北海道の敗血症豚由来*Streptococcus suis*に関する分子疫学調査

大野祐太[1)] 大久保寅彦[2)] 池田徹也[3)] 清水俊一[3)] 横山光恵[4)] 古﨑洋司[5)]
[1)] 早来食肉衛生検査所　[2)] 酪農学園大学獣医食品衛生　[3)] 道立衛生研究所
[4)] 上川総合振興局保健環境部名寄地域保健室　[5)] 渡島総合振興局保健環境部

【はじめに】

早来食検では頻繁に豚の疣贅性心内膜炎から *Streptococcus suis*（以下、*S. suis*）を分離する。それらが孤発事例の集積であるのか、もしくは互いに関連のある敗血症であるのかを明らかにするため、昨年度からパルスフィールドゲル電気泳動（以下、PFGE）を中心とした疫学調査を行い、報告してきた。

本年度は早来食検で分離された *S.　suis* だけでなく、全道の食検に保管されていた分離株を加えて解析を行うと共に、ST　complex の推定、病原性遺伝子の検出、薬剤感受性試験によって *S. suis* のプロフィールを調査した。

【材料および方法】

早来食検で平成 22 年から分離保存されていた 87 株に加え、八雲食検、岩見沢食検、東藻琴食検、帯広食検、旭川市、函館市から分与された分離株を合わせて全 127 株の *S.　suis* を用いた。

PFGE の前処理には制限酵素 Sma Ⅰを用いた。ST　complex は 3 つの線毛関連遺伝子 *sbp2*、*sep1*、*sgp1* の有無で推定した。病原性遺伝子は *arcA*、*sly*、*mrp*、*epf* の 4 つをリアルタイム PCR で検出した。薬剤感受性試験は 5 つの抗菌薬 DOXY、OTC、LCM、KM、EM の MIC を測定し、レンサ球菌属の Break Point に従って耐性を判定した。

【結果】

PFGE において 90%以上の相同性を持つ分離株を同一クラスタと定義したところ、早来由来で 7 つ、その他の食検由来で 5 つのクラスタが形成され、更に 3 つの食検に由来するクラスタが 1 つ形成された。

線毛関連遺伝子から ST1 complex と推定されたものが 12 株、ST28 complex が 108 株、その他が 7 株あった。病原性遺伝子については *arcA* が 127 株全てから、*sly* が 13 株から、*mrp* が 116 株から、*epf* が 11 株から検出された。

薬剤耐性率は DOXY が 46%、OTC が 87%、LCM が 75%、KM が 8%、EM が 61 %であり、これら 5 薬剤全てに耐性があったのは 2 株（1.6%）、全てに感受性があったのは 5 株（3.9%）であった。

【考察】

当初の疑問に対しては、PFGE において同一生産者の分離株がクラスタを構成していたこと、それらが同一の ST　complex に属したこと、4 つの病原性遺伝子の有無が一致したことから、孤発事例の集積ではなく同一系統の *S.　suis* が継続的に汚染する敗血症であると示唆された。それは早来食検で頻繁に *S.　suis* を分離する 5 つの農場だけではなく、八雲食検の 4 つの農場も同様であった。

また、複数の生産者によって構成されるクラスタがあり、農場間の交差汚染が示唆された。汚染が拡大する経路については不明であるが、遠方の農場で近縁な株が分離されていることから、人為的な要因も疑われた。