

研究業務の紹介

畜産物が媒介する食中毒菌から人の健康を守るために

AKIBA Masato

細菌・寄生虫研究領域 主任研究員 秋庭 正人

細菌・寄生虫研究領域に所属し、主に畜産物の安全性確保技術の開発を担当する研究員を代表して、我々の最近の研究成果をご紹介します。

食品及びその原材料の生産、加工、流通、保管及び取扱いに関わる一連の段階をフードチェーンと呼びますが、サルモネラ、腸管出血性大腸菌、カンピロバクターといった食中毒菌は生産段階でフードチェーンに侵入し、その後の過程では交差汚染を引き起こしつつ、最終的に人に摂取されて、急性胃腸炎を引き起こします。これがいわゆる食中毒ですが、鶏や牛などの食用動物は、これら食中毒菌を無症状で保菌するため、生産段階での保菌摘発が容易ではありません。迅速かつ高精度にこれら病原菌を検出する技術の開発は人の食中毒発生を減らすことにつながります。

この分野での最近の成果としてはサルモネラ主要血清型迅速同定法の開発が挙げられます¹⁾。サルモネラには2,500を超える血清型が知られていますが、このうちの一部が食中毒の原因となっています。血清型とは菌体表面の抗原構造の違いにより、サルモネラをさらに細分化したもので、抗血清を用いた従来の方法では血清型判定に4日を要していました。我々はサルモネラ血清型に特異的な遺伝子領域を特定し、これら複数の遺伝子領域をマルチプレックスPCR法により検出することで、被検菌が主要な血清型に属するかどうかを1日で判定できる手法を開発しました（特開2010-35552、特開2011-62136）。食肉衛生及び家畜衛生検査の現場で役立つことが期待されます。なお、特許出願中のこれら技術を利用した簡易キットがタカラバイオ（株）より製品化される予定です。

食中毒の発生に際して原因菌の侵入経路を特定するためには同じ菌種、血清型に属する菌株を互いに区別する手法が必要です。私たちは腸管出血性大腸菌O157による大規模な集団食中毒が多発した1996年以来、パルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）と呼ばれる特殊な電気泳動を利用して菌株の識別を行ってきました。O157という特定の血清型に属する菌でも、そのPFGEパターンは驚くほど多様です。私たちはこ

のO157の多様性がどのように生み出されるのかを研究してきました。その結果、遺伝子の大規模な脱落がPFGEパターンを変化させる一つの要因であることを明らかにしています²⁾。また、楠本研究員は動く遺伝子として知られるトランスポゾンがPFGEでは捉えることができないレベルで本菌の多様化に貢献するメカニズムの詳細を解明しました。この成果の概略については本号、研究情報の項をご覧ください。

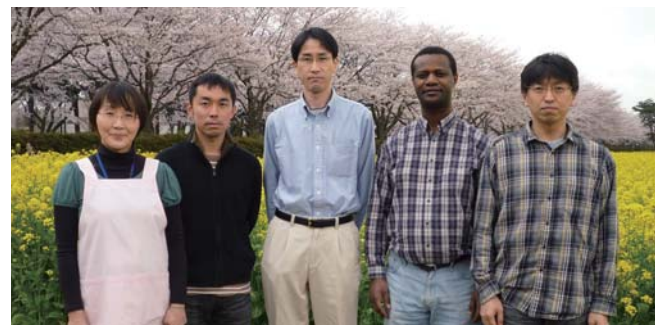
一方、フードチェーンの入り口、すなわち農場において食用動物への食中毒菌の感染、定着を阻止することができれば、食中毒の発生を大幅に減らすことが期待できます。岩田研究員は、カンピロバクターの細胞壁合成に極めて重要な役割を果たす酵素を特定し、この酵素を欠いた菌株が鶏の腸管に定着できないことを初めて明らかにしました。本酵素の阻害剤は抗カンピロバクター剤として利用できる可能性があり、本菌の腸管内定着阻止技術開発につながる重要な成果と言えます。

また、ポスドクのシャハダ研究員（タンザニア出身）は、抗菌剤に耐性を示す食中毒菌の人の健康に対するリスク評価に資するため、食中毒菌の抗菌剤耐性化機構を解析しています。

以上のように、私たちは食の安全を求める社会の要請に的確に応えるべく、重要度の高い3種の食中毒菌を対象とし、基礎から技術開発まで幅広く研究を進めています。

1. Akiba M. et al., J. Microbiol. Methods. 85, 2011, 9-15.

2. Yoshii N. et al., Appl. Environ. Microbiol. 75, 2009, 5719-5726.



写真左から：佐藤、岩田、秋庭、シャハダ、楠本