

資料

共通感染症発生状況等調査事業 第 2 報 (平成 27 年度調査分)

西田雅博・重村洋明・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 27 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) (糞便 35 検体)、パストレラ属菌分離同定試験 (口腔粘液 34 検体)、トキソプラズマ抗体価測定 (血清 20 検体)、バルトネラ・ヘンセラ抗体価測定 (血清 20 検体)、重症熱性血小板減少症候群ウイルス (Severe fever with thrombocytopenia syndrome virus、以下 SFTSV) 及び日本紅斑熱リケッチア (*Rickettsia japonica*、以下 Rj) の遺伝子検査 (イヌ又はネコの付着マダニ 54 検体) を行った。検査の結果、24 種食中毒細菌遺伝子については 16 検体から何らかの食中毒細菌遺伝子が検出された。パストレラ属菌は 27 検体から分離され、トキソプラズマ抗体及びバルトネラ・ヘンセラ抗体はそれぞれ 1 検体から 64 倍以上の抗体価が得られた。SFTSV 及び Rj については、いずれの検体からも特異的遺伝子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 年度から実施しているものである。

本年度は、24 種食中毒細菌遺伝子検査 (スクリーニング)、パストレラ属菌分離同定試験、トキソプラズマ抗体価及びバルトネラ・ヘンセラ抗体価の測定並びに SFTSV 及び Rj 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 27 年 6 月から平成 27 年 9 月の間に福岡県内

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次のとおりである。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 パストレラ属菌分離同定試験

パストレラ属菌は、*Pasteurella multocida*、*P. canis*、*P. dagmatis* 及び *P. stomatis* の 4 菌種を対象として分離

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)	35	35	24	11
パストレラ属菌分離同定試験	口腔粘液 (イヌ又はネコ)	34	34	12	22
ネコトキソプラズマ抗体価	血清 (ネコ)	20	20		20
バルトネラ・ヘンセラ抗体価	血清 (ネコ)	20	20		20
SFTSVの遺伝子検査	イヌ又はネコに付着したマダニ	32	54 *	53	1
Rjの遺伝子検査	イヌ又はネコに付着したマダニ	32	54 *	53	1

* 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。

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	24	10 (41.6)	11	5 (45.4)
パストレラ属菌分離同定試験	12	8 (66.6)	22	19 (86.3)
トキソプラズマ抗体価	—	—	20	1 (5.0)
バルトネラ・ヘンセラ抗体価	—	—	20	1 (5.0)
SFTSVの遺伝子検査	53	0 (0)	1	0 (0)
Rjの遺伝子検査	53	0 (0)	1	0 (0)

同定試験を行った。方法は以下のとおりである。すなわち、トランスワブ (IWAKI) に採取されたイヌ又はネコの口腔粘液を、5%ヒツジ血液加コロンビア血液寒天培地 (SBA)、SBA にバンコマイシン (終濃度 4 μ g/mL) 及びアンホテリシン B (終濃度 4 μ g/mL) を加えたもの、SBA にクリンダマイシン (終濃度 2 μ g/mL)、バンコマイシン (終濃度 4 μ g/mL) 及びアンホテリシン B (終濃度 4 μ g/mL) を加えたもの及びチョコレート寒天培地の 4 種の培地に画線塗抹して 5%CO₂ 下で 37°C、18-22 時間、分離培養した。分離培養後、各培地からパストレラ属菌と疑われる集落を釣菌し、SBA にて同一条件で純培養した。その後、グラム染色、カタラーゼ及びオキシダーゼの性状を確認するとともに ID テスト HN-20 ラピッド (日水製薬) を用いて同定を行った。得られたプロファイルコードが上記 4 菌種であった株については、Król ら²⁾の方法による当該菌種特異的プライマーを用いた PCR を行い、菌種特異的 DNA の増幅を確認した。なお、ID テスト HN-20 ラピッドから得られたプロファイルコードと PCR の結果が一致しなかった株については、sod 又は 16S rDNA のシーケンス解析並びに常法による生化学性状の確認試験を行い同定した。sod のシーケンス解析は既報³⁾に従い行った。

2・2・3 トキソプラズマ抗体価及びバルトネラ・ヘンセラ抗体価

トキソプラズマ抗体価及びバルトネラ・ヘンセラ抗体価は外部委託により行った。

2・2・4 SFTSV 及び Rj の遺伝子検査

SFTSV 及び Rj の遺伝子検査は、犬 31 頭、猫 1 頭に付着していたマダニ 54 検体 (計 113 匹) について遺伝子検査を実施した。その結果、いずれの検体からも特異的遺伝子は検出されなかった。

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 10 検体 (41.7%)、ネコ 5 検体 (45.5%) で検出数が多かった遺伝子は、腸管病原性大腸菌インチミン遺伝子 (*eae*) 3 検体、腸管凝集性大腸菌耐熱性毒素遺伝子 (*astA*) 3 検体、分散接着性大腸菌侵入遺伝子 (*daaD*) 2 検体など下痢原性大腸菌に関連する遺伝子であった。パストレラ属菌については、対象 4 菌種のいずれかが分離されたのは、イヌ 8 検体 (66.7%)、ネコ 19 検体 (86.4%) であった。最も多く検出された菌種は、イヌ、ネコともに *P. multocida* でそれぞれ 6 検体と 14 検体から分離された。パストレラ属菌の保菌率はイヌ、ネコともに総じて高く、特にネコにおける保菌率は 80% 以上と非常に高率であり、愛玩動物飼育者等の主要な感染源になり得ると考えられた。トキソプラズマ抗体価及びバルトネラ・ヘンセラ抗体価については、前者で 128 倍が 1 検体、後者で 64 倍が 1 検体認められた。その他の 19 検体はすべて 8 倍以下 (トキソプラズマ抗体価) と 64 倍未満 (バルトネラ・ヘンセラ抗体価) であった。両抗体価測定において、64 倍以上の抗体価が認められたネコ 2 頭の飼育環境はいずれも室内飼育であった。本結果から当該病原体への暴露歴が考えられ、感染リスクを考慮した愛玩動物飼育者等の対応が必要と考えられた。そのほか調査対象とした愛玩動物の SFTSV 及び Rj の保有に関しては、調査対象に付着した媒介生物での PCR 陽性例は確認されなかった。このことから、現時点では当該病原体の感染の可能性は低いものと推察された。

文献

- 1) Kawase J *et al.*: Jpn J Infect Dis., 2015 Jul 10. [Epub ahead of print].
- 2) J Król *et al.*: J Vet Diagn Invest., 23:532-537, 2011.
- 3) A-L Gautier *et al.*: J Clin Microbiol., 43:2307-2314, 2005.