

# 健康豚における多剤耐性サルモネラの保菌状況

## *Characteristics of Salmonella enterica from healthy pigs in Japan*

二川慶子

麻布大学大学院獣医学研究科

Keiko Futagawa-Saito

Graduate School of Veterinary Medicine, Azabu University

**Abstract:** 53 ser. Typhimurium strains were characterized as to their carriage of DT104, virulence genes (*spvC*, *rck*, and *pefA*), class I and II integrons, and *Xba*I- and *Bln*I-PFGE patterns. No DT104 strain was detected during 1998-1999, whereas 65.9 % of ser. Typhimurium isolates during 2004-2005 were DT104. Class 1 integron-associated genes, *aadA2* and *pse1* were found in 50.9 % of total ser. Typhimurium strains or in all ser. Typhimurium DT104 strains that exhibited R-type ACSSuT +. One ser. Typhimurium strain with R-type SSuTTm harbored another Class 1 integron-associated gene. Class 2 integron-associated genes were not detected. Virulence gene *spvC* was found in 92.5 % and *rck* and *pefA* were found in 88.7 %. Ser. Typhimurium strains were categorized into four clusters by *Xba*I-PFGE, and into nine clusters by *Bln*I-PFGE analyses.

### 目 的

サルモネラ食中毒の原因食品として畜産物が重要視され、家畜や家畜さんにおけるサルモネラ保菌が注目されている。なかでも豚は *S. Typhimurium* に感染しても必ずしも症状を示さず、公衆衛生上問題となる (1, 2)。そこで、临床上健康な豚から *Salmonella enterica* を分離し、*S. Typhimurium* 分離率および薬剤感受性を検討し、さらに、DT104、インテグロン、病原因子および PFGE (*Xba* I・*Bln* I) を用いて、疫学的な検討も加えたので報告する。

### 方 法

1998-1999年および2004-2005年に、北海道から沖縄県の24道県73養豚場から健康な豚2980頭および3791頭をそれぞれ供試動物とした。DT104および病原因子 (*spvC*, *rck*, *pefA*) の検出はPCRにより、インテグロンの解析はPCR増幅産物のシーケンスによ

り行った。PFGEは制限酵素 *Xba* Iおよび *Bln* Iを用いて行い、DNA泳動パターンはBioNumericsソフトウェア5.0を用いて解析した。

### 結果と考察

1998-1999年では2980頭中67頭(2.2%)から、2004-2005年では3791頭中126頭(3.3%)の健康な豚から *Salmonella enterica* が分離された。これら分離株のうち *S. Typhimurium* はそれぞれ12株(17.9%)および41株(32.5%)検出され、2004-2005年において高率に分離された。

また、これら *S. Typhimurium* 53株のうちACSSuT耐性を示す株が27株(50.9%)検出され、すべてDT104であった。さらに、これらDT104はすべて2004-2005年分離株であった。すべてのDT104株からIntegronI (1.0 kb + 1.2 kb) が検出され、その遺伝子構成は同一の *aadA2*, *bla* であった。その他の *S. Typhimurium* では *dhfr*XII, *orfF*, *aadA2* を構成する

IntegronI (1.9 kb) が1株検出された。

一方、病原因子は *spvC* が *S. Typhimurium* 53株中49株 (92.5%)、*rck* および *pefA* が47株 (88.7%) 検出され、*S. Typhimurium* はこれら病原因子を高率に保有していた。

PFGE解析では、*S. Typhimurium* 52株は *Xba* Iで4つのクラスター (X1, X2, X3, X4) (Cut off value: 80%) に分類され、85%ではX4がX4aおよびX4bに細分化された。一方、*Bln* Iでは9つのクラスター (B1-B9) (80%) に分類され、それは *Xba* Iより細分化されていた。また、系統樹からDT104は2つのクローンが存在したものと推察された。

## 結語

2004年以降、健康豚において多剤耐性サルモネラ (DT104) の保有率が急激に増加したことから、今後、導入豚検査の強化、衛生管理の徹底、さらに、継続的なサルモネラサーベイランスが重要であると考えられる。

## 参考文献

- 1) Magistrali C, Dionisi AM, De Curtis P, et al. Contamination of *Salmonella* spp. in a pig finishing herd, from the arrival of the animals to the slaughterhouse. *Res Vet Sci* 2008; 85(2): 204-7.
- 2) Weigel RM, Nucera D, Qiao B, et al. Testing an ecological model for transmission of *Salmonella enterica* in swine production ecosystems using genotyping data. *Prev Vet Med* 2007; 81(4): 274-89.