# と畜場で発見された豚丹毒菌 *Erysipelothrix rhusiopathiae* に関する分子疫学調査

大野祐太[2)] 池田徹也[2)] 清水俊一[1)] 横山光恵[3)] 古﨑洋司[4)]
１）早来食肉衛生検査所　２）北海道立衛生研究所
３）名寄保健所　４）渡島保健所

【はじめに】　昨今、全国的に豚丹毒の発生が増加傾向にあり、早来、帯広、八雲食肉衛生検査所（以下、食検）においても同様に増加傾向にあることから、各食検で分離された豚丹毒菌について調査した。さらに、急性敗血症型豚丹毒で死亡した豚に由来する豚丹毒菌を石狩家畜保健衛生所から供与を受け、道内で発生している豚丹毒の毒性について比較検討した。

【材料および方法】　早来食検、帯広食検、八雲食検、石狩家畜保健衛生所で分離した豚丹毒菌株全 92 株を用いた。薬剤感受性試験は 5 つの抗菌薬 DOXY、OTC、LCM、EM、ABPC の MIC を寒天平板希釈法で測定し、耐性がみられた株について薬剤耐性遺伝子 *tet(M)*、*tet(K)*、*lsa(E)* の有無をリアルタイム PCR で判定した。表層防御抗原タンパク質をコードする *spaA* の可変領域をシークエンスして、ATCC19414 株を基準に変異を検索した。また、制限酵素 *Sma* Ⅰ を用いてパルスフィールドゲル電気泳動（以下、PFGE）を行った。

【結果】　薬剤感受性は EM と ABPC が全株で感性、DOXY と OTC は同じ８株で耐性、そのうち７株は LCM にも耐性であった。耐性があったうち５株では *tet(M)*が、７株では *lsa(E)*が増幅されたが、*tet(K)*は増幅されなかった。*spaA* の変異は急性敗血症型豚丹毒由来の５株のみ T609G の変異がみられ、他は変異のないものを含め３パターンに分けることができた。それらは概ね PFGE による系統樹のグループ分けと一致したが、一部で例外が見られた。また、急性敗血症型と一部の心内膜炎型は PFGE による系統樹において 95%以上の相同性を示した。

【考察】　薬剤耐性菌の分布は、心内膜炎型 86 株のうち 3 株のみであったことから、豚丹毒発生件数の増加の原因に耐性菌の蔓延は当てはまらないと考えられた。*spaA* の変異を見る限り、と畜場で心内膜炎型として発見される豚丹毒と、急性敗血症型の豚丹毒は区別されたが、PFGE においては急性敗血症型由来株と 80%以上の相同性を示す株が 3 つの食検で分離されており、95%以上を示すものもあったことから、遺伝的には近縁であると示唆された。このことから、豚丹毒菌のゲノム変異も豚丹毒多発の原因とは考えにくかった。豚丹毒の発生件数が増加している原因は、豚丹毒菌の変化ではなく、他の要因が関与していると推察される。