

# 食中毒の原因食品を突き止めたい

## ～ 腸管出血性大腸菌等の疫学に関する調査・研究 ～



長野県環境保全研究所 感染症部

食中毒発生時に、原因細菌・飲食物を迅速に特定することで、健康被害の拡大防止につなげます。

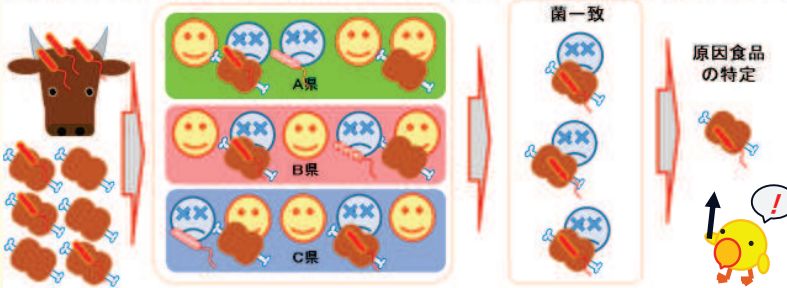
### なぜ研究が必要なの？

これまで原因究明が困難だった広域流通食品による食中毒の被害拡大防止のために、患者等から分離された菌の遺伝子パターンを全国一律の方法で調べ、一致した人に絞って情報を解析することで原因飲食物を探し出します。

#### 少量の菌に汚染された広域流通食品が原因の食中毒を探知

汚染菌量が少ない広域流通食品が原因の食中毒では、各県の患者は散発にとどまり、他の原因の患者に紛れ、原因特定が困難です。

検出菌の同一性を調べ、一致した人に絞り込んで食事内容調査を行うことで、原因を特定します。

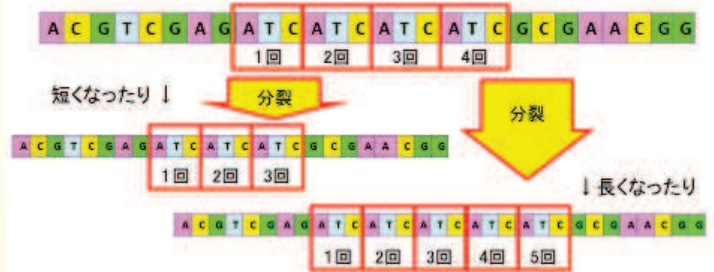


### どうやって調べているの？

腸管出血性大腸菌の遺伝子17か所を検査して数値で表し、一致しているかどうか確認しています。

(参考) 菌の由来が同じか調べるために行うMLVAという検査方法  
(Multiple-Locus Variable-number tandem repeat Analysis: 反復配列多型解析法)

- 細菌のDNA(A・G・C・Tという4つの塩基というものが並んでいます)の中には、同じ塩基配列が複数反復(リピート)する場所(領域)があります。  
例: ACGCGAG **ATC ATC ATC ATC** GCGAACGG では **ATC** が4回反復
- このような反復配列は、菌の分裂に伴って反復回数が高頻度で増減します。



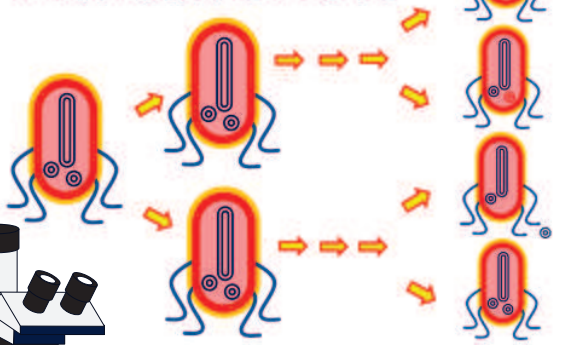
- 腸管出血性大腸菌ではDNAの中にある17領域の反復回数・同一性を調べ、患者さんや食品から検出された菌の由来が同じかどうかのタイピングを行います。

### これまでに分かったこと

腸管出血性大腸菌感染症患者等由来の100株以上の菌をMLVAで検査したところ、感染源が同一と推定される集団発生事例では、検出された菌の遺伝子パターンが一致することが確認できました。今後、原因となる飲食物が不明の事例でも、MLVAのパターン一致から原因究明につなげることが期待できます。

また、MLVA検査開始までに時間を要すると変異してしまうことがあるため、菌検出後は解析のための検査を迅速に開始する必要があることもわかりました。

#### 菌を長期保存(継代培養)している間に変異することもある



### 他には何を調べているの？

腸管出血性大腸菌などの遺伝子検査は、遺伝子を何万・何億倍にも増やす高感度の検査です。また、目に見えない大きさの感染症の病原体を扱うため、繊細な作業と想像力が重要で、次の点に注意する必要があります。

- ☑ 検査を行う人が感染しない・周辺汚染させない。
- ☑ 検査で増やした遺伝子などを、別の検査に持ち込まない。

遺伝子検査の需要が高まってきていることから、初めて検査をする人でも、目に見えない病原体や遺伝子を意識しながら安全・正確に検査ができるような方法を検討し、その情報を研修会などで活用しています。

#### チップ外側残液→マイクロチューブの口汚染→周辺汚染

