

資料

共通感染症発生状況等調査事業 第 1 報 (平成 26 年度調査分)

西田雅博・江藤良樹・岡元冬樹・前田詠里子・村上光一・世良暢之
 芦塚由紀・中村麻子・吉富秀亮・濱崎光宏

県内における人獣共通感染症起因病原体の保有状況を把握するため、平成 26 年度福岡県共通感染症発生状況等調査事業実施要領に基づき、県内の 8 協力動物病院から得られた愛玩動物 (イヌ及びネコ) 由来検体 (媒介生物を含む) について、24 種食中毒細菌遺伝子検査 (スクリーニング)、サルモネラ属菌及びカンピロバクター属菌の分離同定試験、重症熱性血小板減少症ウイルス (Severe fever with thrombocytopenia syndrome virus、以下 SFTSV) の遺伝子検査を行った。検査項目ごとの検体数は、24 種食中毒細菌遺伝子検査、サルモネラ属菌及びカンピロバクター属菌の分離同定試験が糞便各 40 検体、SFTSV の遺伝子検査がイヌ又はネコの付着マダニ 41 検体であった。検査の結果、24 種食中毒細菌遺伝子については 9 検体から何らかの食中毒細菌遺伝子が検出された。カンピロバクター属菌については、1 検体からカンピロバクター・ジェジュニが検出された。サルモネラ属菌ならびに SFTSV については、いずれの検体からも病原体等は検出されなかった。

[キーワード : 人獣共通感染症、病原体保有状況]

1 はじめに

本調査は、動物における病原体保有状況調査を行い、把握した結果を、医療及び獣医療関係者並びに行政が共有し、人に感染した場合の迅速な診断につなげる等の共通感染症対策に資することを目的に平成 26 年度から開始することとなったものである。

本年度は、24 種食中毒細菌遺伝子検査 (スクリーニング)、サルモネラ属菌及びカンピロバクター属菌の分離同定試験、SFTSV の遺伝子検査を行った。

2 方法

2・1 検体及び検査項目

平成 26 年 9 月から 11 月の間に福岡県内の 8 協力動物病院から搬入された検体を対象とした。検査項目別の検体数は表 1 に示した。

2・2 検査方法

2・2・1 24 種食中毒細菌遺伝子検査 (スクリーニング)

24 種食中毒細菌遺伝子検査の方法は以下のとおりである。イヌ又はネコの糞便約 200mg から QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit (キアゲン) により抽出した DNA を用いて、Kawase ら¹⁾の方法に従い、Multiplex Real-Time SYBR Green PCR により 24 種食中毒細菌遺伝子の検出を行った。

2・2・2 サルモネラ属菌分離同定試験

サルモネラ属菌の分離同定試験の方法は以下のとおりである。検体を滅菌生理食塩水に懸濁したのち、Rappaport-Vassiliadis 増菌培地及びテトラチオン酸塩培地で 37℃一夜増菌培養し、得られた増菌培養液を XLT4 寒天培地及び SMID 寒天培地に画線塗抹の上、37℃で一夜分離培養を行った。分離培養後、選択分離寒天培地上に発育したサルモネラ属菌と疑われるコロニーを釣菌し、TSI 寒天培地、SIM 寒天培地、リジン脱炭酸試験用培地

表 1 検査項目、検査材料、調査頭数及び検体数並びに動物種別内訳

検査項目	検査材料	調査頭数	検体数	動物種別	
				イヌ	ネコ
24種食中毒細菌遺伝子検査	糞便 (イヌ又はネコ)	80	80	43	37
サルモネラ属菌分離同定試験	糞便 (イヌ又はネコ)	80	80	43	37
カンピロバクター属菌分離同定試験	糞便 (イヌ又はネコ)	80	80	43	37
SFTSVの遺伝子検査	イヌ又はネコに付着したマダニ	25 *1	41 *2	39	0

*1 動物種不明2頭を含む。

*2 採取状況に応じ、5匹以内のマダニをプールして1検体とした。なお、由来動物種不明の2検体を含む。

表2 検査項目別、動物種別の検体数及び陽性数 (%)

検査項目	イヌ		ネコ	
	検体数	陽性数 (%)	検体数	陽性数 (%)
24種食中毒細菌遺伝子検査	43	7 (16.3)	37	10 (27.0)
サルモネラ属菌分離同定試験	43	0 (0)	37	0 (0)
カンピロバクター属菌分離同定試験	43	0 (0)	37	1 (2.7)
SFTSVの遺伝子検査 ^{*1}	39	0 (0)	0	0 (0)

*1 由来動物種不明であった2検体についても陰性

及びシモンズクエン酸塩培地で生化学性状を確認した。血清型別試験のほか、必要に応じて、その他の細菌学的検査を行い同定した。

2・2・3 カンピロバクター属菌分離同定試験

カンピロバクター属菌の分離同定試験は、カンピロバクター・ジェジュニ/コリとそれ以外のカンピロバクター属菌に分けて分離培養を行った。方法は以下のとおりである。カンピロバクター・ジェジュニ/コリについては、検体をブルセラブロスに懸濁したのち、5%馬溶血液加プレストン選択ブイオンに接種し、微好気条件下で42℃一夜増菌培養した。次いで、得られた増菌培養液をスキロー培地及びmCCDA培地に画線塗抹し、微好気条件下で42℃、48±4時間分離培養した。カンピロバクター・ジェジュニ/コリ以外のカンピロバクター属菌については、検体をブルセラブロスに懸濁したのち、CAT選択サプリメントを添加した5%馬溶血液加ニュートリエントブロスに接種し、微好気条件下で35℃一夜増菌培養した。次いで、得られた増菌培養液をポアサイズ0.45µmのフィルターを通過させ、得られた濾液を馬血液寒天培地及びCAT選択サプリメント添加血液無添加選択寒天培地に画線塗抹し、微好気条件下で35℃、48±4時間分離培養を行った。分離培養後は、分離培地上に発育したカンピロバクター属菌と疑われるコロニーから菌種鑑別のため、Wangら²⁾の方法を参考にコロニーダイレクトPCRを行った。その他必要に応じて、生化学性状等を確認し同定した。

2・2・4 SFTSVの遺伝子検査

SFTSV遺伝子検査は、犬23頭、動物種不明2頭に付着していたマダニ41検体(計117匹)について、リアルタイムPCR法により遺伝子検査を実施した。

3 結果及び考察

検査結果を表2に示した。24種の食中毒細菌遺伝子のうち何らかの食中毒細菌遺伝子が検出されたのは、イヌ7検体(16.3%)、ネコ10検体(27.0%)で検出数が多かった食中毒細菌遺伝子は、腸管凝集性大腸菌耐熱性毒素遺伝子(*astA*)7検体、腸管病原性大腸菌インチミン遺伝子(*eae*)6検体、ウェルシュ菌エンテロトキシン遺伝子(*cpe*)6検体で下痢原性大腸菌に関するものが過半数を占めていた。カンピロバクター属菌については、ネコ糞便1検体からカンピロバクター・ジェジュニが分離されたが、その他の検体からは、カンピロバクター属菌は分離されなかった。そのほか、サルモネラ属菌及びSFTSVの病原体保有に関しては、陽性例は確認されなかった。このことから、今回、愛玩動物(イヌ及びネコ)を調査した範囲内では、下痢原性大腸菌やウェルシュ菌などの下痢原性細菌を一定程度保有している可能性が示唆された。また、サルモネラ属菌及びSFTSVについては、その可能性は低いものと考えられた。しかしながら、検体採取から搬入までに時間を要しているものが多々見受けられる点を考慮すると、カンピロバクター属菌及びサルモネラ属菌の病原体保有状況やこれらを踏まえた愛玩動物飼育者等の感染リスクの評価のためには、検体搬入に要する時間を短縮するなど事業体制の再考や調査数を増やす等の対応が必要と考えられた。

文献

- 1) Kawase J *et al.*: Jpn J Infect Dis. 2015 Jul 10. [Epub ahead of print].
- 2) G. Wang *et al.*: J Clin Microbiol., 40(12), 4744-4747, 2002.