

厚生労働科学研究費補助金  
新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業  
令和2年度総括研究報告書

「食品由来感染症の病原体の解析手法及び共有化システムの構築のための研究」

研究代表者 泉谷秀昌 国立感染症研究所細菌第一部第二室長

**研究要旨：**

食品由来感染症における病因物質である病原体に対し、分子疫学解析から得られる遺伝子情報（病原体情報）は、流行株を把握し、感染源を究明し、感染拡大を阻止する上で重要である。実際の感染症対策および施策にあたっては当該病原体情報を、疫学調査で得られた情報とともに、効率よく効果的に共有することが肝要である。腸管出血性大腸菌（EHEC）に対する主たる分子疫学解析手法としては、パルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）、IS-printing system (ISPS) および multilocus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) がある。2018年6月29日付で厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により MLVA に統一する方向性が示された。当該事務連絡に対応し、各ブロックにおいて、MLVA 法に関する研修会、各病原体解析手法に関する精度管理試験を実施した。また、MLVA 実施にあたってのデータ解析手法の検討、データベースの構築などを実施した。PFGE、ISPS についても同様に精度管理及びデータベースの構築を行った。アンケート調査の結果から、MLVA 実施率は7割近くに上昇した。EHEC 分離株の解析から、各地域もしくは全国における流行菌型の解析、広域株の探知が行われた。得られた情報を関係機関と共有、さらに必要に応じて研究班を通じて全国的に共有した。個々の集団事例及び広域集団事例への対応などに活用された。全ゲノム解析を使った MLVA 法の評価、事例対応にあたっての有用性等の評価を行った。収集した菌株の MLVA データ及び、地衛研から直接送付された MLVA データに関し、食中毒調査システム NESFD 掲示板への提供を行った。

**研究分担者**

岩渕香織（岩手県環境保健研究センター）  
鈴木 淳（東京都健康安全研究センター）  
山田和弘（愛知県衛生研究所）  
河合高生（大阪健康安全基盤研究所）  
狩屋英明（岡山県環境保健センター）

濱崎光宏（福岡県保健環境研究所）  
伊豫田淳（国立感染症研究所）  
研究協力者：大西 真、李謙一（国立感染症研究所）および各地方衛生研究所等関係者  
（各研究分担報告書を参照）

## A. 研究目的

食品由来感染症は病原体に汚染された食品を摂取することによって発生する。代表的な病原体で毎年流行を繰り返すものとして、腸管出血性大腸菌

(enterohemorrhagic *Escherichia coli*, EHEC) がある。EHEC 感染症は3類感染症の一つであり、年間3-4千名もの感染者を出す。溶血性尿毒症症候群などの合併症をおこし、10名程度の死者が出る年もある。当該病原体には多様なバリエーションが存在し、その流行型は毎年変化している。そのなかには複数の自治体をまたいで流行する広域株も存在し、その感染源を突き止めることは容易なことではない。本研究では分子疫学解析に関し、その開発・評価・精度管理、当該解析法に基づく病原体情報の収集およびデータベース化、ならびに当該病原体情報の効率的、効果的な共有化を行うためのシステムの構築を柱としている。本研究によって流行菌型の把握、ならびに広域事例における感染源の究明及び感染拡大の防止に貢献することを目指している。

## B. 研究方法

1. 日本全国の地方衛生研究所（地衛研）を6ブロックに分け、各ブロック内の地衛研で分離菌株（腸管出血性大腸菌 0157 等）に対するパルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）解析、IS-printing system（ISPS）、multilocus variable-number tandem repeat analysis（MLVA）の精度管理、研修会等を実施した。
2. 平成21年度に立ち上げた BioNumerics サーバの運用を見直した。一部機能を VPS サーバ上に移築し、MLVA シ

ステムの構築を行った。

3. 分担研究者及び研究代表者により、PFGE、ISPS 及び/もしくは MLVA によるデータベース構築を検討した。さらに、データベースを活用して集団発生事例等に対応した。

4. EHEC 0157、026、0111（主要3血清群）、0103、0121、0145、0165、091（追加5血清群）に関して MLVA を用いた病原体サーベイランスを検討した。

5. 2018年6月29日付の厚生労働省からの事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」に関連した MLVA データ授受に関する整備を行い、定期的に MLVA データを厚生労働省に提供、食中毒調査システム

（NESFD）上の掲示板に MLVA リストとして掲示された。

6. EHEC 0157 株を用いて全ゲノム配列（whole-genome sequence, WGS）を用いた解析を実施した。一塩基多型（single nucleotide polymorphism, SNP）を抽出し MLVA 法の結果と比較した。集団事例関連株について WGS 解析を行い、他の国内株と比較した。

7. EHEC 分子疫学解析の手法について、地衛研における実施状況を把握するためのアンケートを実施した。

## C. 研究結果

### 1. 感染研における研究-1

2020年に分離された EHEC について MLVA および PFGE 解析を行い、その型別結果に基づいて分離株の動向について調べた。PFGE を用いて 231 株の解析を行い、BioNumerics データベースに登録した。MLVA を用いて

EHEC 0157 1,295 株、026 459 株、0111 85 株、0103 162 株、0121 58 株、0145 16 株、0165 4 株、091 31 株、計 2,110 株を解析し、それぞれ、555、179、54、52、25、12、4、27 の型が同定された。0121 を除き、シンプソンの多様性指数 (SDI) は 0.944-1 と比較的高かった。5 機関以上で検出された MLVA コンプレックスもしくはタイプに含まれる株は 445 株であった。当該コンプレックスは 0157 13 種類、0103 2 種類であり、コンプレックスに含まれない広域タイプは 0157 7 種類、026 1 種類、0111 1 種類、0103 1 種類、0121 1 種類であった。2018 年 6 月 29 日に厚生労働省から発出された事務連絡に基づき地研から送付された MLVA データの解析を行い、送付された菌株の解析結果と併せて情報還元・共有を行った。送付された MLVA データ処理のため、VPS サーバに MLVA システムの構築を行った。今後、MLVA をはじめとした分子疫学解析手法の手技的側面、データ解析、データの取り扱いといった側面における技術支援、並びに MLVA システムの運用検証など、共有に向け、さらにシステムの検討・改良の必要があると考えられた。

## 2. 北海道・東北・新潟ブロック

平成 30 年 6 月 29 日付け事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により遺伝子検査手法は MLVA に統一化するよう通知が発出されてから、2 年が経過した。本通知もあり MLVA を導入する地衛研は増えており、令和 2 年 12 月現在、北海道・東北・新潟ブロック内の地衛研では、導入予定の 3 施設を含めると 9 施設で MLVA 実施可能となっている。MLVA の結果の信頼性を確

保するため、ブロック内において精度管理を実施した。また、ブロック内の EHEC 担当者の連携を深め、感染症・食中毒事例や検査法等について情報を共有するため地方衛生研究所全国協議会 Webex 会議室を利用し研修会を 2 回開催した。

各施設により、機器や試薬の安定した条件をみつけることが信頼性の確保された結果を得るために重要とされている。増幅効率のよい PCR 試薬キットにより、判定に苦慮する「低いピーク」が改善されたと研修会で報告があり、PCR 試薬により安定した MLVA データが確保されるのであれば、ひとつ条件として検討されると考えられた。

## 3. 関東・甲・信・静岡ブロック

食中毒の散在的集団発生 (Diffuse outbreak) を早期に探知し拡大防止を行うためには、共通原因食品を迅速に特定することが重要である。その手段として患者等から分離された菌株情報は非常に有用である。関東ブロックでは共通菌株 5 株 (0157: 4 株、026: 1 株) を用いて PFGE、ISPS、MLVA の精度管理を行った結果、いずれも良好な成績であった。MLVA による精度管理においては、これまでで最も施設間の一致率が高い結果となり、年々各施設での手技が定着していることが確認できた。しかし近年、地方衛生研究所では担当者の異動が頻繁に行われていることから、今後も PFGE や MLVA の検査精度を一定に保つための精度管理が重要である。

東京都で検査を実施した 0157 (203 株)、026 (17 株)、0111 (8 株) の MLVA および PFGE を実施した結果、026 および 0111 は両者で全ての株が一致したが、0157 では PFGE

が 91 種類の型に、MLVA は 112 種類の型に分類され、一部に両方で不一致であった菌株が存在した。両解析法どちらにおいても疫学調査と一致しない解析結果が得られる場合があったことから、菌株を対象とした分子疫学解析結果に加え、保健所等における聞き取り調査も必要不可欠であるといえることが確認できた。

【病原体情報の疫学調査への活用例の報告（以下、追加事例報告等）：東京都】

#### 4. 東海・北陸ブロック

EHEC 主要 3 血清群 (0157、026、0111) に対する分子疫学解析法である MLVA について、東海・北陸地方 11 施設（地方衛生研究所、保健所及び衛生試験所）のうち既に MLVA が実施可能な 8 施設を対象に、4 件の EHEC 抽出 DNA を用いて精度管理を実施した。また、愛知県内の中核市 3 市を対象に、実習を交えた MLVA 初期導入研修を実施した。東海・北陸ブロックで今年度分子疫学手法を用いて解析した事例の報告を行った。

##### 1) MLVA 精度管理

各施設から提出された MLVA 実施結果の各領域のリポート数を比較したところ、概ね一致した成績が得られており、東海・北陸ブロックの MLVA 法の検査精度は良好であった。しかし、各施設における MLVA で得られるピークの高さには大きな差がみられ、判定に苦慮すると考えられる程度にピークが低い検体もあった。ピークの高さの施設ごとの差は使用するシーケンサーの違いや PCR 酵素及びプライマー濃度等の反応時点での違い等が考えられ、各施設で安定した結果を得ることを可能にすることは今後の課題であると考えられた。また、出力したファイルの貼り付けと結果の確認のみで、入

力ミスや転記ミスといった人的要因のミスをなくすことが可能な記入用紙の統一は非常に有用であると考えられた。

##### 2) MLVA 導入研修の実施

MLVA 導入研修会は、参加者に全体的に好評であった。今後も MLVA に関して、担当者間での情報共有が重要であり、研修会等の開催も継続的に必要であると考えられた。

##### 3) 東海・北陸ブロックで分子疫学的解析を実施した事例

愛知県で患者が確認された *Shigella sonnei* 集団感染事例について PFGE 解析を行った。その結果、分離株全てが 95%程度の相同性があった。

【追加事例報告等：愛知県】

#### 5. 近畿ブロック

EHEC の遺伝子型別法である MLVA の地衛研への導入促進を目的として、平成 30 年度から検討を継続している MLVA 新規解析法に改良を加え、その有効性を評価した。近畿ブロック内の研究協力地衛研 10 施設を対象に結果の信頼性確保のための精度管理を実施した。また、MLVA に関する Q&A を作成し、地衛研における MLVA の導入・実施を支援した。研究協力地衛研 5 施設とともに改良した MLVA 新規解析法を評価した結果、1 施設を除いて、供試した 83%以上の菌株について 17 遺伝子座すべてのリポート数を正確に決定することができた。MLVA 新規解析法は、他施設で作成された bin 設定ファイルをインポートする既存の方法と比較して、同等以上の精度でリポート数を決定できると考えられた。MLVA の精度管理については、10 施設中 4 施設が配布した 12 株すべてを正しく解答した一方で、3 施設は 2 株以上を誤答し、施設間で MLVA の技術レベルに差

があることが明らかになった。継続的な精度管理の実施による技術レベルの底上げが必要であると考えられた。

## 6. 中国四国ブロック

食品由来感染症の広域事例発生時には、症例間の関連性を明らかにするため、各症例由来株の分子疫学解析結果等を各自治体が共有し、病原体分離株の比較・解析を行うことが感染源特定や拡大防止のために有用である。そのためには、地衛研における病原体分離株の分子疫学解析手法の解析精度・解析能力の向上による精度管理体制の維持・強化が不可欠である。そこで、中四国ブロック内の地衛研を対象に、EHEC 0157 菌株を用いた ISPS、PFGE 及び MLVA による精度管理を実施した。その結果、一部の地衛研を除いて、ほとんどの施設で良好な結果が得られたが、一部の施設では技術の改善や工夫、検査結果の適正な点検が必要と思われた。また、MLVA については、近年、MLVA を導入する地衛研が増加しており、中四国ブロックにおける検査精度管理体制の強化のためには、MLVA で解析を行う地衛研に対して、本研究成果に基づく継続的な技術的支援が、必要であると考えられた。

令和2年度に中四国ブロックで発生した EHEC による感染事例について、分子疫学解析結果や疫学情報を収集し、食品保健総合情報処理システム (NESFD) の全国の MLVA 情報も参考としながら比較調査した。その結果、同一の MLVA 型の EHEC 菌株による感染事例が中四国ブロックを含む全国の複数の自治体で確認されたが、中四国ブロック内では同一汚染源による腸管出血性大腸菌食中毒は認められなかった。

本研究によって EHEC 分子疫学解析手法

である ISPS、PFGE、MLVA による中四国ブロックの地衛研のサーベイランス技術水準の向上に貢献したものとする。

### 【追加事例報告等：島根県】

## 7. 九州ブロック

九州ブロックでは、①ISPS による IS 型データベースの運用、②EHEC 検出状況の解析、③EHEC による集団発生事例の集約及び④精度管理の4項目について取り組んだ。

九州ブロックにおける EHEC 0157 の IS 型の登録数は、令和3年2月10日現在で2,157件であり、令和2年度は101件の登録であった。令和2年度に九州ブロックで収集された EHEC は385株であった。その0群血清型の内訳は0157が154株と最も多く、026が81株、0111が14株の順であった。令和2年度の EHEC による集団発生事例は17事例であった。その0群血清型の内訳は、0157によるものが7事例と最も多く、026によるものが6事例、0103によるものが2事例、0121によるものが1事例、血清型別不能によるものが1事例であった。精度管理は、PFGE を必須項目とし ISPS 及び MLVA については、それぞれの地衛研の実情に合わせて選択項目とした。PFGE、ISPS 及び MLVA の精度管理において、一部誤判定がみられた。今後 EHEC の分子疫学解析手法が MLVA に移行すること、及び地衛研によっては人事異動等で職員の入れ替わりにより技術の継承が困難になっていることを考慮すると、MLVA の継続的な精度管理及び研修が必要と考えられる。

### 【追加事例報告等：長崎県、長崎市】

## 8. 感染研における研究—2

EHEC のサーベイランスにおける全ゲノム配列 (WGS) 解析の有効性を検証するために、EHEC 0157 の WGS 解析を行った。2020年に分

離された 202 株の 0157 菌株の WGS 配列を新たに解読し、計 1146 株の WGS から単一塩基多型 (single nucleotide polymorphism: SNP) を抽出した。MLVA と SNP の比較を行ったところ、一部の例外を除き、MLVA で同一型または 1 座位のみ異なる型では少数の SNP のみ認められることが確認された。上記の解析結果をもとに、2020 年に報告された 3 事例の MLVA コンプレックスについて WGS 解析を行い、1178 株分の SNP データベースから近縁株を抽出した。この結果、2 事例ではコンプレックスとなった株のみが 10 か所以内の SNP を有していた。一方、コンプレックス 20c022 では、100 株以上の近縁株が抽出され、国内で近縁性の高い集団が流行型となっていることが判明した。

## 9. その他

### 1) ブロックアンケート結果

EHEC の分子疫学解析手法 PFGE、ISPS および MLVA について各地衛研での実施状況をアンケート形式で情報収集した。回答総数は 71 であった。PFGE 実施率は 83%、ISPS 実施率は 56%、MLVA 実施率は 66% であった。2018 年と比較し PFGE はほぼ変わらず、ISPS で低下が、MLVA では増加が見られた (それぞれ 85→83%、84→56%、33→66%)。

### 2) MLVA 解析設定ファイルの配布

MLVA データ解析にあたり使用するソフト Genemapper の設定ファイルを 20 機関に配布した。

### 3) MLVA 解説書の作成

MLVA に関して理解を広げるため、比較的平易な「MLVA 法解説」を作成し、ホームページ上に公開した。(別紙参照)

## D. 考察

食品由来感染症において、病因物質である細菌の分離株に対し分子疫学解析手法を駆使し、菌株間のつながりを明らかにすること、そしてその情報を関係機関と共有し、患者の疫学情報と関連させ、事例対応に活用していくことは、感染原因の究明や感染拡大の阻止などの感染症対策を講じるために重要な要素である。

本年度も EHEC 分離株の分子疫学解析の結果から、全国及び各ブロックにおいて流行菌型の調査がなされ、食中毒などの行政対応に結び付いた事例が報告された。全体的に大きな流行株は検出されなかったが、多くの広域株が検出された。

EHEC においてはこれまで PFGE、ISPS、MLVA が分子疫学解析手法として開発、検討、使用されてきた。2018 年 6 月 29 日付に厚生労働省より発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により、EHEC 病原体解析手法として MLVA に統一し、MLVA データの感染研への送付と型名付与を行う (または分離株を送付し MLVA 型を取得) という方向性が示された (0157、026、0111 が対象)。

本研究のアンケート結果から、地衛研では ISPS の実施率の減少、MLVA の実施率の上昇が観察された。これは上記事務連絡による影響、本研究班及びさまざまな支援により、MLVA の普及に向けて地衛研が動いていることを示している。MLVA が各地衛研で導入され、病原体解析手法としてルーチン的に機能するには、一層の支援が必要と考えられる。また、データの解析システムの整備、情報共有に向けたシステム整備等も必要と考えられる。各試験法の実施状況は

ブロックごとに様々であり、また地衛研では毎年担当者の交代が少なからず発生する。本研究班による精度管理の実施、解析手法の検討、研修会等は、各ブロック及び地衛研における病原体解析の体制維持、MLVA 普及に向けた能力向上、問題点の共有などの観点から重要な位置を占めており、今後も継続して実施していく必要がある。

本研究班においては closed network 上に病原体情報のデータベースを利用するシステム、すなわちパルスネット、ISPS データベースの構築および運用を進めてきた。しかしながら、病原体解析手法の MLVA への移行が進みつつあり、MLVA のためのシステム構築が必要と考えられる。VPS サーバ上に MLVA システムを構築し、現在分担研究者を中心に運用を検討中である。今後ユーザーを増やしていくにあたり、運用面等での検討を重ねていく必要がある。

わが国では上記のように MLVA が EHEC 分離株の第一の解析手法として、PFGE、ISPS が第二の選択肢として活用される方向になりつつある。分離菌株の全ゲノム解析を用い、MLVA の結果と比較することで、MLVA の評価を行った。ゲノム解析は最も信頼性の高い病原体解析手法であるが、かかる費用と時間の関係からルーチン化することは難しい。しかしながら、蓋然性の高い解析が可能となり、今後もゲノム解析を使った検討を続けていくことは現行の病原体サーベイランスの性能を理解する点、流行中の病原体の系統を知る点において重要である。

## E. 結論

病原体の分子疫学解析手法における技術開発、データの蓄積ならびに情報の共有は

感染症対策において必須である。

EHEC 感染症においては、分子疫学解析手法として MLVA を導入したことでよりリアルタイムに近いサーベイランスが可能になりつつある。2018 年 6 月に厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により病原体解析手法として MLVA にシフトする方向性が示された。いくつかの事例では MLVA データを直接地衛研と感染研とでやりとりすることで迅速な対応に結び付いた。本研究班並びに各地衛研における努力によって MLVA を実施する地衛研が増えつつある。しかしながら、病原体サーベイランス並びに情報共有システム構築には、病原体解析手法の普及、整備、精度管理、データ解析及び共有のためのシステム構築、技術的及びシステム的問題点の情報収集など多くの課題があり、今後も各工程において検討および改善を図っていくことが重要である。

## F. 健康危険情報

特記事項なし

## G. 研究発表

### 1) 誌上発表

1. 泉谷秀昌、李謙一、伊豫田淳、大西真：2019年に分離された腸管出血性大腸菌のMLVA法による解析。IASR、第41巻、71-72、2020年5月
2. 李謙一、伊豫田淳、泉谷秀昌、大西真：2019年に報告された腸管出血性大腸菌集団感染事例の全ゲノム配列解析。IASR、第41巻、70-71、2020年5月
3. Izumiya H, Lee K, Ishijima N,

Iyoda S, Ohnishi M. Multiple-Locus Variable-Number Tandem Repeat Analysis Scheme for Non-0157 Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli*: Focus on Serogroups 0103, 0121, 0145, 0165, and 091. Jpn J Infect Dis. 2020 Nov 24;73(6):481-490.

2) 学会発表等

なし

#### H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他

なし



【別紙】

# MLVA 法解説

国立感染症研究所

細菌第一部

## はじめに

ここでは腸管出血性大腸菌 O157 など、多くの細菌に対して使われている MLVA 法（エムエルブイエー法、ムルヴァ法などと呼ばれます）の原理と活用について比較的わかりやすくまとめました。みなさまのご理解の一助になれば幸いです。

## MLVA 法とは

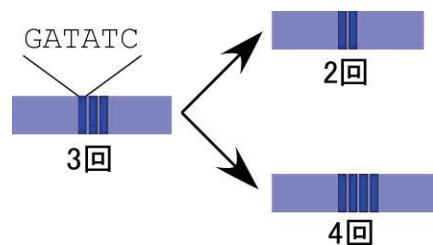
- Multilocus variable-number tandem-repeat analysis の略です。
- 日本語では「反復配列多型解析」と呼びます。
- 細菌のゲノムにある短い縦列の繰り返し構造（リピート）に着目した方法です。

例：GATATC GATATC GATATC

この場合、GATATC という 6 塩基のリピート単位が 3 回繰り返す

- ゲノムにはこのようなりピートが複数箇所あります。
- 複製（菌が増える）時、リピートの伸び縮みが生じます。

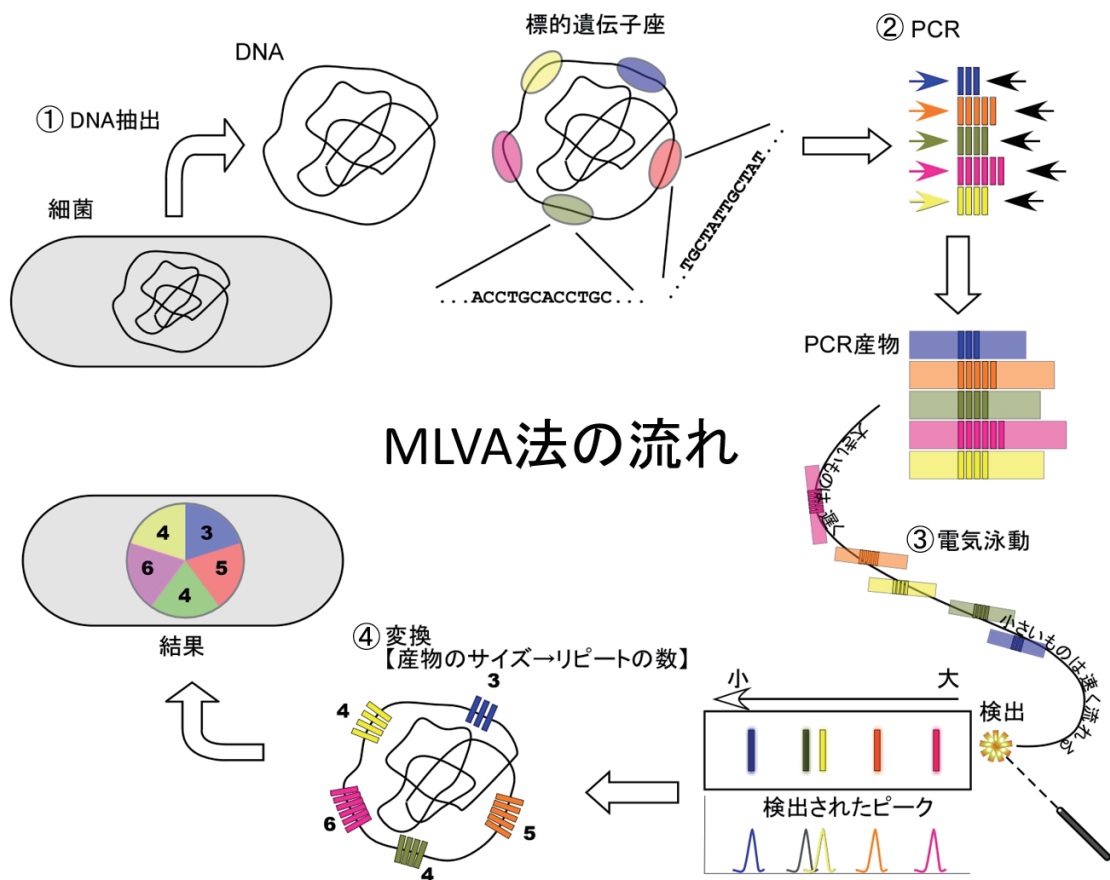
3 回から → [複製] → 2 回になったり、4 回になったりします。



- リピート数の違いから菌株が同じか違うかを調べます。
- MLVA 法は菌株が同じか違うかを遺伝子レベルで調べる分子疫学解析手法の一つです。

## MLVA 法の流れ

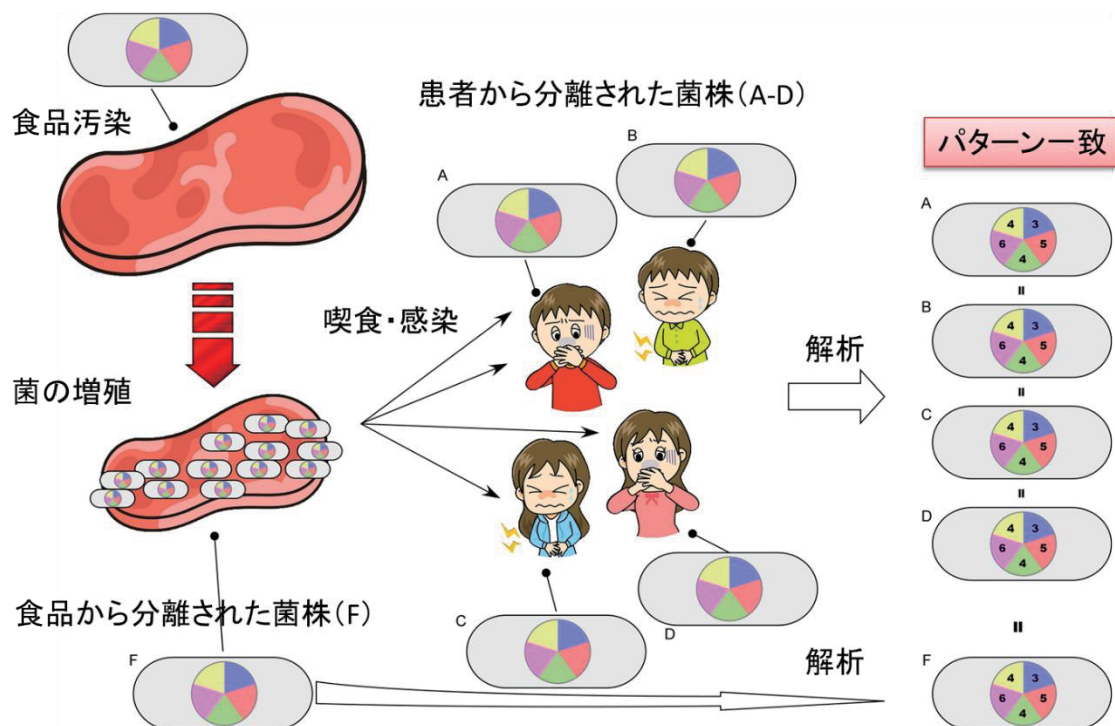
1. 菌から DNA を取り出します (DNA 抽出)。
2. 抽出した DNA にある MLVA の標的遺伝子領域 (標的遺伝子座) に対応するプライマーを使って PCR を行い、標的部分を増幅します。
3. 増幅された PCR 産物を電気泳動によって分離します。大きいサイズの産物は遅く、小さいサイズの産物は速く流れ、検出器で順番に検出されます。
4. 検出された産物の大きさから、それぞれの遺伝子座に何個のリピートがあるかをわり出します。結果としてリピートの数字の組み合わせが得られます。



## MLVA 法の活用

得られた数字の組み合わせ（パターン）は同じ大腸菌の中でも異なります。パターンが近いほど菌同士の由来が近いことを表します。食中毒などの事件が発生しますと、同じお店、あるいは同じメニューの品を食べた患者さんから同じパターンを持つ菌（菌株）が採れます。また、原因施設となったお店で使われていた食品からも同じパターンを持つ菌株が取れることがあります。こうして関係した人や物から同じパターンの菌株が採れるということは、感染源を強く示唆することにつながります。

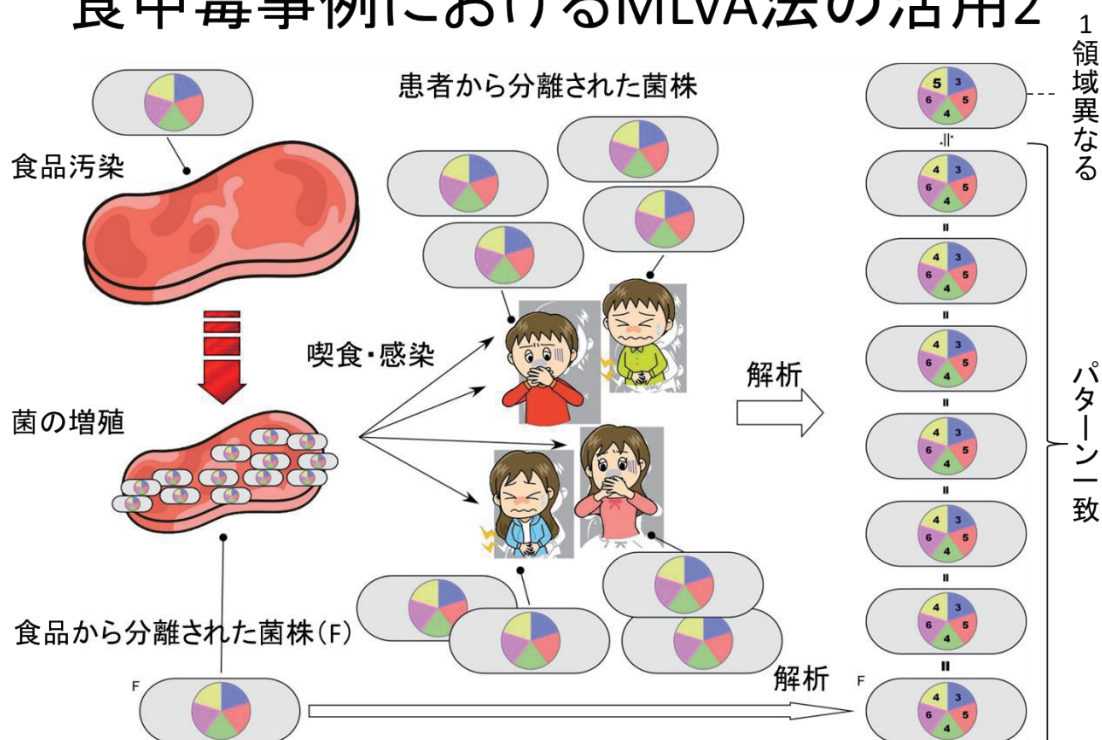
## 食中毒事例におけるMLVA法の活用



## MLVA 法の活用その 2

ここではもう少し複雑な例を紹介しましょう。MLVA 法で使われている遺伝子座にはリピート構造があり、これは菌が増える際に変化します。菌は食品の中でも増えますし、感染した患者さんの中でも増えます。多くの場合、同じ食中毒の事例の中では患者さん、原因食品から同じパターンの菌株が採れるのですが、中には菌が増えている間にリピート数が変化したものが採れる場合があります。変化のほとんどは対象遺伝子座のうちの 1 つが変わっているだけなので、こうした菌株も由来は同じものと判断します。

### 食中毒事例における MLVA 法の活用 2

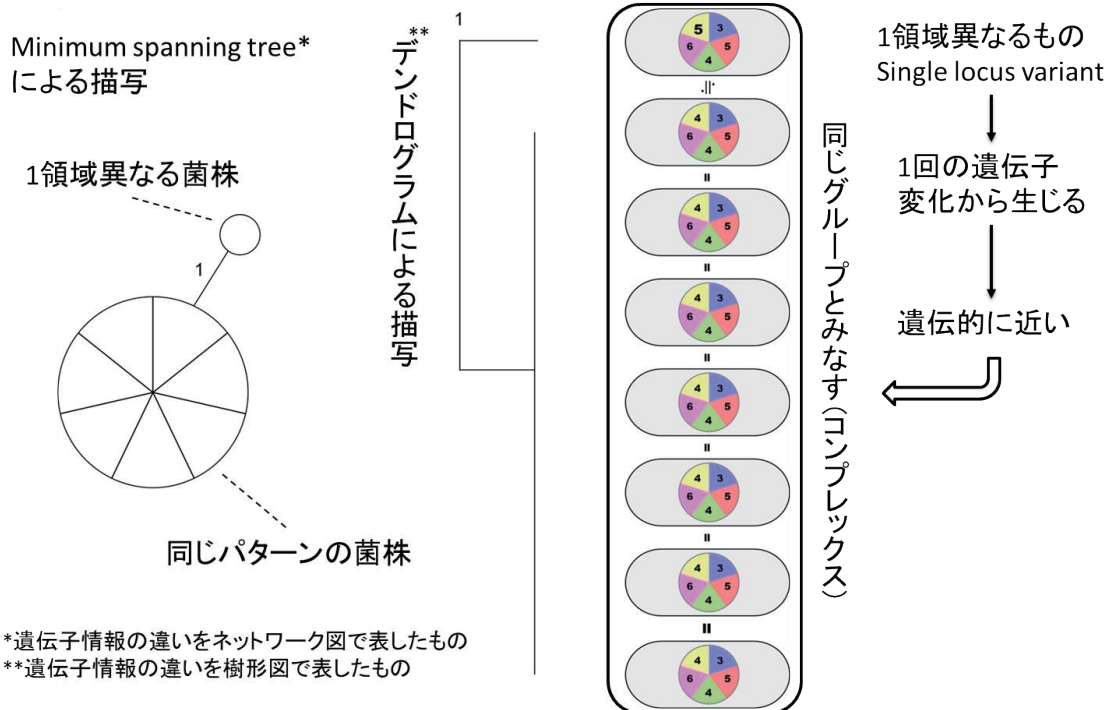


## MLVA 法の活用その 2 (続き)

こうした 1 領域だけが違うものを single locus variant と呼びます。先ほどお話ししましたように、これは菌が増えている間に遺伝子が 1 回変化しただけにすぎないので遺伝的に近いと考えます。こうした類似したパターンの株をまとめて「コンプレックス」と呼び、これは多くの食中毒事例で観察されます。

MLVA のパターンに基づいて菌株同士の関係性を表すようにした Minimum spanning tree やデンドログラムと呼ばれる図では、コンプレックスに含まれる菌株は近くに集積してクラスターを形成します。

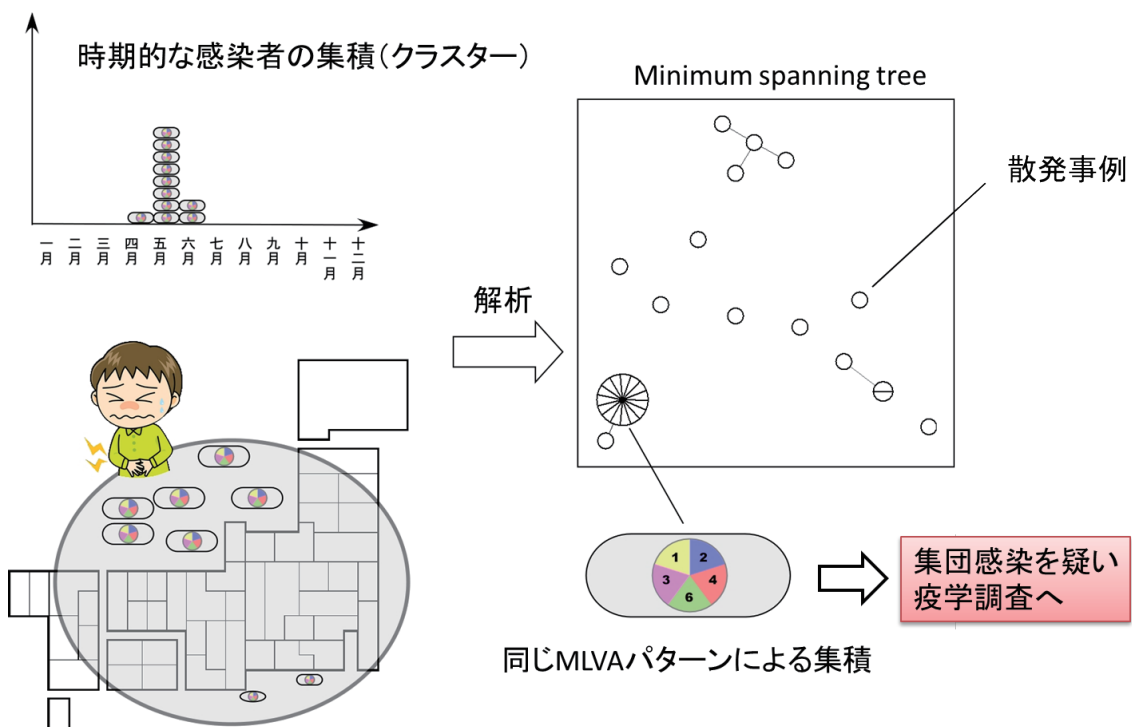
### 類似したパターンの株 →コンプレックス



### MLVA 法の活用その 3

毎年 3000 人以上の人が腸管出血性大腸菌に感染しますが、MLVA 法で解析すると多くのパターンが見られ、その数は 1000 ぐらいになります。その 3~4 割が Minimum spanning tree 上でクラスターを形成します。この中には食中毒の株も含まれますが、一見無関係の人の株が含まれることもあります。こうした人たちが事件と関係ないかどうかを調べるきっかけに MLVA 法が活用されることもあります。

## MLVA法の活用(クラスター探知)





## MLVA 法活用のまとめ

- ・ 「患者さんからの菌株と、食品からの菌株が同じ、あるいは同じと考えてもよいぐらい似ている」とわかることで、その食品を原因とした食中毒であることが明確になります。
- ・ 食品の原材料、生産環境などを調べて、さらに同じ菌株がとれば、原因となった菌がどこから来たのかわかります。(さかのぼり調査と言います)
- ・ 同じ MLVA パターンの菌に感染した複数の患者さん（クラスター）から何を食べたか聞き取り調査をします。そこから浮かび上がった共通食品について、さらにさかのぼり調査をします。こうした調査によってクラスターを発生させた原因食品がわかることもあります。(疫学調査と言います)

## 疫学調査について

- ・ 食中毒において疫学調査は大変重要です
- ・ おひとりの情報では原因がわからなくても、何人かの情報をあわせることで原因がわかることがあります
- ・ どこで何を食べたか思い出せましたら調査員にお話してください
- ・ ご協力をお願いいたします



## 謝辞

本解説は厚生労働科学研究費補助金の支援を受けて作成しました。

イラスト素材：素材工場、イラスト屋

文責：国立感染症研究所 細菌第一部 泉谷秀昌