

POT 法による牛乳房炎由来黄色ブドウ球菌を用いた分子疫学調査

酪農学園大学獣医学群獣医学類・教授 鈴木 一由

■ 目的

ウシ乳房炎起因菌として重要な黄色ブドウ球菌(SA: *Staphylococcus aureus*)の伝播はウシや搾乳者だけでなく物の移動によっても伝播されることから、遺伝子型別の分布を知ることでその農家、地域の特徴を知ることが可能となる。本研究では、ヒト医療においてメシチリン耐性 SA(MRSA)の分子疫学的解析の簡易検査法の一つである PCR-based ORF Typing(POT)法を用いて北海道、愛知県および愛媛県で分離されたウシ乳房炎由来 SA について、(1)SA の遺伝子型別と地域性の検証、(2)MRSA の分離状況、(3)愛媛県における SA の薬剤耐性化と遺伝子型別の関連について検討した。

■ 方法

本研究には、北海道、愛知県、愛媛県の家畜診療所において乳房炎を疑い簡易分離培養検査により SA と診断されたウシ乳房炎由来株 223 株(北海道 82 株、愛知県 48 株および愛媛県 93 株)を供試した。SA のクローン解析には市販のマルチプレックス PCR 試薬であるシカジーニクス®分子疫学解析 POT キット黄色ブドウ球菌用(関東化学株式会社)を用い、乳房炎由来 SA 株の遺伝子型別と地域との関係、POT1 番号が 64 以上の MRSA 株の分離状況について評価した。

愛媛県で乳房炎ウシから分離された SA 株に対して薬剤感受性試験ならびに供試牛の個体情報を収集し、抗生物質の耐性化および乳房炎の病勢と SA の遺伝子型別との関係について調査を行った。ウシの個体情報として、乳房炎の病勢をスコア 1 はスクリーニング検査で SA が同定された無症候群、スコア 2 は California mastitis test 変法において乳汁の異常が確認された潜在性群、そしてスコア 3 は異常乳だけでなく局所または全身症状が認められた臨床群とした。

■ 結果および考察

北海道、愛知県および愛媛県それぞれ 36、27 および 37 種類の異なった遺伝子型が認められた。このうち、最も高頻度で検出された POT1、2、3 パターンは「0.17.34」であり、割合として全体の 33.18%を占めていた。よって、当該遺伝子型が我が国の乳房炎由来 SA の標準パターンと思われた。地域による「0.17.34」の標準パターンを保存している状況は、北海道、愛知県および愛媛県でそれぞれ 28.04%、29.17%および 39.78%と愛媛県で高い保存率を示していた。また、POT1 番号が 64 以上である MRSA 株は、愛知県および愛媛県でそれぞれ 1(2.08%)および 2 株(2.11%)が分離された。愛媛県において、スコア 1(無症候群)で標準パターンである「0.17.34」の遺伝子型が 61.1%を占めたのに対して、スコア 2(潜在性)および 3(臨床型)ではそれぞれ 28.6%および 23.8%とその割合が低かった。本研究でサンプリングした SA 株では深刻な薬剤耐性化は認められなかったため、今後は症例を増やして遺伝子型別と耐性化の関係について調査を行う予定である。

■ 結語

北海道、愛知県および愛媛県で SA と診断された 223 株のうち、POT 型別が「0.17.34」であった 74 株(33.18%)が我が国の乳房炎由来 SA の標準パターンであることを明らかにした。また、MRSA は 223 株のうち 3 株分離された。乳房炎の病勢と POT 型別の関係において、無症候性では標準パターンの「0.17.34」が多く分離され、潜在性や臨床徴候を示す症例では標準パターンの分離割合が低下する傾向が認められた。