

---

# 東京都微生物検査情報

## MONTHLY MICROBIOLOGICAL TESTS REPORT, TOKYO

---

第 38 卷 (2017 年)  
総 集 編

 東京都健康安全研究センター

*<http://idsc.tokyo-eiken.go.jp/>*

---

ISSN 1883-2636

## 第 38 卷 目 次

号	題名	項
第1号	腸管出血性大腸菌感染症・食中毒の発生状況および分離菌株の疫学的解析成績（2015年）	1
第2号	食肉から分離される薬剤耐性菌	4
第3号	都内における麻しん患者発生状況について（2016年4月～12月）	7
第4号	カルバペネム耐性腸内細菌科細菌におけるβラクタマーゼ遺伝子保有状況（2015年10月～2017年3月）	11
第5号	エルシニアによる集団感染事例と豚肉からのエルシニア検出状況	15
第6号	病原体レファレンス事業に基づく病原体等の収集と解析結果（2016年度）	18
第7号	2016/2017シーズンの東京都におけるインフルエンザウイルス流行状況（2017年6月現在）	23
第8号	東京都内の医療機関で劇症型溶血性レンサ球菌感染症患者から分離された <i>Streptococcus pyogenes</i> のT血清型について(2016年)	26
第9号	わが国における蚊が媒介する寄生虫症 ーヒトのディロフィラリア症ー	29
第10号	2016年の食中毒発生状況	32
第11号	PCR法を用いた <i>Campylobacter jejuni</i> の型別法の有用性	34
第12号	東京都において分離された赤痢菌の菌種、血清型および薬剤感受性について（2016年）	36

## -第1号-

# 腸管出血性大腸菌感染症・食中毒の発生状況および分離菌株の疫学的解析成績 (2015年)

東京都健康安全研究センター 微生物部  
食品微生物研究科 小西 典子

2015年(平成27年)の東京都における腸管出血性大腸菌(EHEC)感染症の発生届出数は355名で、2014年と比較して7名の減少であった(東京都感染症発生動向調査)。このうち、東京都保菌者検索事業および感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律に基づく積極的疫学調査の一環として、都内の病院、検査センターおよび保健所等で分離された菌株は、保健所を通じて当センターに搬入された。それらの菌株について、散発的集団発生(Diffuse outbreak:各地で発生している散発事例が、実は同一の感染源・食品を原因とする集団発生であること)の早期発見および感染源を特定することを目的として、血清型別試験、毒素産生性試験のほか、PFGE解析および14薬剤(クロラムフェニコール(CP)、テトラサイクリン(TC)、ストレプトマイシン(SM)、カナマイシン(KM)、アンピシリン(ABPC)、トリメトプリム/スルファメトキサゾール(ST合剤)、ナリジクス酸(NA)、ホスホマイシン(FOM)、ノルフロキサシン(NFLX)、ゲンタマイシン(GM)、セフトキシム(CTX)、シプロフロキサシン(CPFX)、オフロキサシン(OFLX)、スルフイソキサゾール(Su))を用いた薬剤感受性試験等の疫学的性状解析を行った。

## 1. 2015年分離株の特徴

2015年に搬入されたEHECは313株であった。分離株の血清群はO157が最も多く225株(71.9%)、次いでO26が46株(14.7%)、O111が9株(2.9%)、O121およびO145が各6株(1.9%)、O91が4株(1.3%)等、10種類の血清群に分類された。O群型別不能(OUT)は11株(3.5%)であった(表1)。本年の特徴の一つは、O157のVT1単独産生株が例年に比べて多く、O157株全体の4.9%を占めていたことである。この点については後述する。

## 2. 集団事例の解析

2015年に都内で発生したEHECによる食中毒は4事例であった。代表事例の概要は以下のとおりである。

- 1) バイキング形式の焼肉店が原因となったO157食中毒事例  
グループ1:都内の高校生29名が6月24日に

バイキング形式の焼肉店を利用したところ、14名が6月25日から腹痛、下痢等の症状を呈した。患者糞便15検体を検査した結果、9名からO157(VT2)が検出された。

グループ2:6月24日に同店を利用した2名中2名が胃腸炎症状を呈した。医療機関で検査を行った結果、1名からO157(VT2)が検出された。

グループ3:6月26日に同店を利用した友人4名が6月27日から腹痛、下痢等の症状を呈し、1名からO157(VT2)が検出された。

同店の調理従事者12名の糞便検体を検査した結果、1名からO157(VT2)が検出された。グループ1~3の共通飲食店はバイキング形式の焼肉店のみであったが喫食日が異なること、調理従事者からもO157が検出されたことから分離菌株について疫学解析を実施した。その結果、薬剤耐性パターン、PFGE型が一致し、本事例は焼肉店を原因とする食中毒であると決定された(図)。当該焼肉店は、客が自ら自由に食材を盛り付けるというバイキング形式で生肉等を提供しており、1つの皿に生肉とそのまま食べる食材を一緒にのせることがあった。またトングの使用が不適切であった可能性も考えられた。

## 2) とんかつ屋を原因としたO157食中毒事例

7月25日(昼食および夕食弁当)~7月26日(昼食および夕食)に都内のとんかつ屋を利用した4グループ13名中6名が7月28日から腹痛、水様性下痢の症状を発症した。医療機関において、5名の糞便からO157(VT1+VT2)が検出された(表2)。分離菌株のPFGE型、薬剤耐性パターンが一致したことから、とんかつ屋の食事を原因とした食中毒であると断定された。

保健所の調査から、この店では調理器具と食材の洗浄を同じシンクで行っており、特に共通の食材として使用されていた千切りキャベツは、未消毒のシンクに水を張り、その中で洗浄していたことが判明した。さらに、豚肉、魚介類、野菜の下処理でまな板の使い分けがされておらず、調理工程中の消毒も不十分であったことから、本食中毒事例の発生要因は、食材あるいはまな板を介した二次汚染の可能性が考えられた。

## 3. 散発的集団発生が疑われた事例

疫学的性状解析から散発的集団発生が疑われる事例が2事例あった。その1事例の概要は以下のとおりである。

一般的にわが国で分離されるO157の毒素産生性はVT1+VT2株が最も多く約70%、次いでVT2単独株が約25%、VT1単独産生株は数%未満である。2015年に分離されたVT1単独産生O157株は11株(4.9%)であった。そのうち10株は7月10日~7月24日に搬入された株で、いずれも非運動性という特徴があった。全ての株は同一のPFGE型、

全て薬剤感受性株で一致していた（表3）。患者には女性が多く、発症日は7月6日前後に集中していたことから、散発的集団発生の可能性が疑われ、再度、保健所を通じて喫食調査等の詳細な調査が行われた。その結果、数名についてはある系列店のスーパーマーケットを共通に利用しているとの情報が得られたが、関連を特定するには至らなかった。しかし患者の発症日が近いこと、O157の産

生毒素がVT1と珍しい株であったこと、PFGE型が一致したこと等を考慮すると、共通の感染源を原因とした散発的集団発生であった可能性が非常に高いと考えられた。本事例は共通感染源の解明までには至らなかったが、散発的集団発生をいち早く発見し、感染源を特定することが、O157食中毒・感染症の拡大防止のために最も重要である。

表1. ヒト由来腸管出血性大腸菌の血清群と毒素型(2015年, 東京都)

血清群	菌株数(%)	産生毒素		
		VT1+VT2	VT1	VT2
O157	225 (71.9)	124	11	90
O26	46 (14.7)	9	37	
O111	9 (2.9)	7		2
O121	6 (1.9)			6
O145	6 (1.9)	1		5
O91	4 (1.3)	1	3	
O103	2 (0.6)		2	
O166	2 (0.6)			2
O159	1 (0.3)	1		
O165	1 (0.3)	1		
OUT	11 (3.5)	1	3	7
合計	313	145	56	112

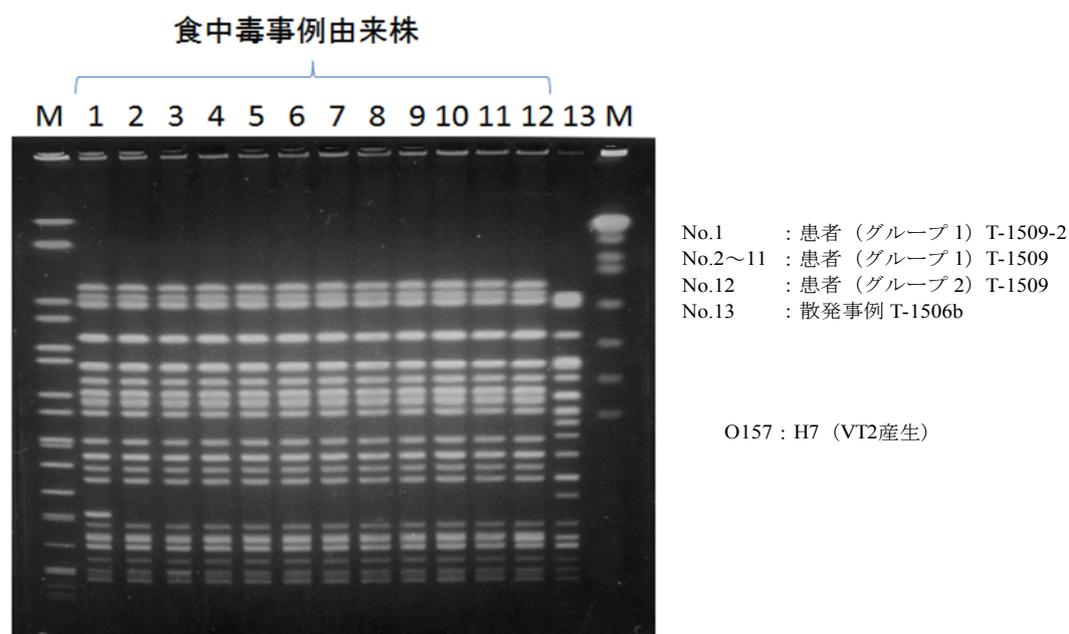


図 バイキング形式の焼肉店で発生した腸管出血性大腸菌 O157 食中毒事例由来株の PFGE パターン (2015年6月)

表 2. とんかつ屋を原因とした O157 食中毒事例患者発生状況 (2015 年 7 月)

グループ	1	2	3	4
喫食日	7月26日昼	7月26日昼	7月25日夜	7月25日昼 及び夜 (弁当)
喫食者数	3名	3名	4名	3名
患者数	1名	2名	2名	1名
喫食食品	ヒレカツ定食	とんかつ定食	ヒレカツ定食 エビフライ定食	エビフライ定食
菌検出者数	1名	1名	1名	2名

菌株 : O157 : H7 (VT1+VT2 産生)

PFGE 型 : T-1522

薬剤耐性パターン : CP, TC, SM, ABPC の 4 薬剤に耐性

表 3. 2015 年に分離された EHEC O157 (VT1 産生株)

No	搬入日	搬入HC	発症	血清型	年齢	性別	関係	PFGE型
1	7/10	中野区	7/4	O157:NM	18	女	同居	T-1506c
2	7/15	中野区	7/4	O157:NM	18	女		T-1506c
3	7/16	江戸川区	7/6	O157:NM	13	女	家族	T-1506c
4	7/16	江戸川区	7/6	O157:NM	45	男		T-1506c
5	7/16	江戸川区	7/6	O157:NM	44	女		T-1506c
6	7/22	渋谷区	7/7	O157:NM	65	女		T-1506c
7	7/22	多摩小平	6/27	O157:NM	42	女		T-1506c
8	7/22	練馬区	7/6	O157:NM	58	女		T-1506c
9	7/22	江東区	7/4	O157:NM	13	女		T-1506c
10	7/24	練馬区	無	O157:NM	59	女		T-1506c
11	8/5	南多摩	無	O157:H7	32	男		T-1510e

菌株 No.1~10 :

薬剤感受性試験 : 全て感受性

患者の発症日が非常に近く, PFGE 型も一致したことから散発的集団発生が疑われた。

## 食肉から分離される薬剤耐性菌

東京都健康安全研究センター 微生物部

食品微生物研究科 西野 由香里

### 1. 薬剤耐性菌について

薬剤耐性菌とは、抗菌薬に耐性を持つ菌のことで、薬剤耐性菌を原因とした感染症に対し、抗菌薬による治療効果が十分に得られないことが懸念されている。近年、抗菌薬の不適切な使用による薬剤耐性菌の増加が指摘されており、国際社会においても大きな課題となっている。抗菌薬は医療分野の他に、畜水産分野においても動物用医薬品や飼料添加物に使用されており、食品を介した薬剤耐性菌のヒトへの伝播の可能性も示唆されている。

こうした中、2015年5月に開催された世界保健機関（WHO）の総会で「薬剤耐性（Antimicrobial Resistance, AMR）に関するグローバル・アクション・プラン」が採択された。これを受けて2016年4月に日本政府は「薬剤耐性（AMR）対策アクションプラン」を公表した。今後、ヒト、動物、食品、環境等に関する薬剤耐性問題について、分野横断的に取組（ワンヘルスアプローチ）を推進していくことが求められる。

当センターでは、食品由来の薬剤耐性菌の検査や調査を実施している。今回、東京都内で流通する食肉から分離されたバンコマイシン耐性腸球菌（Vancomycin Resistant Enterococci, VRE）とβラクタマーゼ産生大腸菌の検出状況について紹介する。

### 2. バンコマイシン耐性腸球菌（VRE）

VREは病原性が弱く、健常者への危害はほとんどないが、感染防御機能の低下したヒトでは日和見感染症を発症させることがある。本菌による感染症は、感染症法において全数報告対象（五類感染症）であり、感染症発生動向調査事業における2015年の届出数は、東京都で2例、全国では66例であった。

VREはVCM（バンコマイシン）耐性遺伝子の型によりVanA、VanB、VanC型などに分類される。このうち、VanAおよびVanB型はVCMに高度耐性

を獲得している。また、耐性遺伝子がプラスミド上にあるため、水平伝播が起こりやすい。食肉中のVREについては、VCMと交差耐性のあるグリコペプチド系抗生物質アボパルシンが過去に飼料添加用成長促進剤として家畜に使用されていたことから、VRE汚染との関連が指摘されている。1990年代半ば以降、世界的にアボパルシンの家畜への使用は禁止されたが、厚生労働省が1996から2000年に行った食肉中のVRE汚染サーベイランス調査では、輸入鶏肉からVanA型VREが検出されている。

2009年から2015年に都内流通食肉における原産国別のVRE検出状況を表1に示した。VanA型VREは、国産鶏肉353検体中1検体（0.3%）、輸入鶏肉251検体中9検体（3.6%）より検出され、菌種は*Enterococcus faecium*（8株）、*E. durans*（1株）、*E. faecalis*（1株）であった。分離されたVanA型VRE10株のうち、9株はブラジル産鶏肉由来であった。日本の輸入鶏肉を国別にみると、ブラジル産が重量換算で約80%を占めており、今回の検査対象輸入鶏肉もその割合に準じた。なお、2010年から2012年には鶏肉に加え、牛肉162検体と豚肉107検体についても調査を行ったが、牛肉や豚肉からは、VanA型VREは検出されなかった<sup>1)</sup>。また、VanB型VREは、東京都で実施した食肉検査では検出されていない。

VanA型VRE 10株についてMIC測定を行った結果、VCMのMIC値は、>256 µg/mlが8株、16 µg/mlが1株、12 µg/mlが1株であった（表2）。テイコプラニン（TEIC）においては、32 µg/mlが1株、16 µg/mlが1株、<16 µg/mlが8株であり、2009年から2014年に鶏肉から分離されたVanA型VRE10株のうち8株がTEIC感受性株であった。従来、ヒトから分離されたVanA型VREはVCM耐性、TEIC耐性と報告されてきたが、近年、欧州やアジアでVanA型VREのTEIC感受性株が報告されている。これらTEIC感受性株は、*vanA*の調節遺伝子である*vanS*の変異によるものとの報告がある<sup>2)</sup>。

### 3. βラクタマーゼ産生大腸菌

βラクタマーゼは、ペニシリンなどのβラクタム環を持つ抗生物質を分解する酵素である。これまでに、多くのβラクタム系抗菌薬が開発されてきた一方、それらの薬剤に対する耐性菌が出現してきた。現在、医療現場では、第三世代セファロス

ポリン系薬剤が広く使用されている。基質特異性拡張型βラクタマーゼ (extended-spectrum β-lactamase) (ESBL) やAmpC型βラクタマーゼ (AmpC) は、それらの薬剤を分解することから、ESBLやAmpC産生菌は、第三セファロスポリン系薬剤に対して耐性となる。また、βラクタマーゼ産生遺伝子がプラスミド上に存在する場合には、同種間および腸内細菌科の異なる菌種間に伝達される可能性があり、その拡散が危惧される。

2015年に都内で流通した食肉から分離された大腸菌の薬剤感受性試験を行い、ESBLおよびAmpC産生大腸菌の分布状況を調査した。

鶏肉55検体（国産42検体、輸入13検体）、牛肉46検体（国産19検体、輸入27検体）、豚肉49検体（国産20検体、輸入29検体）について調査を行ったところ、鶏肉55検体、牛肉24検体（国産8検体、輸入16検体）、豚肉32検体（国産16検体、輸入16検体）から、計256株の大腸菌が分離された(表3)。

分離された大腸菌株について薬剤感受性試験を行った結果、ESBL産生大腸菌が国産鶏肉6検体から6株、輸入鶏肉（ブラジル産）7検体から10株、AmpC産生大腸菌が国産鶏肉1検体から1株、輸入

鶏肉（ブラジル産）1検体から1株分離された。分離されたβラクタマーゼ産生菌18株について、ベロ毒素、易熱性エンテロトキシン、耐熱性エンテロトキシンの遺伝子の有無を確認したところ、すべて陰性であった。しかし、βラクタマーゼ産生遺伝子がプラスミド上に存在する場合は、下痢原性大腸菌にも伝播する可能性があることから、今後も動向に注視していく必要がある。

以上の結果から、都内流通鶏肉にVREやβラクタマーゼ産生大腸菌が存在することが確認された。これらの菌は適切な加熱処理により死滅するため、食肉は十分に加熱して喫食することや、食肉により食品の製造、調理環境を汚染しないよう取扱いに注意することが重要と考えられる。

#### 参考文献

- 1) 西野由香里ら：日食微誌，33, 76-81, 2016.
- 2) Hashimoto, Y. *et al.*: FEMS Microbiol. Lett., 185, 247-254, 2000.

表 1. VanA 型 VRE の検出率(2009 年～2015 年)

年度	検体数		検出数	
	国産	輸入	国産 (%)	輸入 (%)
2009	23	26	1 (4.3)	0
2010	31	23	0	1 (4.3)
2011	63	121	0	5 (4.1)
2012	112	21	0	1 (4.8)
2013	39	23	0	0
2014	53	19	0	2 (10.5)
2015	32	18	0	0
計	353	251	1 (0.3)	9 (3.6)

表 2. VanA 型 VRE の VCM および TEIC に対する MIC

検体の種類	分離年	原産国	菌種	MIC (µg/ml)	
				VCM	TEIC
鶏肉	2009	日本	<i>E. faecalis</i>	>256	32
	2010	ブラジル	<i>E. faecium</i>	16	2
	2011	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	4
	2011	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	3
	2011	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	16
	2011	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	3
	2011	ブラジル	<i>E. durans</i>	12	0.047
	2012	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	0.75
	2014	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	3
	2014	ブラジル	<i>E. faecium</i>	>256	2

表 3. 食肉における β ラクタマーゼ産生大腸菌の検出数(2015 年)

検体の種類	原産国	検体数	大腸菌 陽性検体数	菌株数	β ラクタマーゼ産生 大腸菌株数	
					ESBL	AmpC
鶏肉	国産	42	42	120	6	1
	輸入	13	13	34	10	1
牛肉	国産	19	8	20	0	0
	輸入	27	16	27	0	0
豚肉	国産	20	16	31	0	0
	輸入	29	16	24	0	0
計		150	111	256	16	2

## 都内における麻疹患者発生状況について (2016年4月～12月)

東京都健康安全研究センター 微生物部  
ウイルス研究科 鈴木 愛

麻疹はパラミクソウイルス科に属する麻疹ウイルスを原因とする熱性発疹性疾患で、10日～14日の潜伏期間のあと、発熱、咳嗽、結膜炎等のカタル症状を呈する。一時解熱した後に再度発熱し、麻疹特有の発疹や口腔内粘膜にコプリック斑が出現する。麻疹ウイルスの感染力は極めて強く、感受性を有する人が飛沫感染等で曝露を受けると約90%以上が感染するといわれている。一方、免疫を持っているが不十分な人が麻疹ウイルスに感染した場合、軽症で非典型的な麻疹を発症することがある。このような場合を「修飾麻疹」と呼び、潜伏期の延長、高熱は出ず、発熱期間は短く、コプリック斑は出現しない。このような症状の差異に関わらず、麻疹の診断にはPCR法を用いた遺伝子検査が有効である。

わが国における麻疹ワクチンには生ワクチンが使用され、定期予防接種は2006年度から1歳代（第1期）と小学校入学前1年間（第2期）に接種する2回接種制度が始まり、2008年度から2012年度の5年間に限定して、中学1年生と高校3年生相当の年齢の人に2回目の接種が導入された（第3期・第4期）。

日本土着型とされていた麻疹ウイルスD5型は2010年の千葉県における報告が国内最後となり、予防接種率の向上、適切なサーベイランス体制の構築等による検査率の向上が評価され、2015年3月には世界保健機関西太平洋地域事務局により麻疹の排除状態にあることが認定された。今後も排除状態を維持していくためには、国内で報告される麻疹ウイルスの遺伝子型を決定し、監視していく必要がある。

2016年7月末、千葉県内において麻疹ウイルスD8型集団感染が発生し、疫学的関連のある13例の感染事例が確認された。また、8月には関西国際空港勤務者を含むH1型集団感染が発生し、33例の感染事例が報告された。この集団感染は、麻疹排除が認定された後では最大の感染規模と

なった。

国立感染症研究所発表の国内の麻疹患者報告数（麻疹と診断され、医師による届出が行われた報告数）を見ると、2016年4月～7月までは月あたり10件に満たない程度だったが、この2例の集団感染の影響で8月の報告数は60件となり急増している（図1）。同時期に厚生労働省から麻疹の広域的発生に関する通知が出たこともあり、当センターへの麻疹疑い例の検体搬入数は、9月に最多となる66件であった（図2）。千葉県における集団感染は9月24日に、関西空港における集団感染は9月29日にそれぞれ終息宣言が出され、10月の18件を最後に当センターへの関連検体の搬入はない。

2016年4月～12月までの間、当センターには計141件の麻疹疑い例の検体が搬入され、18件が陽性となった（ワクチンタイプ1件を除く）。検出された麻疹ウイルスの遺伝子型は、D8型が16件、H1型が2件であった。麻疹ウイルス陽性となった患者18人の年齢別割合は、21～30歳が最も多かった（図3）。

陽性例18人はその疫学的背景から次の3つのグループに分類することができた。

①発症前に海外渡航歴があるもの、あるいは外国人旅行者、②関西空港集団感染に関連する患者との接触歴が推定されたもの、③前述2つにあてはまらないもの、である。

①に分類された事例は最多の13人で、患者の渡航先はインドネシアが最も多く7人（うち4人が旅行中のインドネシア人）、香港・マカオが2人、タイが2人、スイス・ドイツが1人、シンガポールが1人であった。わが国においてインドネシアに関連する麻疹患者の報告は多く、2016年の国内麻疹報告患者131人のうち海外渡航歴があるのは34人で、そのうち16人（インドネシア人4人含む）の渡航先がインドネシアであった<sup>1)</sup>。インドネシアでは2回の麻疹予防接種制度が導入されているが、接種率は80%前後と報告されており、麻疹ウイルスの感染力や未接種者を考慮すると年間数十万件程度の麻疹の流行が継続している可能性が指摘されている<sup>2)</sup>。

②に分類された事例は3人で、麻疹ウイルスH1型が検出された2人は関西空港集団感染の患者と大規模ライブイベントでの接触歴が認められた。

またD8型が検出された1人は別の関西空港関連患者に接触したことが確認され、前述の2人とは異なる感染経路が考えられた。③に該当した2人には海外渡航歴や麻しん患者との接触歴はなかった。

麻しんウイルス陽性患者18人（ワクチンタイプ1件を除く）の予防接種歴は、接種歴不明が半数以上を占め、次いで1回接種、接種無しとなり、2回接種済みの患者はいなかった。

19人から検出された麻しんウイルスについてN遺伝子領域450bpを用い、分子系統樹解析を行った結果（図4）、D8型が検出された16件については8件が千葉県集団感染事例の塩基配列と解析領域では100%一致した。この8件のうち、発症前に海外渡航歴があるものは6件（うち外国人が1件）であり、渡航歴のある患者と接触した国内感染が1件、どちらにも該当しない1件があった。いずれの患者も千葉県集団感染事例と疫学的な関連を見つけることはできなかった。

H1型の2件は、関西空港集団感染事例の塩基配列と解析領域では100%一致し、この集団感染の第1例患者と明らかな接触歴が認められている。

国土交通省の発表によれば、2015年に出国した日本人は1621万人であり、海外への渡航は今や特別なことではない。また、2020年に東京オリンピックを控え、多くの外国人旅行客の入国も予想される。麻しん排除状態を維持していくためにも、都内における麻しんウイルスの動向を注視していく必要がある。

#### 参考文献

- 1) IASR, 2016年 麻疹ウイルス分離・検出速報, 遺伝子型別内訳一覧, [https://www.niid.go.jp/niid/images/iasr/rapid/meas/genotype/mv2016\\_20170227.pdf](https://www.niid.go.jp/niid/images/iasr/rapid/meas/genotype/mv2016_20170227.pdf)
- 2) 駒瀬勝啓ら, IASR, 37, 67-68, 2016.

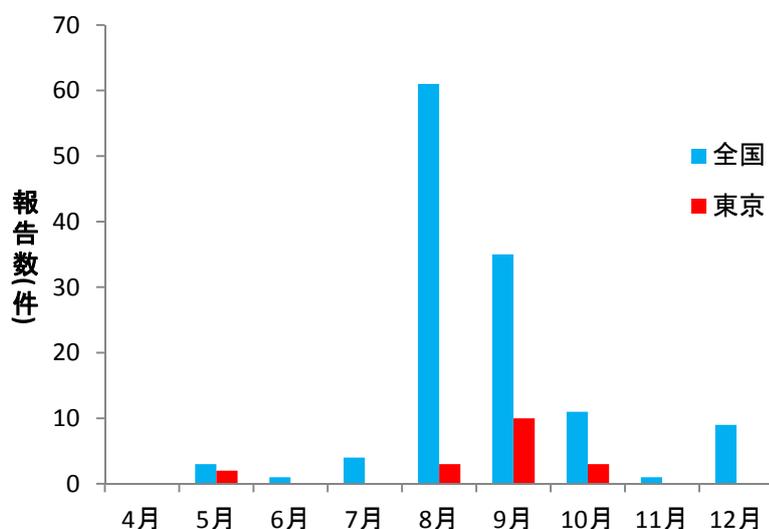


図1. 国内麻しん患者報告数比較(2016年度)  
※国立感染症研究所発表のデータから作成

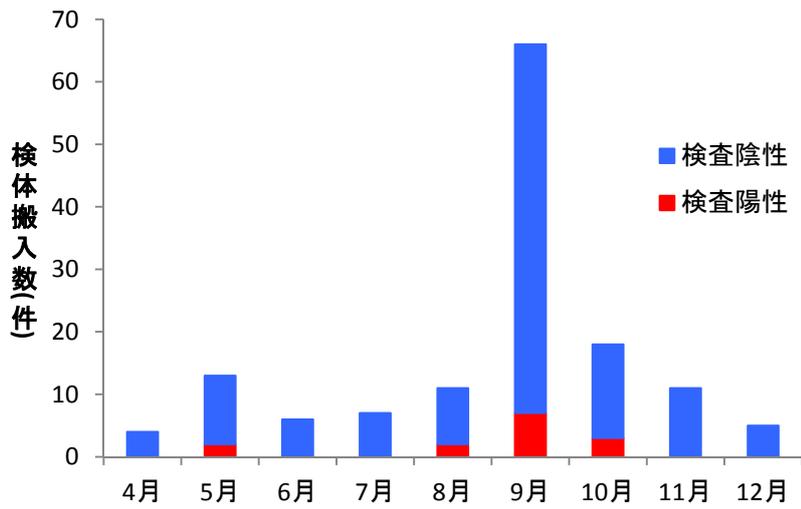


図 2. 都内における麻疹疑い患者検体搬入数(2016年)

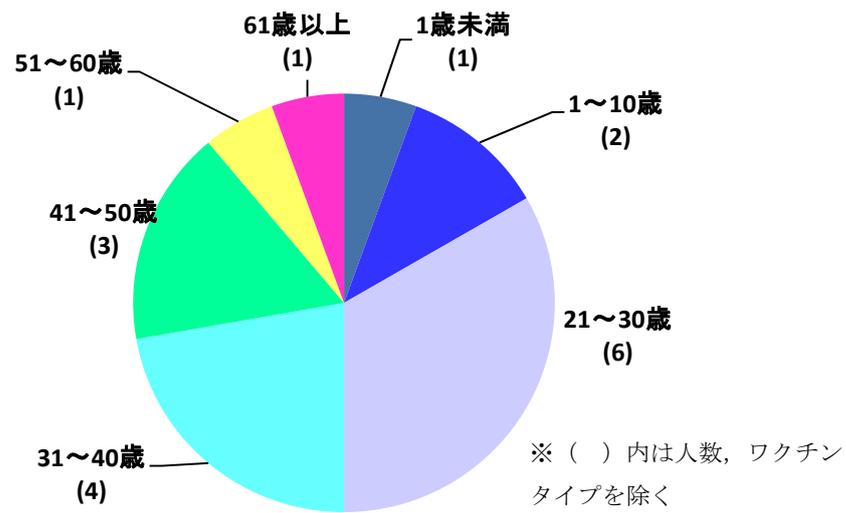


図 3. 都内における麻疹検査陽性患者年齢別割合(n=18)  
(2016年4-12月)

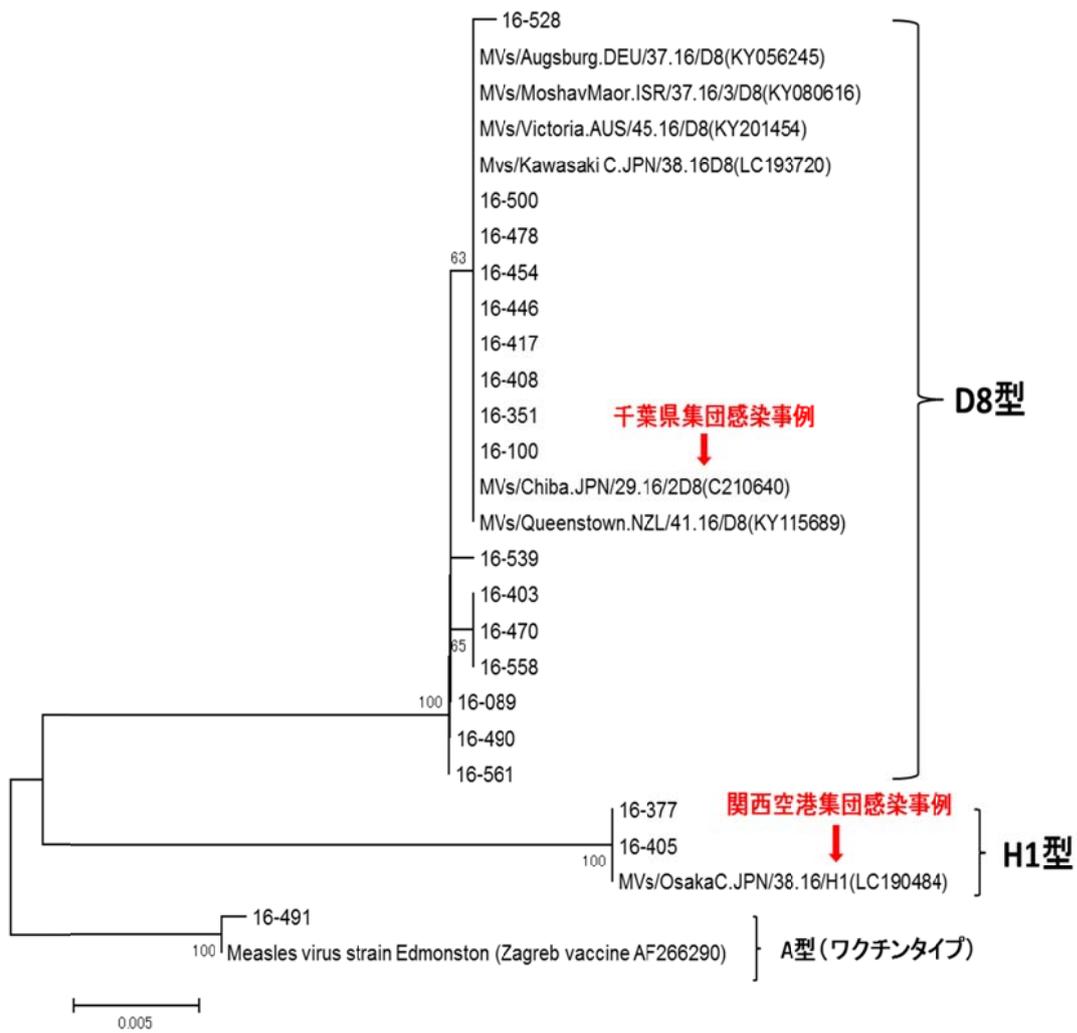


図 4. 都内で検出された麻疹ウイルスの NJ 法による分子系統樹解析 (2016 年度)

-第4号-

## カルバペネム耐性腸内細菌科細菌におけるβラクタマーゼ遺伝子保有状況 (2015年10月～2017年3月)

東京都健康安全研究センター 微生物部  
病原細菌研究科 久保田 寛顕

2016年(平成26年)9月の感染症法改正に伴い、「カルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)感染症」が5類全数把握疾患として指定された。この改正に合わせ、東京都健康安全研究センター(以後、当センター)では2015年10月から積極的疫学調査事業としてCREについて菌株確保の事業を開始した。本事業では、*Enterobacter* 属(*E. cloacae*、*E. aerogenes* 等)については基幹定点医療機関(25機関)のみに対して、その他の菌種についてはすべての医療機関に対して菌株確保の協力を依頼している。

2015年10月から2017年3月までの間に124株のCREが確保された(表1)。*Enterobacter* 属は基幹定点医療機関からのみ確保しているにもかかわらず最も多く、次いで*Klebsiella pneumoniae*(肺炎桿菌)を含む*Klebsiella* 属、*Escherichia coli*(大腸菌)が多くを占めていた。これら確保したCRE株については、主に病原体検出マニュアル(国立感染症研究所；<http://www.niid.go.jp/niid/ja/labo-manual.html>)に基づいたβラクタマーゼ遺伝子の検出(PCR法)を行い、医療機関にその結果を報告している。

2017年3月までに確保したCRE株(10菌種、124株；表1)についてβラクタマーゼ遺伝子の種類を調べた結果、IMP-1型のカルバペネマーゼ遺伝子を保有する株が特に多く検出された(表2)。また、菌種によって検出されるβラクタマーゼ遺伝子には特徴があることが

判明した(表3)。これらの遺伝子保有状況について菌種ごとに比較すると、*P. mirabilis*(2株)や*P. rettgeri*(1株)のような供試株数が少ない菌種を除いた場合、*E. aerogenes*(19株)や*S. marcescens*(8株)からはβラクタマーゼ遺伝子が検出されることがほとんどなかった。この2菌種についてはβラクタム薬に対する自然耐性を示すことが知られており、βラクタマーゼ遺伝子を持っていないとも感染症法におけるCRE感染症の届出基準(MEPM、あるいはIPMとCMZに対するMIC値、もしくは感受性ディスクの阻止円径)を満たしていたと考えられた。

一方、感染時に重症化傾向がみられる菌種とされる*E. coli*や*K. pneumoniae*では、βラクタマーゼ遺伝子が高頻度に検出された。これら2菌種においては1株から複数のβラクタマーゼ遺伝子が検出されることも多く(表4)、*E. coli*では3遺伝子、*K. pneumoniae*では4遺伝子を同時に持つ株も存在した。さらに、*E. coli*におけるCTX-M-1 groupとCTX-M-9 group(4株)や、*K. pneumoniae*におけるSHV型とIMP-1型(14株)といった、比較的同時に検出されやすい組み合わせも見られた。

腸内細菌科細菌に属する菌株の間では、各種のβラクタマーゼ遺伝子がプラスミドを介して伝達されると考えられている。このような遺伝子の伝達過程において、ひとつのプラスミド上に複数の遺伝子が含まれていた場合では、一度に多種類の遺伝子が受け渡しされ、結果として薬剤耐性を顕著に強化してしまう可能性が考えられる。このようなことから、今後も引き続きCREにおけるβラクタマーゼ遺伝子の保有状況については注視していく必要がある。

表1 積極的疫学調査で確保した CRE 株 (2015 年 10 月～2017 年 3 月)

菌種	株数
(ア) <i>Enterobacter aerogenes</i>	19
(イ) <i>Enterobacter cloacae</i>	17
(ウ) 上記以外の <i>Enterobacter</i> 属	16
(エ) <i>Klebsiella pneumoniae</i> (肺炎桿菌)	29
(オ) <i>Klebsiella oxytoca</i>	6
(カ) <i>Escherichia coli</i> (大腸菌)	18
(キ) <i>Citrobacter freundii</i>	8
(ク) <i>Serratia marcescens</i>	8
(ケ) <i>Proteus mirabilis</i>	2
(コ) <i>Providencia rettgeri</i>	1
合計	124

表2 CREから検出されたβラクタマーゼ遺伝子 (全菌種)

βラクタマーゼ分類	遺伝子	検出数 (回)
クラスA-βラクタマーゼ 遺伝子 (KPC型を除く)	TEM型	24
	SHV型	29
	CTX-M-1 group	15
	CTX-M-2 group	7
	CTX-M-9 group	13
カルバペネマーゼ遺伝子 (クラスB-βラクタマーゼ、 ただしKPC型はクラスA、 OXA-48型はクラスD)	NDM型	4
	IMP-1型	48
	IMP-2型	1
	VIM-2型	0
	KPC型	0
	OXA-48型	1
プラスミド性AmpC- βラクタマーゼ遺伝子 (クラスC-βラクタマーゼ)	MOX型	0
	DHA型	2
	ACC型	0
	CIT型	7
	FOX型	0
	EBC型	16

表3 CREから検出されたβラクタマーゼ遺伝子（菌種ごと）

遺伝子	検出回数（回）				
	<i>E. aerogenes</i> (19株)	<i>E. cloacae</i> (17株)	その他の <i>Enterobacter</i> (16株)	<i>K. pneumoniae</i> (29株)	<i>K. oxytoca</i> (6株)
TEM	0	0	0	14	2
SHV	0	1	0	27	1
CTX-M-1	0	1	1	6	0
CTX-M-2	0	0	0	4	1
CTX-M-9	0	0	0	3	0
NDM	0	0	1	0	0
IMP-1	1	10	5	16	5
IMP-2	0	0	0	1	0
VIM-2	0	0	0	0	0
KPC	0	0	0	0	0
OXA-48	0	0	0	1	0
MOX	0	0	0	0	0
DHA	0	0	0	2	0
ACC	0	0	0	0	0
CIT	0	0	0	0	0
FOX	0	0	0	0	0
EBC	2	5	9	0	0

遺伝子	検出回数（回）				
	<i>E. coli</i> (18株)	<i>C. freundii</i> (8株)	<i>S. marcescens</i> (8株)	<i>P. mirabilis</i> (2株)	<i>P. rettgeri</i> (1株)
TEM	7	0	1	0	0
SHV	0	0	0	0	0
CTX-M-1	6	0	0	0	0
CTX-M-2	2	0	0	0	0
CTX-M-9	10	0	0	0	0
NDM	3	0	0	0	0
IMP-1	6	4	0	0	1
IMP-2	0	0	0	0	0
VIM-2	0	0	0	0	0
KPC	0	0	0	0	0
OXA-48	0	0	0	0	0
MOX	0	0	0	0	0
DHA	0	0	0	0	0
ACC	0	0	0	0	0
CIT	0	5	0	2	0
FOX	0	0	0	0	0
EBC	0	0	0	0	0

表 4 同時に検出された  $\beta$  ラクタマーゼ遺伝子の組み合わせ (*E.coli*、*K.pneumoniae*)

菌種	遺伝子同時保有数	検出された遺伝子
<i>E. coli</i>	3遺伝子同時	TEM + CTX-M-9 + IMP-1 (2株)
		TEM + CTX-M-2 + IMP-1 (1株)
		TEM + CTX-M-9 + NDM (1株)
		TEM + CTX-M-1 + CTX-M-9 (1株)
	2遺伝子同時	CTX-M-1 + CTX-M-9 (3株)
		CTX-M-2 + IMP-1 (1株)
		TEM + IMP-1 (1株)
		TEM + CTX-M-9 (1株)
<i>K. pneumoniae</i>	4遺伝子同時	TEM + SHV + CTX-M-1 + IMP-1 (1株)
		TEM + SHV + CTX-M-2 + IMP-1 (1株)
		TEM + SHV + CTX-M-1 + OXA-48 (1株)
	3遺伝子同時	TEM + SHV + IMP-1 (3株)
		TEM + SHV + CTX-M-1 (3株)
		SHV + CTX-M-2 + IMP-1 (2株)
		TEM + CTX-M-2 + IMP-1 (1株)
		SHV + CTX-M-1 + IMP-1 (1株)
		SHV + CTX-M-9 + IMP-2 (1株)
		SHV + CTX-M-9 + DHA (1株)
	TEM + SHV + DHA (1株)	
	2遺伝子同時	SHV + IMP-1 (6株)
		TEM + SHV (3株)
SHV + CTX-M-9 (1株)		

## -第5号-

# エルシニアによる集団感染事例と豚肉からのエルシニア検出状況

東京都健康安全研究センター 微生物部  
食品微生物研究科 井田 美樹

### 1. 経口感染するエルシニア症

エルシニア属菌は腸内細菌科に属するグラム陰性桿菌で、中でもエルシニア・エンテロコリチカ (*Yersinia enterocolitica*) およびエルシニア・シュードツベルクローシス (*Y. pseudotuberculosis*) は、ヒトにおいて経口的に感染し、胃腸炎などを起こす。両菌種とも至適発育温度は 25-30℃であるが、低温 (0-4℃) 条件下での発育も可能である。これらの菌はブタの扁桃や腸管に保菌されるほか、シカ、イノシシ、ネズミなどの野生動物、イヌやネコなどのペットのふん便、河川水などからの分離が報告されている。

### 2. エルシニア・エンテロコリチカ

エルシニア・エンテロコリチカは、わが国では 1971 年に散発性腸炎患者から初めて分離された<sup>1)</sup>。1972 年以降、本菌による集団食中毒事例が相次いで発生し(表 1)、1982 年には厚生省 (当時) により、カンピロバクター、ナグビブリオ、ウエルシュ菌などとともに食中毒菌として指定された。臨床症状は腹痛、下痢、嘔気、嘔吐などの胃腸炎症状を主徴とし、発熱、頭痛、咽頭痛などのかぜ様症状を伴うこともある。また、右下腹部痛・嘔気・嘔吐から虫垂炎と診断される場合もある。

本菌は菌体抗原 (O 抗原) による血清群や生化学性状による生物型で分類される。ヒトに病原性を示す血清型は、O3 群・生物型 3 または 4、O5,27 群・生物型 2、O8 群・生物型 1B、O9 群・生物型 2 が多い。国内で 2000 年以前に発生した集団食中毒起因菌の血清型は O3 群が 13 事例、O5,27 群が 2 事例であった。しかし、2000 年以降に発生した集団食中毒 7 事例の血清型は、すべて強病原性株と言われている O8 群であった。

### 3. エルシニア・シュードツベルクローシス

エルシニア・シュードツベルクローシスによる臨床症状は腹痛、下痢などの胃腸炎症状のほか、発熱、発疹などの多彩な全身症状を呈する。特に幼児では高熱、胃腸炎症状、発疹、紅斑、口唇紅潮、イチゴ舌、四肢落屑、結膜充血、頸部リンパ節腫脹、心冠動脈拡張、腎不全などの症状を示す場合がある。これらの症状か

ら、川崎病との関連が指摘されている。エルシニアの鑑別には血清抗体価測定が有効であるが、国内での検査実施機関は少ない。

本菌の発症菌量は少ないと考えられており、食品媒介が疑われる集団感染事例も散見される (表 2)。エルシニア・シュードツベルクローシスは O 血清群により 21 種類に分類され、その中でヒトに病原性を示すと考えられる血清型は 1a、1b、2a、2b、2c、3、4b、5a、5b、6、10 および 15 群である<sup>2,3)</sup>。

### 4. 豚肉からの病原性エルシニア・エンテロコリチカおよびエルシニア・シュードツベルクローシス検出状況

国内で調査された豚肉からの病原性エルシニア・エンテロコリチカおよびエルシニア・シュードツベルクローシスの検出状況<sup>4,10)</sup>を、表 3 にまとめた。各々の調査により検査した部位や検査法は異なっており、陽性率は 0.1%~58%であった。検出された病原性エルシニア・エンテロコリチカの血清型は O3 群、O5 群、O9 群であり、近年の集団食中毒の主要血清型である O8 群は検出されていない。

病原性エルシニア・エンテロコリチカ O8 群は、ブタ腸管内容物から 1991 年に分離された報告があり<sup>11)</sup>、シカ<sup>12,13)</sup>やネズミ<sup>14)</sup>などの野生動物からの検出も報告されている。

当センターにおいて豚内臓肉を検査した結果<sup>9,10)</sup>、同一検体から病原性エルシニア・エンテロコリチカおよびエルシニア・シュードツベルクローシスが同時に分離され、また、様々な血清型の菌が検出されるなど、豚内臓肉は複数のエルシニアに汚染されている場合も多いことが明らかとなった。さらに検出されたエルシニア・シュードツベルクローシスの血清型は、1 群~6 群と多彩で、病原性に関与すると言われている血清群も含まれていた。

以上の調査結果から、豚肉は病原性エルシニア・エンテロコリチカおよびエルシニア・シュードツベルクローシスに汚染されているリスクがあり、特に豚タンなどの内臓肉の汚染率は高いため、豚肉を取扱う際には注意が必要であると考えられた。エルシニアは低温増殖性があるため、冷蔵庫を過信しすぎないことも重要である。また、調理をする際には食材ごとに調理器具を分けるなど二次汚染防止に留意することが必要である。一方で、エルシニアは 70℃で死滅することから、十分に加熱すれば健康被害を防ぐことが可能と考えられる。

参考文献

- 1) Zenyoji H. *et al.*: Jap. J. Microbiol., 16, 493-500, 1972.
- 2) Hayashidani, H: Jap. J. Food Microbiol., 33, 175-181, 2016.
- 3) 林谷秀樹ら：モダンメディア, 51, 211-216, 2005.
- 4) Asakawa Y. *et al.*: Contrib Microbiol Immunol., 5, 115-121, 1979.
- 5) Fukushima H. *et al.*: Appl. Environ Microbiol., 50, 710-712, 1985.
- 6) 金子誠二ら：東京都立衛生研究所研究年報, 37, 136-140, 1986.
- 7) Shiozawa K. *et al.*: Contrib Microbiol Immunol., 9, 30-40, 1987.
- 8) Fukushima H. *et al.*: Int. J. Food Microbiol., 35, 205-212, 1997.
- 9) 下島優香子ら：第26回地研全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会, 2014.
- 10) 福井理恵ら：第37回日本食品微生物学会学術総会, 2016.
- 11) 大友良光ら：メディアサークル, 41, 8-13, 1996.
- 12) 東京都, 平成16-17年度 野生シカ疾病等調査結果
- 13) 長野県, 平成18年度 ニホンジカ疾病等基礎調査結果
- 14) Inuma Y. *et al.*: J. Clin. Microbiol., 30, 240-242, 1992.

表1 エルシニア・エンテロコリチカ集団感染事例(文献<sup>2)</sup>を元に作成)

No.	発生前年	発生場所	患者数	推定原因食品	血清群	生物型
1	1972	静岡県 学校	188	給食	O3	4
2	1972	静岡県 学校	544	給食	O3	4
3	1972	栃木県 学校	198	給食	O3	4
4	1974	京都府 学校	298	給食	O3	4
5	1975	宮城県 学校	145	給食	O3	4
6	1978	宮城県 学校	336	給食	O3	4
7	1979	宮城県 養護施設	6	給食	O3	4
8	1979	広島県 学校	184	給食	O3	4
9	1980	沖縄県 学校	1051	加工乳	O3	4
10	1981	岡山県 学校	641	不明	O3	4
11	1984	島根県 学校	102	給食	O3	4
12	1988	三重県 寮	25	寮食事	O5,27	2
13	1989	三重県 不明	19	弁当	O5,27	2
14	1994	青森県 公園	52	わき水	O3	不明
15	1997	徳島県 弁当屋	66	不明	O3	不明
16	2004	奈良県 学校	40	リンゴサラダ	O8	1B
17	2012	富山県 家庭	4	簡易水道水	O8	不明
18	2012	長野県 旅館	39	旅館の食事	O8	1B
19	2012	岩手県 旅館	92	旅館の食事	O8	不明
20	2013	東京都 寮	52	野菜サラダ	O8	1B
21	2014	山形県 仕出屋	16	仕出弁当	O8	不明
22	2016	北海道 飲食店	72	食堂提供飲食物	O8	不明

表2 エルシニア・シュードツベルクローシス集団感染事例(文献<sup>2)</sup>を元に作成)

No.	発生年	発生場所		患者数	推定原因食品	血清型
1	1977	広島県	中学校	57	不明	5b
2	1977	岐阜県	幼稚園	82	不明(水?)	1b
3	1981	岡山県	小学校	188	野菜ジュース	5a
4	1982	岡山県	市街地住民	47	サンドイッチ	5b
5	1982	岡山県	山間部住民	140	谷川水	4b, 2c
6	1984	三重県	中学校	35	焼肉(飲食店)	5a
7	1984	三重県	家庭	4	焼肉(飲食店)	5a
8	1984	和歌山県	小学校・保育園	63	井戸水、谷川水	3
9	1984	岡山県	山間部住民	11	谷川水	4b
10	1985	島根県	小学校・幼稚園	8	不明	4b
11	1985	新潟県	小学校	60	不明	4b
12	1986	千葉県	小学校	518	不明	4b
13	1987	広島県	山間部住民	5	井戸水	3
14	1988	長野県	山間部住民	34	湧き水	3
15	1991	青森県	小・中学校	732	給食	5a
16	2011	静岡県	小学校	7	不明	5a

表3 豚肉からの病原性エルシニア検出状況

報告年	種別	供試数	陽性検体数(%)				文献
			<i>Y. e.</i>			<i>Y. p.</i>	
			O3	O5	O9		
1979	豚肉	300	2 (0.7)	1 (0.3)		4	
1985	豚挽肉	125	5 (4.0)		1 (0.8)	5	
1986	豚肉	103	2 (1.9)			6	
1987	豚肉	70	21 (30.0)		3 (4.2)	7	
1987	豚タン	50	18 (36.0)		1 (2.0)	7	
1997	豚肉	1278	30 (2.3)	7 (0.5)	1 (0.1)	8	
2014	豚肉	221		1 (0.5)		9	
2014	豚タン	12	7 (58.3)		2 (16.6)	9	
2016	豚タン	41	21 (51.2)		4 (9.8)	10	

*Y. e.*: エルシニア・エンテロコリチカ, *Y. p.*: エルシニア・シュードツベルクローシス

## 病原体レファレンス事業に基づく病原体等の収集と解析結果(2016年度)

### 東京都健康安全研究センター 微生物部

食品微生物研究科 小西 典子、赤瀬 悟

病原細菌研究科 奥野 ルミ

ウイルス研究科 長谷川道弥

病原体レファレンス事業は、都内で発生する感染症の病原体等を積極的に収集し、病原体の性状や遺伝子を比較・解析することにより流行型の血清型や薬剤耐性、遺伝子変異等を把握し監視していくことを目的としている。本事業では、医療機関や保健所等の協力により主として感染症法では収集体制が確保されていない病原体の収集と、積極的疫学調査において麻しん検査を行った結果、麻疹ウイルスが陰性の場合に他のウイルス検査を行う類症鑑別診断を実施している。

### 1. 協力医療機関から収集した病原体の解析

医療機関等の協力により、カンピロバクター、大腸菌、エルシニア、レンサ球菌、黄色ブドウ球菌、髄膜炎菌等を収集している。2016年度に都立病院及び都保健医療公社病院から送付された病原体(菌株)は、表1のとおりである。また、各病原体の種類・解析結果は以下のとおりである。

#### 1) カンピロバクター

カンピロバクター属菌として送付された菌株は130株で、その内訳は *Campylobacter jejuni* 113株(86.9%)、*C. coli* 14株(10.8%)および *C. fetus* 3株(2.3%)であった。*C. jejuni* 1株、*C. coli* 1株および *C. fetus* 2株は血液由来、*C. jejuni* 1株および *C. coli* 1株は大腸粘膜由来、*C. coli* 1株は消化器由来、その他123株(94.6%)は糞便由来であった。

*C. jejuni* の血清型別方法は、これまで易熱性抗原の免疫学的特異性により型別するLior法で行ってきたが、今年度からは耐熱性抗原を標的抗原として型別するPenner法により実施した。血清型は、型別不能の71株を除き13種類に型別された(型別率 37.2%)。検出頻度の高い血清型は、D群: 11株(9.7%)、O群: 6株(5.3%)、L群: 5株(4.4%)、Y群: 4株(3.5%)、R群: 4株(3.5%)、その他

12株(10.6%)であった(表2)。

#### 2) 大腸菌

下痢症患者由来の大腸菌は310株搬入された。このうち毒素原性大腸菌(ETEC)は19株(6.1%)であり、血清型および毒素型により6種類に分類された(表3)。最も多く検出されたO血清群はO169(7株)で、次いでO159(4株)、O6およびO15(各3株)、O25(2株)であった。ETECが検出された患者は、全て海外渡航歴が認められ、推定感染地はタイ、ベトナム、インド等であった。

#### 3) サルモネラ

サルモネラは44株搬入され、17種類の血清型に分類された。最も多い血清型はO4群Chester(9株)、次いでO9群Enteritidis(8株)、O4群StanleyvilleおよびO7群Infantis(各4株)であった(表4)。

海外での感染が推定されたのはO4群Agona(インド)、O4群Reading(南アフリカ)、O8群Kentucky(インド)、O9群Enteritidis(アフリカ、マレーシア)であった。

搬入された株についてアンピシリン(ABPC)、セフトキシム(CTX)、ゲンタマイシン(GM)、カナマイシン(KM)、ストレプトマイシン(SM)、テトラサイクリン(TC)、クロラムフェニコール(CP)、ST合剤(ST)、ナリジクス酸(NA)、シプロフロキサシン(CPFX)、ノルフロキサシン(NFLX)、オフロキサシン(OFLX)、ホスホマイシン(FOM)、スルフィソキサゾール(Su)を用いた薬剤感受性試験を実施した。その結果、いずれか1剤以上に耐性を示した株は16株(36.4%)であった(表5)。

#### 4) エルシニア

*Yersinia* 属菌は18株搬入された。このうち *Y. enterocolitica* は17株、*Y. pseudotuberculosis* は1株であった。*Y. enterocolitica* の血清型はO3群が7株、O8群は9株、O9群は1株で、*Y. pseudotuberculosis* の血清型は3群であった。推定感染地は、国内が6株、不明は12株であった。

#### 5) レンサ球菌

レンサ球菌は31株搬入され、その内訳はA群

が14株、B群が11株、G群が4株、肺炎球菌が2株であった。

A群レンサ球菌はすべて *Streptococcus pyogenes* であり、そのT血清型は1型が4株、11型3株、12型及び13型各2株、3型、B3264型及び型別不能が各1株であった。発熱性毒素産生性ではB産生株10株、B+C産生株3株、A+B+C産生株1株であった。

B群レンサ球菌 (*S. agalactiae*) 11株の血清型は、Ⅲ型：4株、V型：2株、Ia、Ib及びVI型が各1株、型別不能が2株であった。また、G群レンサ球菌4株は、全て *S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* であった。

肺炎球菌2株の血清型は、肺炎患者から分離された23A型と、敗血症患者から分離された22F型であった。

#### 6) 黄色ブドウ球菌

黄色ブドウ球菌については90株搬入され、メチシリン耐性黄色ブドウ球菌 (MRSA) は37株、メチシリン感受性黄色ブドウ球菌 (MSSA) は53株であった (表6)。

MRSAのコアグララーゼ型 (コ型) はⅢ型が最も多く18株、次いでⅦ型13株等であった。毒素産生株はSEA単独産生株及びSEC+TSST-1産生株がそれぞれは6株ずつで最も多かった。SEA単独産生株すべてのコ型がⅦ型であり、SEC+TSST-1産生株6株中4株のコ型は、Ⅲ型であった。

MSSAについては、53株のコ型はⅦ型が最も多く15株、次いでⅣ型が13株、Ⅲ型が9株、Ⅴ型が7株、Ⅵ型が5株等であった。毒素産生株ではSEA単独産生株が最も多く7株、次いでSEA+

TSST-1産生株が6株、SEC+TSST-1産生株が5株であった。SEA単独及びSEA+TSST-1産生株のコ型は、Ⅳ型が最も多くそれぞれ5株と6株であった。一方、毒素非産生株では、MRSAが37株中17株(45.9%)であり、MSSAでは53株中26株(49%)であった。

#### 7) 髄膜炎菌

髄膜炎菌は、1株搬入されPCR法による血清型別を実施した結果、B群であった。

#### 8) その他

百日咳菌2株に加え、薬剤耐性緑膿菌1株、カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) 39株、その他同定検査依頼が28株搬入された。なお、CRE32株及び同定検査依頼6株については、次世代シーケンサーによる解析を行った。

## 2. 麻しんウイルス検査 (積極的疫学調査) 陰性例の他のウイルス検査

2010年 (平成22年) 12月1日から積極的疫学調査として麻しんウイルス検査を実施している。2011年11月1日からは、本事業として麻しん陰性例を対象に類症鑑別検査 (風しんウイルス、ヒトパルボウイルス、2歳以下についてはヒトヘルペスウイルス検査を追加) を実施している。

2016年度は、143件の麻しん陰性例について検査を行った。その結果、風しんウイルスが2検体、ヒトヘルペスウイルスが10検体 (6型：9検体、7型：2検体 (重複感染を含む))、ヒトパルボウイルス B19 が2検体から検出された。

表 1. 対象病原体(2016年4月～2017年3月)

病 原 体	菌株数
カンピロバクター	130
大腸菌(下痢症患者由来株) <sup>1)</sup>	310
サルモネラ	44
ビブリオ・バルニフィカス	0
エルシニア	18
リステリア	0
レンサ球菌 <sup>2)</sup>	31
黄色ブドウ球菌 <sup>3)</sup>	90
髄膜炎菌 <sup>4)</sup>	1
百日咳	2
その他(薬剤耐性菌、同定依頼等)	68
計	694

1) 腸管出血性大腸菌を除く

2) 劇症型溶血性レンサ球菌を除く

3) 感染症由来株を除く

4) 髄膜炎由来株を除く

表 2. 散発患者由来 *C. jejuni* の血清型 (Penner 法)

血清型	菌株数	(%)
D群	11	( 9.7 )
O群	6	( 5.3 )
L群	5	( 4.4 )
Y群	4	( 3.5 )
R群	4	( 3.5 )
その他	12	( 10.7 )
UT	71	( 62.9 )
計	113	( 100 )

UT:型別不能

表 3. 検出された毒素原生大腸菌

血清型	産生毒素	菌株数	渡航歴
O6 : H16/NM	LT+ST	2	タイ, インド
O6 : H16	ST	1	タイ
O15 : H18/NM	ST	3	ウズベキスタン, 香港 (2)
O25 : NM	ST	2	フィリピン, インド
O159 : H20/H34	ST	4	ベトナム, タイ, レバノン, インド
O169 : H41/NM	ST	7	ベトナム (4), タイ, インド, バリ島
計		19	

表 4. サルモネラの血清型

O群	血清型	菌株数	O群	血清型	菌株数
O4	Chester	9	O7	Infantis	4
O4	Stanleyville	4	O7	Thompson	1
O4	Schwarzengrund	3	O8	Blockley	1
O4	i : -	3	O8	Kentucky	1
O4	Typhimurium	2	O8	Newport	1
O4	Saintpaul	2	O9	Enteritidis	8
O4	Agona	1	O3,10	Anatum	1
O4	Reading	1	O17	Matadi	1
O4	Sandiego	1	計		44

表 5. 薬剤耐性を示したサルモネラの血清型と薬剤耐性パターン

O群	血清型	薬剤耐性パターン	推定感染地	菌株数
O4	Schwarzengrund	KM, SM, TC, Su	国内/不明	3
O4	i : -	ABPC, SM, TC, NA, Su	国内/不明	2
O4	i : -	ABPC, SM, TC, Su	国内	1
O4	Typhimurium	SM, Su	国内	1
O4	Typhimurium	ABPC, KM	国内	1
O7	Infantis	TC	不明	1
O7	Infantis	ABPC, SM, TC, Su	不明	1
O7	Infantis	KM, SM, TC, Su, SM, TC, NA, ST, Su	国内	1
O8	Kentucky	GM, SM, TC, CPF, NA, OFLX, NFLX, Su	インド	1
O8	Blockley	ABPC, CTX, KM, SM, TC, CP	国内	1
O9	Enteritidis	NA	アフリカ/不明	3
合計				16

表 6. 黄色ブドウ球菌のコアグラーゼ型と毒素産生性

① MRSA

毒素型	コアグラーゼ型						計
	I	II	III	V	VII	UT	
SEA <sup>1)</sup>					6		6
SEB					1		1
SEC					2		2
SED		2					2
SEA+SEB					1		1
SEC+TSST-1 <sup>2)</sup>		1	4			1	6
SEA+SEB+TSST-1			1				1
SEB+SEC+TSST-1					1		1
(-)	1		13	1	2		17
計	1	3	18	1	13	1	37

② MSSA

毒素型	コアグラーゼ型								計
	II	III	IV	V	VI	VII	IX	UT	
SEA		1	5			1			7
SEB						3			3
SEC						2			2
SEA+SEB						1			1
SEA+TSST-1			6						6
SEC+TSST-1		3				2			5
TSST-1			1						1
EXT <sup>3)</sup> A				2					2
(-)	2	5	1	5	5	6	1	1	26
計	2	9	13	7	5	15	1	1	53

1) SE : staphylococcal enterotoxin

2) TSST : toxic shock syndrom toxin

3) EXT : exfoliative toxin

## 2016/2017シーズンの東京都におけるインフルエンザウイルス流行状況(2017年6月現在)

東京都健康安全研究センター 微生物部  
ウイルス研究科 根岸あかね、長島真美

### 1. はじめに

インフルエンザウイルスは、冬季を中心に流行する急性呼吸器疾患の原因となるウイルスの一つである。オルトミクソウイルス科に属するエンベロープ (+) で、マイナス鎖の一本鎖RNAを持つウイルスとして分類されている。インフルエンザウイルスは核タンパク質およびマトリックスタンパク質の抗原性の違いからA,B,Cの3つに分類されているが、主たる流行を起こすのはA型、B型のウイルスである。A型ウイルスはヒト以外の動物にも分布しているウイルスで抗原性の違いからHA (ヘマグルチニン) が16亜型、NA (ノイラミニダーゼ) が9亜型に分けられ、カモ等の水禽類ではHAとNAの組み合わせから理論上全144種類のウイルスが存在するとされている。

近年、季節性インフルエンザとしてヒトの間で流行しているのはA/H3N2、A/H1N1pdm09とB型である。インフルエンザウイルスの流行シーズンは、インフルエンザの流行期を考慮し、第36週(8月末~9月初旬) から翌年の第35週を1シーズンとしている。2016/2017年シーズンのインフルエンザ流行状況として、2016年9月の第36週から2017年6月末の第26週までに搬入された検体の検査状況について報告する。

### 2. 検査対象・方法

検査対象は、主として感染症発生動向調査事業において採取されたインフルエンザ患者およびインフルエンザ様疾患患者の咽頭ぬぐい液または鼻腔ぬぐい液であり、遺伝子検査およびウイルス分離検査を行った。遺伝子検査では、まず全検体でリアルタイムPCR法による検出および型別を行った。さらに、一部の検体でRT-nested PCR法を行い、得られたインフルエンザHA遺伝子の一部断片を用いてダイレクトシーケンスにより塩基配列を決定した。得られた配列は、ワクチン株ウイルスならびに過去に流行したウイルス株の配列と比較し

分子系統樹解析を行った。ウイルス分離検査では、単層培養したMDCK細胞を使用し5%CO<sub>2</sub>下で培養を行った。分離株の性状解析は、国立感染症研究所配布のインフルエンザサーベイランスキット抗血清を用いたHI試験(1.0%モルモット赤血球浮遊液を使用)により行った。

### 3. インフルエンザウイルス検出状況

感染症発生動向調査事業において、499検体が定点医療機関から搬入された。遺伝子検査ではAH3亜型305件(61.1%)が最も多く検出され、次いでB型(Victoria系統55件、Yamagata系統56件)111件(22.2%)、AH1pdm09 7件(1.4%)の計423件(84.8%)が検出された。

クラスターサーベイランスにより搬入された34件においても、AH3亜型29件(85.3%)が最も多く、AH1pdm09 1件(2.9%)、B型Victoria系統1件(2.9%)の計31件(91.2%)が検出された。

ウイルス分離検査では、定点医療機関から搬入された499検体中、AH3亜型が266株(分離率53.3%)、B型(Victoria系統52株、Yamagata系統52株)104株(分離率20.8%)、AH1pdm09 6株(分離率1.2%)が分離された。また、リアルタイムPCR法の検出サイクル数(Ct値)と分離率について検討したところ、Ct値が35未満の検体では分離率は90%程度であったが、Ct値が35以上の検体では分離率は40%程度であった。

### 4. 系統樹解析、分離ウイルスの抗原性状解析

AH1pdm09の流行株は、ワクチン株(A/California/07/2009)とは異なるクレードに属していたが(図1)、HI試験では全ての株でワクチン株と同等の反応性がみられ、抗原性に大きな変異はないと推察された。

AH3亜型の流行株は、ワクチン株(A/Hong Kong/4801/2014)を含む大きなクレードに属していた(図2)。しかし、HI試験では90%以上の株でワクチン株との反応性の低下がみられ(ホモHI価から8倍~256倍の低下)、ワクチン株と流行株との抗原性の相違が推察された。

B型では、Victoria系統、Yamagata系統ともにワクチン株(B/Texas/02/2013、B/Phuket/3073/2013)と同じクレードに属していた(図3)。HI試験での反応性は、Victoria系統、Yamagata系統ともに約

80%の株でワクチン株と同等の反応性がみられ、残り20%の株でワクチン株との反応性の低下がみられた（ホモHI価から8倍～16倍の低下）。

2016/2017シーズンに東京都内で検出されたインフルエンザウイルスは、AH1pdm09、AH3亜型、B型の3種類で、特にAH3亜型が多く検出された。AH3亜型とB亜型の一部の流行株は、抗原解析に

よりワクチン株との相違があることが推察された。2016/2017年シーズンは、例年より早い2016年11月24日に都内でのインフルエンザの流行開始が発表され、2017年5月中旬まで流行が続いた。今後もインフルエンザウイルスの流行株とワクチン株との抗原性について解析し、その動向に注視していく必要がある。

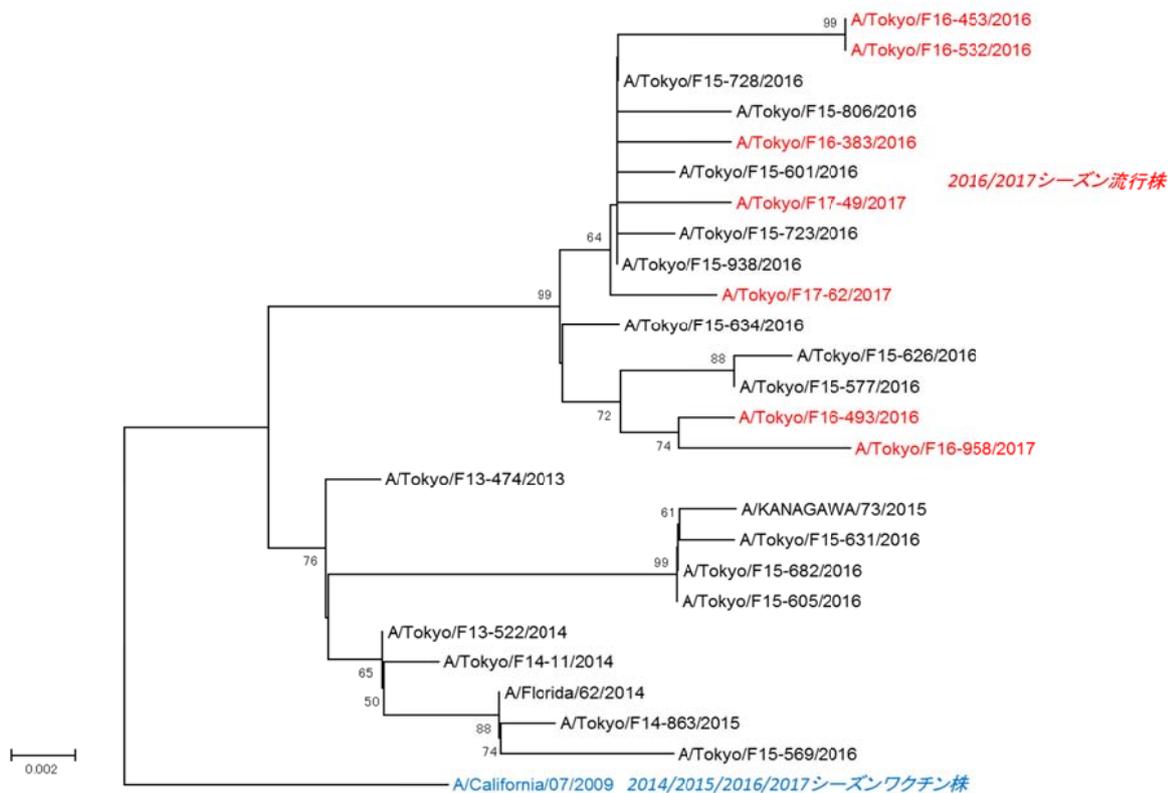


図1. AH1pdm09 インフルエンザウイルスの HA 遺伝子系統樹

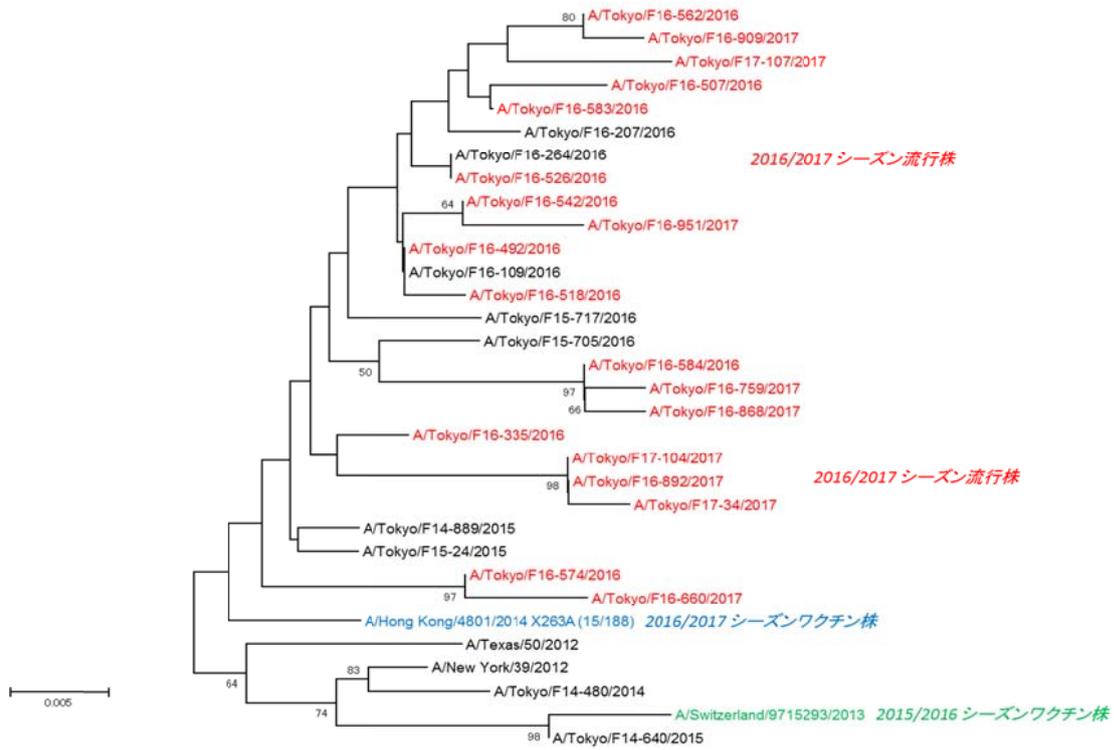


図 2. AH3 亜型インフルエンザウイルスの HA 遺伝子系統樹

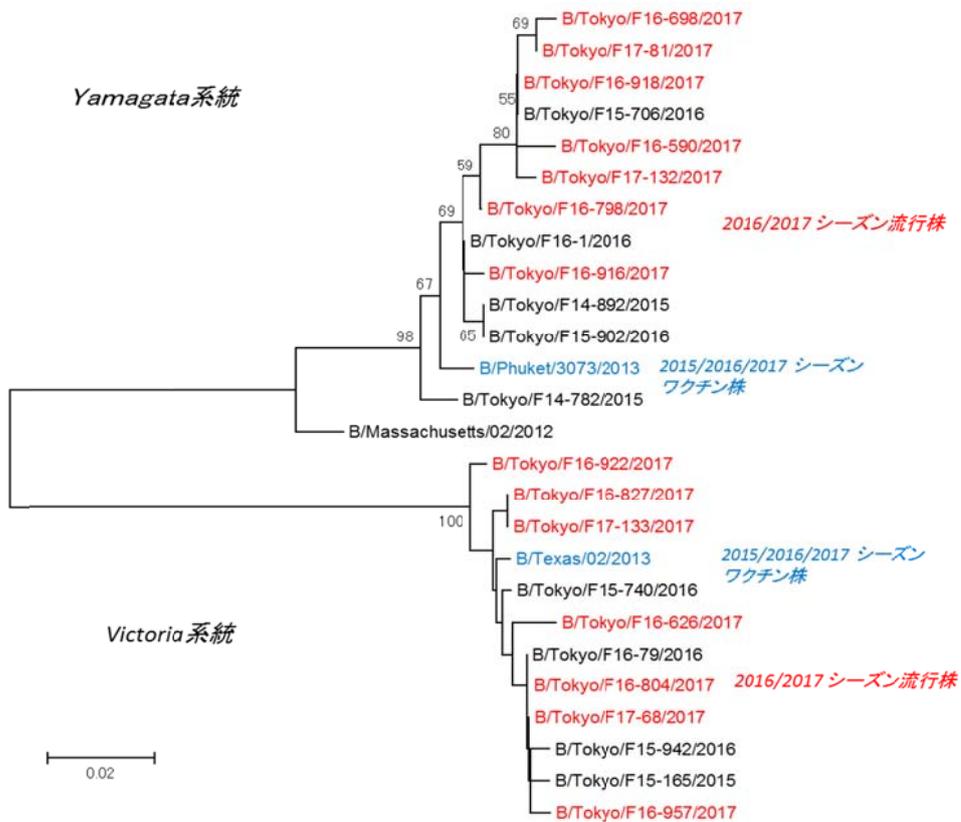


図 3. B 型インフルエンザウイルスの HA 遺伝子系統樹

-第8号-

東京都内の医療機関で劇症型溶血性レンサ球菌感染症患者から分離された *Streptococcus pyogenes* の T 血清型について(2016 年)

東京都健康安全研究センター 微生物部  
病原細菌研究科 奥野 ルミ

*Streptococcus pyogenes* は、小児咽頭炎、化膿性皮膚感染症、中耳炎など日常的にみられる疾患や肺炎、髄膜炎、敗血症、軟部組織壊死など多彩な臨床症状を引き起こす原因菌である。感染症法では、五類定点把握疾患の A 群溶血性レンサ球菌咽頭炎及び五類感染症全数把握対象疾患である劇症型溶血性レンサ球菌感染症(以下劇症型と略)の 2 つの疾病における原因菌として病原体サーベイランスの対象となっている。

東京都における劇症型の届出数は、2015 年から急増し<sup>1)</sup>、本年(2017 年)も 27 週現在で、すでに 47 例の届出があり、全国の届出数の推移にも同様の増加傾向が認められた(図 1)。東京都では、感染症発生動向調査事業へ協力が得られた医療機関で、劇症型患者から分離されたレンサ球菌については積極的疫学調査として菌株を確保し、疫学解析を実施している。また、病原体定点の医療機関で A 群溶血性レンサ球菌感染症患者から分離された *S. pyogenes* について血清型別等を実施している。

2016 年に菌株確保ができた劇症型患者由来株 44 株について表 1 に示した。Lancefield 分類による群別で、最も多かったのは A 群(28 株)であり、次いで G 群(9 株)、B 群(6 株)、群別不能(1 株)の順であった。A 群レンサ球菌 28 株中 26 株は、*S. pyogenes* であり、そ

の T 血清型は、1 型(9 株:34.6%)、B3264 型(5 株:19.2%)、12 型(3 株:11.5%)等であった。

一方、2016 年に咽頭炎患者から分離された 83 株の *S. pyogenes* について実施した T 血清型別の結果は、4 型が最も多く(19 株:22.9%)、次いで 1 型(18 株:21.7%)、12 型(16 株:19.3%)、3 型(14 株:16.9%)等の順であった(表 2)。1 型や 12 型は、劇症型由来及び咽頭炎由来で多くみられたが、咽頭炎で最も多くみられた 4 型は、劇症型では 1 株 3.8%に留まっていた。

過去 5 年間における T 血清型別をみると、劇症型由来株では 1 型(32.6%)に次いで B3264 型(21.1%)、12 型(11.6%)が、咽頭炎由来株では、4 型(23.3%)、12 型(19.2%)、1 型(14.5%) B3264 型(12.3%)などが多くみられていた。年次推移をみると、2013 年以降、劇症型由来株では、1 型に次いで B3264 型の増加が、確認された(図 2)。

劇症型の発症機序、病態生理については未だ不明であり、近年劇症型が増加した要因についても解明されていない。今後も、型別等により流行を把握・監視して行く必要がある。

参考文献

- 1) 奥野ルミ, 東京都微生物検査情報, 37, 22-23, 2016.

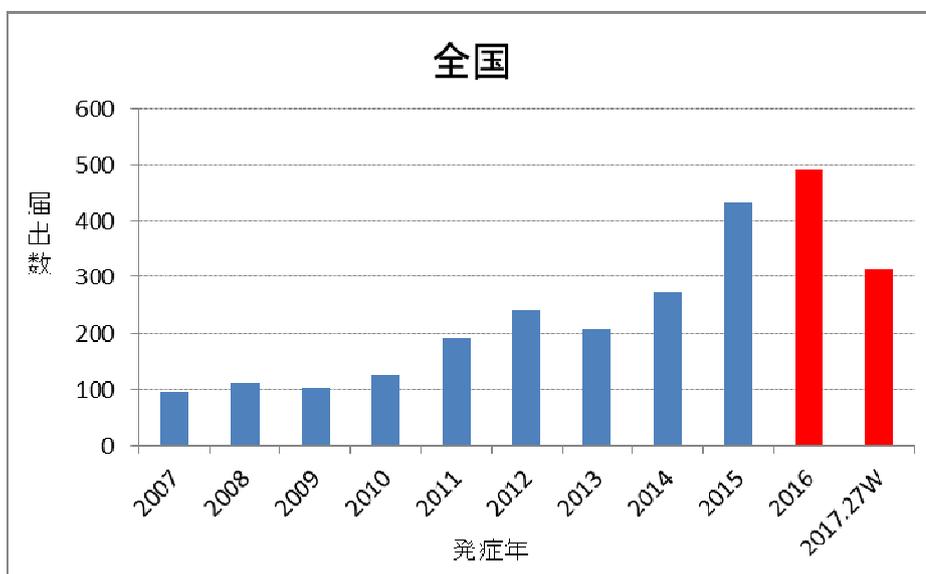
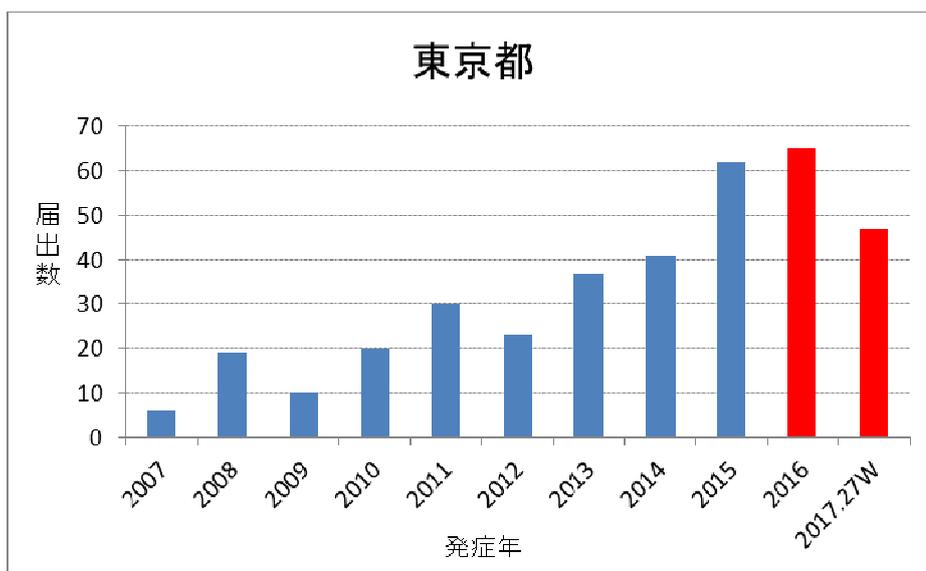


図1. 劇症型溶血性レンサ球菌感染症発生届出数の年次推移

表1. 劇症型溶血性レンサ球菌感染症患者由来株の群別及び菌種名 (2016年：東京都)

菌種名	Lancefield 分類 群別				合計
	A	B	G	型別不能	
<i>S. pyogenes</i>	26				26
<i>S. agalactiae</i>		6			6
<i>S. dysgalactiae ssp. equismilis</i>	2		9		11
<i>S. constellatus</i>				1	1
合計	28	6	9	1	44

表 2. 劇症型及び咽頭炎由来 A 群レンサ球菌 (*S. pyogenes*) T血清型別 (2016 年：東京都)

由来	血清型											合計	
	1	2	3	4	6	11	12	13	25	28	B3264		型別不能
劇症型	9			1	1	2	3	1	1	3	5		26
(%)	(34.6)			(3.8)	(3.8)	(7.7)	(11.5)	(3.8)	(3.8)	(11.5)	(19.2)		(100)
咽頭炎	18	2	14	19	1	1	16		1		9	2	83
(%)	(21.7)	(2.4)	(16.9)	(22.9)	(1.2)	(1.2)	(19.3)		(1.2)		(10.8)	(2.4)	(100)

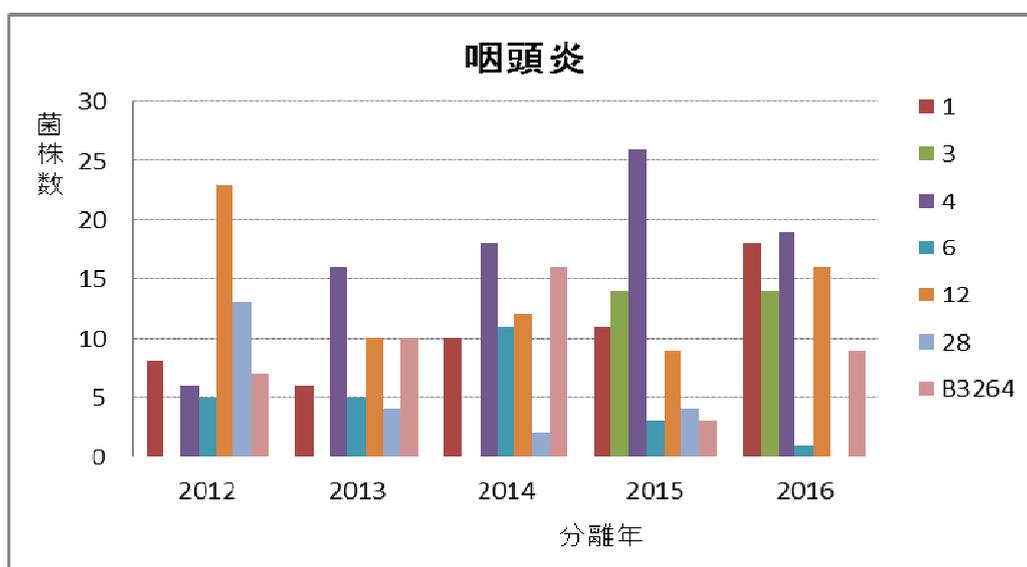
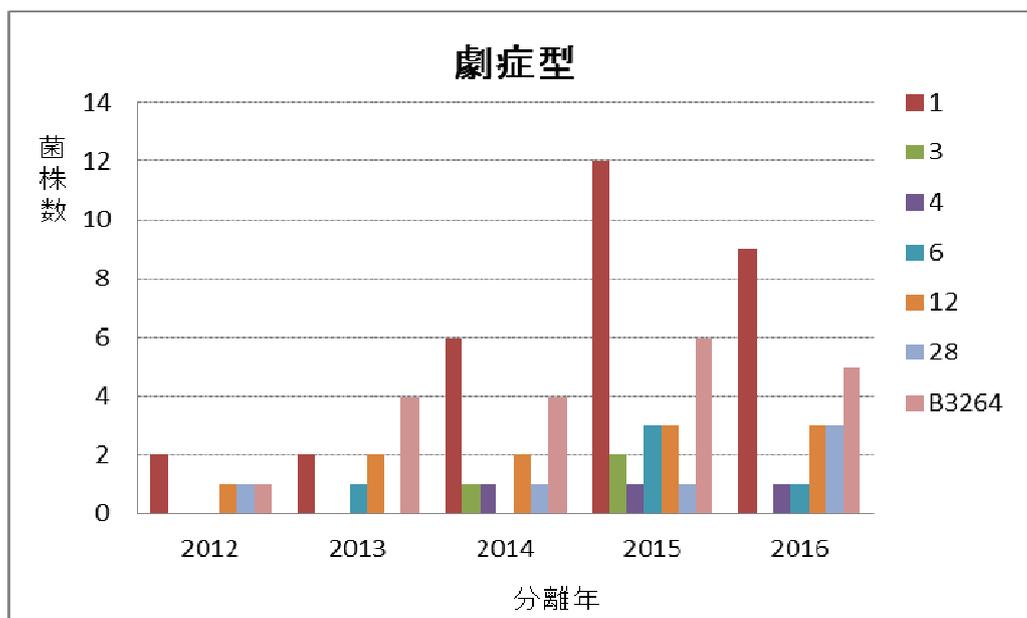


図 2. *S. pyogenes* T血清型別分離菌株数の年次推移

## わが国における蚊が媒介する寄生虫症 -ヒトのディロフィラリア症-

東京都健康安全研究センター 微生物部

鈴木 淳

### 1. はじめに

蚊が媒介しヒトのリンパ管に寄生するフィラリア症として、ヒトを固有宿主とするバンクロフト糸状虫 (*Wuchereria bancrofti*) およびヒト、サル、ネコを終宿主とするマレー糸状虫 (*Brugia malayi*) がよく知られている。わが国においては、かつて九州地域や沖縄地域を中心にバンクロフト糸状虫の感染流行が認められ、また、東京都の八丈小島ではマレー糸状虫への感染が確認されていた。現在では、国内におけるバンクロフト糸状虫およびマレー糸状虫はいずれも根絶され、新たな感染の報告はない。

一方、今日でも国内感染が報告されるフィラリア症は、ディロフィラリア症という人獣共通の寄生虫症で、主にイヌを終宿主とし、イエカ属、ヤブカ属、アノフェレス属などの蚊を中間宿主とするイヌ糸状虫 (*Dirofilaria immitis*) が主な病原体である。本稿では、蚊が媒介する寄生虫症で、いまだヒトの国内感染例が報告されるディロフィラリア症について、その感染状況や検査法などについて概説する。

### 2. 国内のディロフィラリア症の現状

*D. immitis*の成虫は、イヌやネコなどの肺動脈および右心室に寄生し、重度の心不全を引き起こし、感染した個体の突然死の原因となる。一方、ヒトが蚊の刺咬により*D. immitis*に感染した場合、固有宿主ではないヒトでは成虫まで発育できず、*D. immitis*の幼虫が肺に移行した肺ディロフィラリア症、そして皮下、眼、心血管等に移行した肺外ディロフィラリア症といった幼虫移行症の原因となる。はじめて国内で報告された1964年以降、感染例は250例以上で、その約90%が肺ディロフィラリア症であると報告されている<sup>1)</sup>。

*D. immitis*以外にも、終宿主であるイヌやネコなどの皮下に寄生し、イエカ属やヤブカ属などの蚊を中間宿主とする*Dirofilaria repens*がよく知られている。ヒトが感染した場合、幼虫移行症として皮下や眼に移行し、紅斑性の皮下結節や視力障害

などの原因となるだけでなく、稀に*D. repens*はヒトの皮下で成虫にまで発育する場合もある。国内におけるヒトの*D. repens*の感染は、これまで3例の報告<sup>2-4)</sup>がなされているにすぎないが、南ヨーロッパの地中海地域 (例えば、イタリア、スペイン、南フランスなど) においては感染例が多く、イタリアでは298例が報告されている<sup>5)</sup>。その他、*Dirofilaria tenuis*と*Dirofilaria ursi*のヒトへの感染例もわずかながら報告されている。

### 3. *D. immitis*および*D. repens*の同定方法

ヒトのディロフィラリア症の検査は、生検や切開により摘出した組織や虫体からの形態学的検査や遺伝子検査、そして補完的に血清学的検査により行われる<sup>6)</sup>。*D. immitis*と*D. repens*の形態学的な違いは、成虫の横断面においてクチクラ層の厚みが*D. immitis*では10 μm以下であるのに対して、*D. repens*は16-48 μmと厚いのが特徴である(図1)。また、*D. immitis*のクチクラ最外層に全長に対して横軸に細かい線状構造が確認できるのに対して、*D. repens*のクチクラ最外層には、external longitudinal ridge (外部縦走線) という高さ3-4 μmの突起が虫体周囲に100-120の範囲で存在する(図1)。これらの形態的な特徴から、成虫の場合には容易に両者の区別は可能である。しかしながら、ヒトに感染した*Dirofilaria*属線虫の多くは成虫まで成長できないことから、一般には遺伝子検査により種の同定が行われる。現在、*Dirofilaria*属線虫のITS1-5.8S rRNA領域、ミトコンドリア*coxI*遺伝子をターゲットとしたPCRとシーケンス解析が精度の高い同定方法である。

### 4. ディロフィラリア症の検査における問題

*D. immitis*の幼虫は、ヒトの肺動脈に栓塞し肉芽腫を形成する事が多い。そのため、X線撮影で胸部に異常陰影により肺の肉芽腫が肺癌と誤診され、その後の病理診断で寄生虫感染と判明する場合がある。また、ディロフィラリア症が疑われる検査においても、虫体の摘出時に大きく損傷をともなっている場合や摘出した虫体や組織をホルマリン液に保存していた報告例が少なくないこと、疫学的に*D. immitis*と比較して他の*Dirofilaria*属線虫への感染例が少ないことなどから、虫体の形態学的な鑑別や遺伝子レベルの解析が行われずに診断が下されることがある。例えば、イタリアのPampiglioneらにより28個体の*D. immitis*と診断さ

れた虫体の組織病理学的な再検討が行われた結果、17個体が*D. repens*であったという報告<sup>7)</sup>がなされ、*D. repens*の感染流行地においても*D. immitis*と*D. repens*の鑑別が十分に行われていない状況である。

## 5. 国内における感染リスク

東京都動物愛護相談センターとの共同調査において、イヌにおける*D. immitis*の陽性率は、1999年度(平成11年度)から2001年度と比較して2014年度(平成26年度)以降の陽性率が20%以上減少していることが明らかとなり、少なくとも都内におけるヒトへの*D. immitis*の感染リスクは減少していると考えられる(表1)。また、これまで国内のイヌにおける*D. repens*の感染報告例はなく、都内のイヌ・ネコの寄生実態調査においても、検出された虫体が*D. immitis*であったことから、国内におけるヒトのデロフィラリア症は*D. immitis*が原因と推定される。しかしながら、前述のように、ヒトの感染例において虫体の保存状態などが原因で十分な検査が行われていない可能性があること、国内における3例の*D. repens*感染例のうち1例は感染者に海外渡航歴がないことから、*D. repens*の国内感染を完全に否定できないと考えられる。

## 6. 今後の課題

近年、香港においてホルマリン固定虫体のITS1-5.8S rRNA領域、*cox1*遺伝子の配列相同性に基づいた解析により、*Dirofilaria* sp. “hongkongensis”という新たな遺伝子型が報告された<sup>8)</sup>。その後、図2に示したように、*Dirofilaria*属線虫の遺伝子解析例の増加と共に、分子系統樹解析において“hongkongensis”が*D. repens*と同じクラスターに

帰属し、*D. repens*の遺伝的多型の一つであることが明らかとなった。しかしながら、GenBankに登録されている*D. repens*の塩基配列データは十分とはいえ、地理的な遺伝的多型性などを検討するためには、さらなるデータの蓄積が必要と思われる。

国内における蚊媒介の人体寄生虫症は、主に*D. immitis*によるデロフィラリア症であると考えられるが、臨床例における原因寄生虫の遺伝子解析データの蓄積が十分とは言えない。今後、医療機関と共同で遺伝子レベルでの虫体の同定を推進すること、感染源となるイヌ・ネコ等における寄生調査を継続的に実施することが、患者発生時の適切な診断と感染防止につながると考えられる。

## 参考文献

- 1) Akao, N., Trop Med Health., 39, 65-71, 2011.
- 2) MacLean, J.D., et al., Am J Trop Med Hyg., 28, 45-48, 1978.
- 3) 物部寛子 他, 臨床寄生虫誌, 23, 49-52, 2012.
- 4) Suzuki, J., et al., Parasite, 22, 2015.
- 5) Pampiglione, S., et al., Parasitologia, 42, 231-254, 2000.
- 6) Simón, F. et al., Clin Microbiol Rev., 25, 507-544, 2012.
- 7) Pampiglione, S., et al., Histopathology, 54, 192-204, 2009.
- 8) To, K.K., et al., J Clin Microbiol., 50, 3534-3541, 2012.
- 9) 蓮池陽子 他, 動物愛護相談センター調査研究発表会抄録, 42-46, 2017.

表1. イヌ・ネコにおける*Dirofilaria immitis*の虫寄生状況<sup>9)</sup>

年度	イヌ			ネコ		
	検査数	陽性数	陽性率 (%)	検査数	陽性数	陽性率 (%)
1999年度	112	48	42.9	110	0	0.0
2000年度	90	35	38.9	90	0	0.0
2001年度	118	46	39.0	106	0	0.0
2014年度	27	5	18.5	86	0	0.0
2015年度	8	1	12.5	85	0	0.0
2016年度	1	0	0.0	62	1	1.6

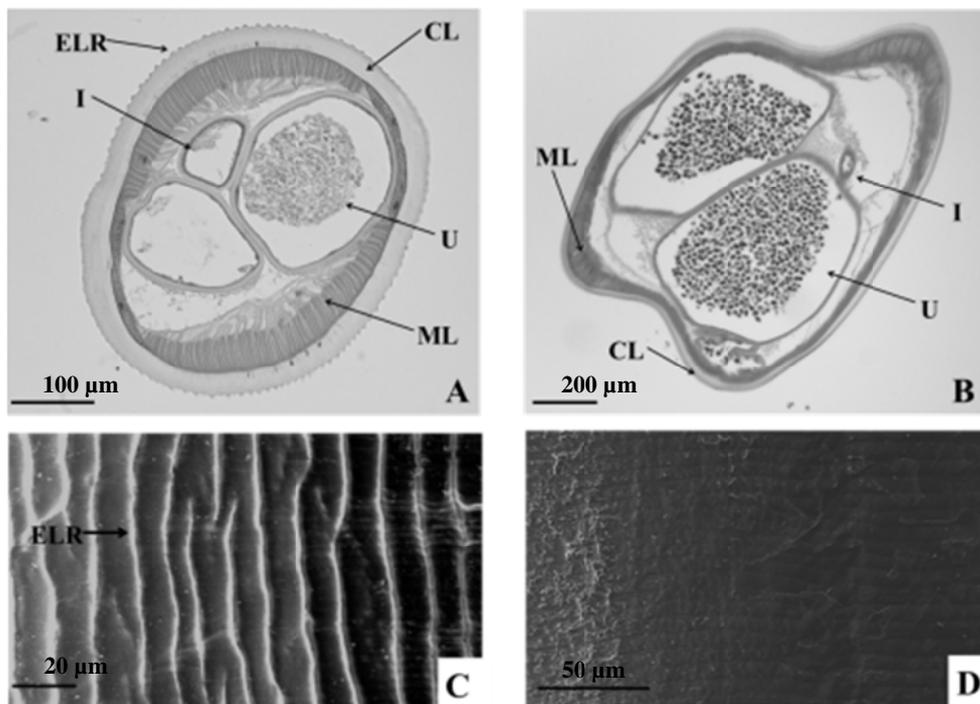


図 1. *Dirofilaria repens* (A, C) と *Dirofilaria immitis* (B, D) の形態<sup>4)</sup>  
 CL, クチクラ層; ELR, External Longitudinal Ridges (外部縦走線);  
 I, 腸管; ML, 筋層; U, 子宮

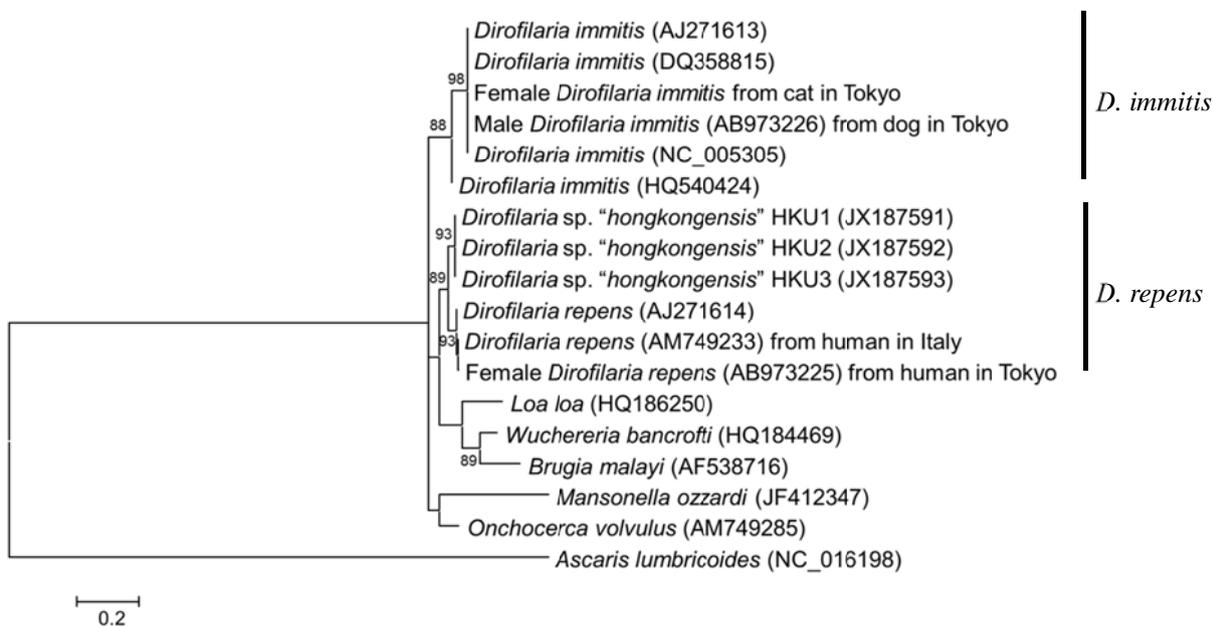


図 2. ミトコンドリア *cox1* 遺伝子の塩基配列に基づいた最尤法による系統樹解析

## 2016年の食中毒発生状況

東京都健康安全研究センター 微生物部  
食品微生物研究科 尾畑 浩魅

2016年(平成28年)に全国及び東京都内で発生した食中毒事件の概要と特徴について、厚生労働省医薬・生活衛生局食品監視安全課並びに東京都福祉保健局健康安全部の資料に基づいて紹介する。

### 1. 全国における食中毒発生状況

食中毒事件の総数は1,139件、患者数は20,252名(死者数14名)であり、事件数は前年比0.95、患者数は前年比0.89であった。そのうち、原因物質不明は27件(2.4%)、患者数322名(1.6%)であった。

事件数を原因物質別に見ると、細菌性食中毒は480件(42.1%)、前年比1.11でやや増加した。原因菌別の第1位は2003年(平成15年)以降14年連続でカンピロバクター339件(29.8%)、以下、黄色ブドウ球菌36件(3.2%)、サルモネラ31件(2.7%)、ウエルシュ菌31件(2.7%)、腸管出血性大腸菌14件(1.2%)、腸炎ビブリオ12件(1.1%)、セレウス菌9件(0.8%)、腸管出血性大腸菌以外の大腸菌6件(0.5%)、エルシニア・エンテロコリチカ1件(0.1%)、その他の細菌が1件(0.1%)であった。その他の細菌1事例は「ブロッコリーのおかか和え」を原因食品とする溶血性レンサ球菌によるものであった。

細菌性食中毒の患者数は7,483名(36.9%)、前年比1.24でやや増加した。患者数の多い原因菌は、カンピロバクター3,272名、次いでウエルシュ菌1,411名であった。1事件あたり患者数500名以上の大規模食中毒は4月に1件東京都(江東区)で発生しており、ゴールデンウィーク中に開催された肉料理のイベントで提供された「鶏ささみ寿司」を原因食品とするカンピロバクターによるもので、患者数は609名であった。このイベントは福岡でも開催されており「鶏ささみ寿司」及び「鶏むね肉のたたき寿司」を喫食した人からカンピロバクターが検出し、患者数は266名であった。

また、広域的な集団食中毒事例として、冷凍メンチカツ(そうざい半製品)を原因食品とした腸

管出血性大腸菌O157による事例が発生し、患者は1都5県で67名に及んだ。当該製品を家庭で調理し、加熱不足の状態で喫食した可能性がある患者も確認されていることから、厚生労働省及び消費者庁は、各自治体や関係する食品団体に「加熱調理を前提とした食品による食中毒の予防について」(生食監発1128第1号、消食表第745号 2016年(平成28年)11月28日)を通知した。

一方、ノロウイルスによる食中毒は事件数354件(31.1%)、患者数11,397名(56.3%)と最も多かったが、前年比は事件数0.74、患者数0.77と減少した。1事件あたり患者数500名以上の大規模食中毒は1件、京都府で11月に発生した旅館の食事を原因とした患者579名の事件であった。

2013年より食中毒病因物質の種別に追加されたアニサキスは124件(10.9%)、クドアは22件(1.9%)であった。化学物質による食中毒は17件(1.5%)、植物性自然毒は77件(6.8%)、動物性自然毒は32件(2.8%)であった。その他の3件はノロウイルス及びカンピロバクター、サルモネラ及びノロウイルスというように病因物質が複数検出された事例であった。

食中毒による死者数は前年より8名増加して14名であったが、そのうち10名は腸管出血性大腸菌O157によるものであった。千葉県と東京都の同系列の老人ホーム2施設で発生した「きゅうりのゆかり和え」を原因食品とする食中毒で各施設それぞれ5名の入居者が亡くなった。他の4名は植物性自然毒(イヌサフラン2名、スイセン1名、トリカブト1名)によるものであった。

### 2. 東京都における食中毒発生状況

都内の食中毒発生状況は、事件数136件(患者数2,309名)であり、2015年の事件数149件(患者数2,258名)と比べ、事件数は0.91で減少、患者数は1.02でやや増加した。食中毒136件中、細菌によるものは55件(40.4%)であった。原因菌ではカンピロバクターが最も多く36件(26.5%)、以下、サルモネラ6件(4.4%)、腸炎ビブリオ、腸管出血性大腸菌、ウエルシュ菌が各4件(2.9%)、黄色ブドウ球菌3件(2.2%)、その他の大腸菌1件(0.7%)であった。細菌性食中毒の患者数は1,212名(51.3%)、前年比2.28で増加した。患者数では、カンピロバクター796名、次いでウエル

シユ菌 148 名、サルモネラ 85 名で、患者数 100 名以上の大規模な事件は前述の通り、「鶏ささみ寿司」を原因としたカンピロバクターによる事例(患者数 609 名)があった。

ノロウイルスによる食中毒は、事件数 51 件 (37.5%)、患者数 1,069 名 (46.3%) と共に最も多く、前年比は事件数 0.91、患者数 0.68 で、ともに前年より減少した。2016 年はノロウイルスによる患者数 100 名以上の大規模な事件は、1 事例(患者数 150 名)のみで、原因食品は社員食堂で提供されたサラダバーであった。

アニサキスによる食中毒は 21 件 (15.4%) 発生

し、前年比 1.62 で増加した。原因食品はしめさばによるものが多かった。クドアによる食中毒の発生は無かった。

化学物質による食中毒は 4 件で全てヒスタミンによるものであった。

植物性自然毒による食中毒は 2 件で、スイセンとチョウセンアサガオによるもの、動物性自然毒による食中毒は 2 件で、貝類のテトラミン(推定も含む)によるものであった。

また、原因物質不明の食中毒は 1 件(患者数 2 名)あり、飲食店で提供された食事が原因で発生した。

表 1. 2016 年の食中毒発生状況

原因物質	全国			東京都		
	事件数 (%)	患者数 (%)	死者数	事件数 (%)	患者数 (%)	死者数
サルモネラ	31 ( 2.7 )	704 ( 3.5 )	—	6 <sup>1)</sup> ( 4.4 )	85 <sup>1)</sup> ( 3.7 )	—
黄色ブドウ球菌	36 ( 3.2 )	698 ( 3.4 )	—	3 ( 2.2 )	26 ( 1.1 )	—
腸炎ビブリオ	12 ( 1.1 )	240 ( 1.2 )	—	4 ( 2.9 )	77 ( 3.3 )	—
腸管出血性大腸菌	14 ( 1.2 )	252 ( 1.2 )	10	4 ( 2.9 )	46 ( 2.0 )	5
その他の病原大腸菌	6 ( 0.5 )	569 ( 2.8 )	—	1 ( 0.7 )	34 ( 1.5 )	—
ウエルシュ菌	31 ( 2.7 )	1,411 ( 7.0 )	—	4 ( 2.9 )	148 ( 6.4 )	—
セレウス菌	9 ( 0.8 )	125 ( 0.6 )	—	— ( )	— ( )	—
エルシニア・エンテロコリチカ	1 ( 0.1 )	72 ( 0.4 )	—	— ( )	— ( )	—
カンピロバクター	339 ( 29.8 )	3,272 ( 16.2 )	—	36 <sup>1)</sup> ( 26.5 )	796 <sup>1)</sup> ( 34.5 )	—
その他の細菌	1 ( 0.1 )	140 ( 0.7 )	—	— ( )	— ( )	—
細菌性総数	480 ( 42.1 )	7,483 ( 36.9 )	10	55 ( 40.4 )	1,212 ( 51.3 )	—
ノロウイルス	354 ( 31.1 )	11,397 ( 56.3 )	—	51 ( 37.5 )	1,069 ( 46.3 )	—
その他のウイルス	2 ( 0.2 )	29 ( 0.1 )	—	— ( )	— ( )	—
アニサキス	124 ( 10.9 )	126 ( 0.6 )	—	21 ( 15.4 )	21 ( 0.9 )	—
クドア・セブテンブクタータ	22 ( 1.9 )	259 ( 1.3 )	—	— ( )	— ( )	—
その他の寄生虫	1 ( 0.1 )	21 ( 0.1 )	—	— ( )	— ( )	—
化学物質	17 ( 1.5 )	297 ( 1.5 )	—	4 ( 2.9 )	26 ( 1.1 )	—
植物性自然毒	77 ( 6.8 )	229 ( 1.1 )	4	2 ( 1.5 )	2 ( 0.1 )	—
動物性自然毒	32 ( 2.8 )	73 ( 0.4 )	—	2 ( 1.5 )	4 ( 0.2 )	—
その他	3 ( 0.3 )	16 ( 0.1 )	—	— ( )	— ( )	—
原因物質不明	27 ( 2.4 )	322 ( 1.6 )	—	1 ( 2.7 )	2 ( 0.1 )	—
合計	1,139 ( 100 )	20,252 ( 100 )	14	136 ( 100 )	2,309 ( 100 )	5

1) 3 事件(患者数 27 名)はサルモネラ及びカンピロバクターとの混合感染(重掲)

-第11号-

## PCR法を用いた *Campylobacter jejuni* の型別法の有用性

東京都健康安全研究センター 微生物部  
食品微生物研究科 赤瀬 悟

### 1. はじめに

*Campylobacter jejuni* (以下 *C. jejuni*) は、下痢症の原因菌として公衆衛生上重要な細菌の一つである。*C. jejuni* の血清型別法は、1985年に *Campylobacter* 国際型別委員会が Lior 法 (スライド凝集反応法)<sup>1)</sup> と Penner 法 (受身血球凝集反応法)<sup>2)</sup> の2種類の型別法を採択・承認した。Lior 法は、菌体表面に存在する鞭毛抗原や K 抗原様物質などの易熱性抗原の免疫学的特性により型別する方法である。一方、Penner 法は、耐熱性を示す菌体抗原 (LOS : Lipooligosaccharide、または K 抗原様物質である PS : Polysaccharide) を標的抗原として型別する方法である。

東京都健康安全研究センターでは、Lior 法による血清型別を行ってきたが、2016年4月より血清型別の結果報告を Penner 法に変更した。また、最近5年間の Penner 法による型別率は29~57%で低下傾向が認められている (図)。なお、*C. jejuni* の血清型別法に関する経緯詳細については、既報<sup>3)</sup>を参照されたい。

### 2. *C. jejuni* の PCR 型別法の検討

近年、大腸菌などで応用されている PCR を用いた型別法が、*C. jejuni* についても2011年に報告された<sup>4)</sup>。本法は Penner 法における血清型関連遺伝子を PCR で検出し型別する方法であり、その後、2015年に型別可能な種類を増やした改良法が報告された<sup>5)</sup>。今回、2017年4月~10月までに病原体レファレンス事業で、都内協力医療機関から当センターへ搬入された散発下痢症患者由来の *C. jejuni* 69

株について、従来の Penner 法および PCR 型別法による型別を試みた (表)。

その結果、Penner 法では69株中20株 (型別率29.0%) と型別率が低かったのに対し、PCR 型別法では69株中65株 (94.2%) と著しく型別率が高いことが判明した。特に、Penner 法で型別不能 (UT) とされていた49株のうち45株が PCR 型別法で型別可能になった。

今回検討した69株の中では、A群 (8株)、B群 (14株)、D群 (17株) および R群 (7株) が多い傾向が認められた。B群14株については、Penner 法ではすべて型別不能であったのに対し、PCR 型別法ではすべて型別可能であった。市販血清 B 群の型別率の低さについては既に指摘されているが<sup>6)</sup>、その原因は明らかにされていない。

今回検証した菌株数は少数ではあるが、今後はさらに集団食中毒事例由来株も含めて比較検討を継続し、本 PCR 型別法の有用性をさらに検証していく必要がある。

### 参考文献

- 1) Lior, H. *et al.*, J. Clin. Microbiol, 15, 761-768, 1982.
- 2) Penner, J, L. *et al.*, J. Clin. Microbiol., 12, 732-737, 1980.
- 3) 横山敬子, 東京都微生物検査情報, 37, 5-8, 2016.
- 4) Poly, F. *et al.*, J. Clin. Microbiol., 49, 1750-1757, 2011.
- 5) Poly, F. *et al.*, PloS ONE, 10, e0144349, 2015.
- 6) 甲斐明美ら, 厚労科研「国内の病原体サーベイランスに資する機能的なラボネットワークの強化に関する研究班」分担研究報告書, 51-56, 2015.

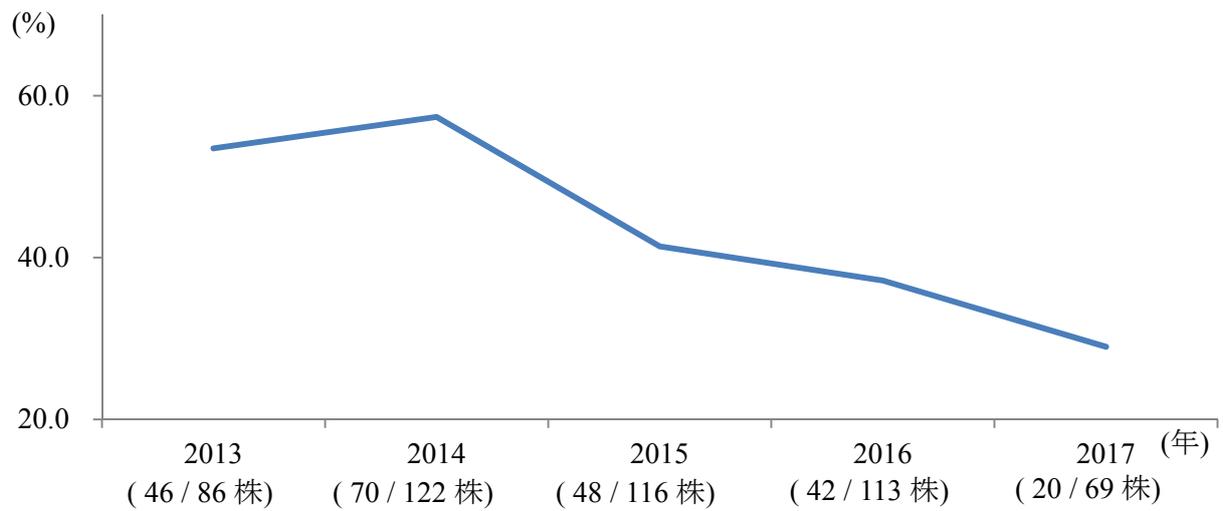


図. Penner 法(従来法)による *Campylobacter jejuni* の型別率の推移(最近 5 年)

表. *Campylobacter jejuni* の Penner 法および PCR 法による型別率  
(2017 年 4~10 月受付分)

	Penner法		PCR型別法	
	菌株数	(%)	菌株数	(%)
型別可能	20	29	65	94.2
型別不能 (UT)	49	71	4	5.8
計	69	100	69	100

-第12号-

## 東京都において分離された赤痢菌の菌種、血清型および薬剤感受性について(2016年)

東京都健康安全研究センター 微生物部  
食品微生物研究科 河村 真保

近年のわが国における細菌性赤痢の発生状況は、年間約 200~300 件、このうち東京都では 40~90 件程度となっており、2016 年は 40 件であった。今回、2016 年に都・区検査機関、都内の病院、登録衛生検査所等並びに東京都健康安全研究センターで分離された赤痢菌を対象に、菌種、血清型および薬剤感受性についてまとめたので、その概略を紹介する。

### 1. 方法

供試菌株は、都内の患者とその関係者の検便から分離された赤痢菌 35 株(海外旅行者由来 28 株、国内事例由来 7 株)である。血清型別は、常法により行った。薬剤感受性試験は、米国臨床検査標準化協会(CLSI: Clinical and Laboratory Standards Institute)の抗菌薬ディスク感受性試験実施基準に基づき、市販の感受性試験用ディスク(センシディスク; BD)を用いて行った。供試薬剤は、クロラムフェニコール(CP)、テトラサイクリン(TC)、ストレプトマイシン(SM)、カナマイシン(KM)、アンピシリン(ABPC)、スルファメトキサゾール・トリメトプリム合剤(ST)、ナリジクス酸(NA)、ホスホマイシン(FOM)、ノルフロキサシン(NFLX)およびセフトキシム(CTX)の 10 剤である。

NA 耐性株については Etest (シスメックス・ピオメリュー)を用いてシプロフロキサシン(CPFX)、レボフロキサシン(LVFX)、オフロキサシン(OFLX)、NFLX の 4 種類のフルオロキノロン系薬剤に対する最小発育阻止濃度(MIC)を測定した。

### 2. 菌種および血清型

赤痢菌は腸内細菌科に属するグラム陰性の桿菌で、ディセンテリー、フレキシネル、ボイド、ソネネの 4 菌種に分けられる。血清型はディセンテリーで 12 種以上、フレキシネルで 12 種以上、ボイドで 18 種以上が知られており、市販の血清型に該当しない、未承認新血清型も報告されている。

今回調査した赤痢菌 35 株の菌種別内訳は、フレキシネル菌 7 株(全て海外由来)、ソネネ菌 28 株(海外 21、国内 7)であった(表 1)。ボイド菌およびディセンテリー菌は検出されなかった。フレキシネル菌の血清型は 1b 型(3 株)、2a 型(2 株)、2b 型(1 株)、88-893(仮称)<sup>1)</sup>(1 株)であった。

### 3. 薬剤感受性

いずれかの薬剤に耐性を示したものは 34 株(97.1%)で、その薬剤別耐性頻度は、ST(85.7%)、SM(82.9%)、TC(77.1%)、NA(54.3%)、ABPC(34.3%)、NFLX(31.4%)、CP(17.1%)、CTX(14.3%)、FOM(2.9%)の順であった。KM に耐性の株は認められなかった。耐性株 34 株の薬剤耐性パターンは 14 種類に分かれた(表 2)。

NA 耐性菌はフルオロキノロン系薬剤に対して低感受性を示し、また、高度耐性に移行しやすいことが問題視されている。今回 NA 耐性を示した 19 株(海外 14、国内 5)について、フルオロキノロン系薬剤に対する MIC を測定した結果、指標となる CPFX では 8 株が低感受性(MIC: 0.125~0.25µg/ml)を示し、残る 11 株は耐性(CPFX: 4~16µg/ml、LVFX: 4~16µg/ml、OFLX: 8~>32µg/ml、NFLX: 16~32µg/ml)であった。CPFX に耐性を示した 11 株は、フレキシネル 2a 型(2 株; インド由来およびアラブ首長国連邦由来)およびソネネ(9 株; インド 4、国内 5)であった。

CTX 耐性はソネネ菌 5 株に認められた。推定感染国はベトナム 4 例、中国 1 例であった。その薬剤耐性パターンは TC・SM・ABPC・ST・NA・CTX が 3 株(全てベトナム由来)、TC・SM・ST・NA・FOM・CTX が 1 株(ベトナム)、SM・ABPC・NA・CTX が 1 株(中国)であった。これら 5 株全てについてクラブラン酸による β-ラクタマーゼ阻害効果が認められたことから、PCR 法により精査した結果、ベトナム由来 3 株は CTX-M-9 型遺伝子(+)、ベトナム由来 1 株は TEM 型と CTX-M-1 型遺伝子(+)、中国由来 1 株は CTX-M-1 型遺伝子(+)であり、5 株とも ESBL 産生菌であることが確認された。

### 4. 国内事例

国内由来株 7 株は全てソネネ菌で、そのうち 3 株は海外渡航歴のある家族からの家庭内感染が疑

われる事例であった。海外との関連が認められない4事例のうち、1事例は患者情報から男性間性的接触 (MSM) が疑われた。また、別の1事例については MSM との情報はないものの、薬剤耐性パターン (TC・SM・ST・NA・NFLX) や国立感染症研究所で実施した Multilocus Variable Number Tandem Repeat Analysis (MLVA) 解析の結果から、2015年に流行した株<sup>2)</sup>に近縁であることが認められた。これらの事例は、何らかの関連あるいは2015年に発生した散発的集団事例が完全には収束していないこと等が推察された。その他2事例については薬剤耐性パターンやMLVA解析結果が異なっており、感染経路につながる情報は得られなかった。

赤痢菌は発症に必要な感染菌量も少なく、また、

食品等からの分離も難しいこともあり、国内感染例は感染源が特定できない例が多い。特に国内事例の感染経路の解明には、迅速な患者情報(性別、年齢、喫食歴、海外渡航歴の有無等)の収集とともに、菌株情報(血清型、薬剤耐性パターン、遺伝子解析結果等)が重要である。今後も赤痢菌の菌種、血清型および薬剤耐性の動向を注意深く監視する必要がある。

#### 参考文献

- 1) 松下秀ら, 感染症誌, 66, 503-507, 1992.
- 2) 河村真保, 東京都微生物検査情報, 37, 19-21, 2016.

表 1. 赤痢菌の菌種・血清型別内訳 (2016年:東京)

菌種	血清型	供試株数
ディセンテリー		0
フレキシネル	1b	3 (3)
	2a	2 (2)
	2b	1 (1)
	88-893(仮称)	1 (1)
ボイド		0
ソンネ		28 (21)
計		35 (28)

( ):海外再掲

表 2. 赤痢菌の薬剤耐性パターン (2016 年:東京)

耐性パターン	フレキシネル	ソネ	計
CP・TC・SM・ABPC・ST・NA・NFLX	1		1
TC・SM・ABPC・ST・NA・NFLX	1		1
TC・SM・ABPC・ST・NA・CTX		3	3
TC・SM・ST・NA・FOM・CTX		1	1
CP・TC・SM・ABPC・ST	2	1	3
TC・SM・ST・NA・NFLX		8	8
CP・TC・SM・ABPC	2		2
TC・SM・ABPC・ST	1		1
TC・SM・ST・NA		3	3
SM・ABPC・NA・CTX		1	1
TC・SM・ST		4	4
SM・ST		1	1
NA・NFLX		1	1
ST		4	4
感受性		1	1
合計	7	28	35

供試薬剤：CP・TC・SM・KM・ABPC・ST・NA・FOM・NFLX・CTX

◆東京都微生物検査情報◆

2018年 2月 20日

編集・発行

東京都健康安全研究センター

〒169-0073

東京都新宿区百人町 3-24-1

TEL:03-3363-3213

FAX:03-5332-7365

S0000786@section.metro.tokyo.jp

<http://idsc.tokyo-eiken.go.jp/>