

## 管内採卵鶏農場で継続発生した鶏大腸菌症由来株の分子疫学的性状解析

中丹家畜保健衛生所

○加藤あかね 種子田功

【はじめに】平成25年9月3日（症例1）、12月18日（症例2）、12月26日（症例3）に、16万羽飼養の管内採卵養鶏場で、大腸菌症が継続発生。3症例から分離した大腸菌（Ec）の保有病原因子等を調査した。【材料及び方法】3症例から分離したEc10株（それぞれ2株、4株、4株）、対照株として過去の大腸菌症由来Ec株及び健康鶏由来Ec株を用いた。一般性状検査としてO群血清型別、生化学性状検査、薬剤感受性試験、分子疫学的性状解析として、プラスミドプロファイル（PP）法、PCR法による病原因子関連遺伝子の検索（astA、iss、irp2、papC、iucD、tsh、vat、cvi/cva）、多座位配列タイピング（MLST）法を実施した。【結果】分離したEc10株は全て血清型078で、一般性状及び分子疫学的性状は同じであった。分子疫学的性状解析において、分離Ec株と過去の大腸菌症由来Ec株（078、2株）を比較したところ、各株はMLST解析では同一または近縁のクローンの集団に属していたが、PPパターン及び病原因子保有状況は異なっていた。【考察】以上の結果より、継続発生した大腸菌症3症例は同一由来のEcによるものと考えられた。Ecの分子疫学的性状解析法は、PFGE法、MLST法、PP法その他、病原因子の検索が有用であり、今後、更に多くの症例についてEc病原因子の保有状況等を調査したい。