

## 肉用鶏農場で分離した *Campylobacter jejuni* の

### Multi Locus Sequence Typing(MLST)解析

京都府中丹家畜保健衛生所 矢野小夜子

肉用鶏農場における *Campylobacter* の感染防御対策の一助とするため、2003年から2006年に肉用鶏農場で本菌の浸潤調査を実施した。鶏糞から分離された *C. jejuni* の鞭毛遺伝子型別により、複数のタイプの *C. jejuni* が調査期間中の鶏群に新たに浸潤していることが明らかとなった。そこで、MLST を用いてより詳細な検討を試みるとともに鞭毛遺伝子型別との比較を行った。

【材料・方法】農場 A の鶏糞から分離された 9 株(鞭毛遺伝子型(仮称): f1, f2, f3, f4, f5, f6, f7, f8 および f9)、農場 B 由来 3 株(f4, f7 および f8)、農場 C および D 由来各 1 株(f10 および f11)ならびに採卵鶏農場 E 由来 1 株(f12)を供試した。MLST 解析は、Dingle ら(2001 年)の方法に従った。

【結果・考察】MLST 法では、鞭毛遺伝子型 f8 および f9 の 2 株は非常に近縁であった。その他の鞭毛遺伝子型が異なる 10 タイプの株は、それぞれ MLST 法でも異なるタイプに分類された。農場 A および B 由来で鞭毛遺伝子型が f4、f7 および f8 の株は、それぞれ MLST 法でも同一であった。農場 A と B は近隣に位置しており、共通の媒介要因があることが推察された。鞭毛遺伝子型別と同様に、MLST 法でも A 農場には複数タイプの株が新たに浸潤していると考えられた。MLST 解析により農場の汚染実態調査に有効な情報が得られる可能性があることから、今後、株数を増やして調査を進めたい。