTTTCTGGATGTTC	CGGGCAGGGAATAAGGCCACCTGTTAAGC	
	EH111-11	5-FAM	GTCAGTAGTTGCGGCTGTAATATTGAAGA	CCTTGTGCATTGAGTTCTGTACATAG	
	EHC-6	NED	ATGGAGAACCGTCTGAGTGC	TCAGAAATCATCTCCCGGCTCAAC	
	0157-37	PET	AATCAGAGCGGCAGGAAAAAGAAGA	GGGCTTCTGTCTTTTCAGACCTG	
	0157-17	VIC	GCAGTTGCTCGGTTTTAACATTGCAGTGATGA	AGAAATGGTTTACATGAGTTTGACGATGGCGATC	
	O157-36	NED	GGCGTCCTTCATCGGCCTGTCCGTTAAAC	GCCGCTGAAAGCCCACACCATGC	
	EH111-14	5-FAM	ATGAAATTATCGCAGCATACAATCG	GGGTTTCCATTTTCTTTACCTTCAGG	

表3. Stx サブタイプ型別用プライマー配列

遺伝子	Foward	Reverse	
stx1a	CCTTTCCAGGTACAACAGCGGTT	GGAAACTCATCAGATGCCATTCTGG	
stx1c	CCTTTCCTGGTACAACTGCGGTT	CAAGTGTTGTACGAAATCCCCTCTGA	
stx1d	CAGTTAATGCGATTGCTAAGGAGTTTACC	CTCTTCCTCTGGTTCTAACCCCATGATA	
stx2a	GCGATACTGRGBACTGTGGCC	CCGKCAACCTTCACTGTAAATGTG	
		GCCACCTTCACTGTGAATGTG	
stx2b	AAATATGAAGAAGATATTTGTAGCGGC	CAGCAAATCCTGAACCTGACG	
stx2c	GAAAGTCACAGTTTTTATATACAACGGGTA	CCGGCCACYTTTACTGTGAATGTA	
stx2d	AAARTCACAGTCTTTATATACAACGGGTG	TTYCCGGCCACTTTTACTGTG	
		TCAACCGAGCACTTTGCAGTAG	
		GCCTGATGCACAGGTACTGGAC	
stx2e	CGGAGTATCGGGGAGAGGC	CTTCCTGACACCTTCACAGTAAAGGT	
stx2f	TGGGCGTCATTCACTGGTTG	TAATGGCCGCCCTGTCTCC	
stx2g	CACCGGGTAGTTATATTTCTGTGGATATC	GATGGCAATTCAGAATAACCGCT	

表 4. 食肉処理施設 B から収集した牛糞便由来 EHEC 株の分離年月、血清型、MLVA 型 および Stx サブタイプ

菌株名	分離年月	血清型	MLVA型	Stx subtype
菌株37	2021年10月	O157:H7	22m0067	stx2c
菌株38	2021年10月	O157:H7	21m0152	stx2c
菌株39	2022年6月	O157:H7	22m0603	stx2c
菌株40	2022年6月	O157:H7	22m0603	stx2c
菌株41	2022年6月	O157:H7	22m0604	stx2c
菌株42	2022年9月	O157:H7	24m0510	stx2c
菌株43	2022年9月	O157:H7	24m0510	stx2c
菌株44	2022年9月	O182:H2	NA	stx1a
 菌株45	2022年9月	O157:H7	22m0605	stx2c

NA: Not applicable

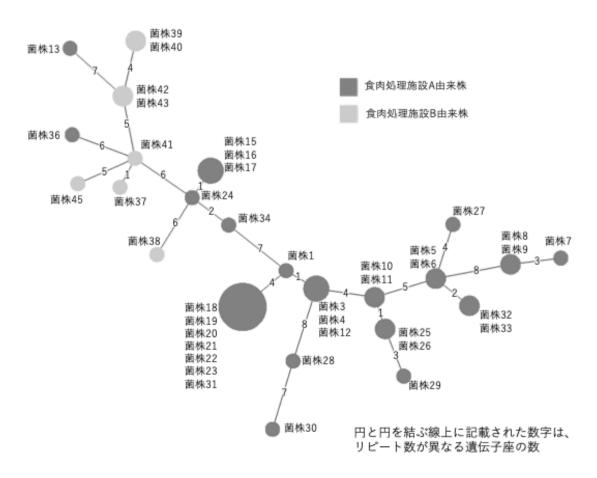


図1. MLVA 解析に基づく EHEC 株の類縁関係