

話題の感染症（人と動物の共通感染症）

湧水に起因したカンピロバクター食中毒 —石川県で発生した事例について—

**Campylobacter food poisoning caused by spring water
-Cases that occurred in Ishikawa Prefecture-**

きた がわ えみこ
北川 恵美子
Emiko KITAGAWA

はじめに

カンピロバクター属菌は、大きさ $0.2 \sim 0.8 \mu\text{m} \times 0.5 \sim 5 \mu\text{m}$ のグラム陰性らせん状桿菌で、 $34 \sim 43^\circ\text{C}$ 、微好気（酸素濃度：5～10%）下で発育する。ニワトリ、ウシ等の家きんや家畜をはじめ、ペット、野鳥、野生動物等の多くの動物が保菌しており、ヒトに感染すると、2～5日程度の潜伏期間の後、下痢、腹痛、発熱、頭痛等の症状を引き起こす¹⁾。また、近年、本菌の後感染性疾患として、神経疾患であるギラン・バレー症候群との関連が指摘されている¹⁾。

カンピロバクターによる食中毒は、国内で発生している細菌性食中毒の中で発生件数が最も多く²⁾、患者から分離されるカンピロバクター属菌の95%以上は *Campylobacter jejuni* (*C. jejuni*) である¹⁾。主な原因食品は、生や加熱不足の鶏肉であるが、水も感染源の一つである。野鳥や野生動物の排泄物等を介した河川や湧水の汚染、下水管の破損、消毒設備の故障・不備、ヒトおよび家畜の糞便による井戸水や簡易水道の汚染が発生要因として挙げられる¹⁾。水系感染事例は、しばしば大規模化し、国内では、1990年に広島県の事例（患者109名）³⁾、2006年に福島県の事例（患者71名）⁴⁾、長野県の事例（患者62名）⁵⁾が報告されている。

石川県においても、2023年8月に湧水を使用した飲食物が原因となったカンピロバクター食中毒事例が発生した。帰省や観光シーズンと重なったこともあり、患者は18都府県にわたり、892名にのぼる大規模な食中毒となった。本稿では、本食

中毒事例の概要と原因究明のために実施した検査結果より得られた知見について述べる。

I. 事例の概要

2023年8月16日、県内の飲食店を利用した者から、当該飲食店（施設）を管轄するA保健所に、8月11日に食事をした家族、友人が下痢をした旨の通報があった。その後、同様の申し出が複数あり、探知翌日の8月17日昼頃時点で、5グループ29名中24名が下痢、発熱等の食中毒様症状を呈していることを把握し、これら有症者に共通するものは、施設が調理提供した飲食物以外にないことから、A保健所は、施設での飲食が原因の食中毒と断定し、速やかに食中毒による健康被害の拡大防止を図るため、8月17日から3日間の営業停止処分を実施した。

さらに、原因食品および病原物質を特定するために、8月11日～17日に施設を利用した1,298名について調査したところ、発熱または消化器症状（下痢・嘔吐・嘔気・腹痛のうち、いずれか）を呈していた者は892名であった。このうちの多くがカンピロバクター感染による潜伏期間および症状と一致しており（図1、表1）、患者および従事者の糞便から *C. jejuni* が検出された。また、施設で使用する水（使用水）の原水（湧水）からも *C. jejuni* が検出され、営業時は、塩素注入装置を稼働させていなかった。これらのことから、本食中毒事例の原因食品は湧水を使用した飲食物、病原物質は *C. jejuni* と判断された。

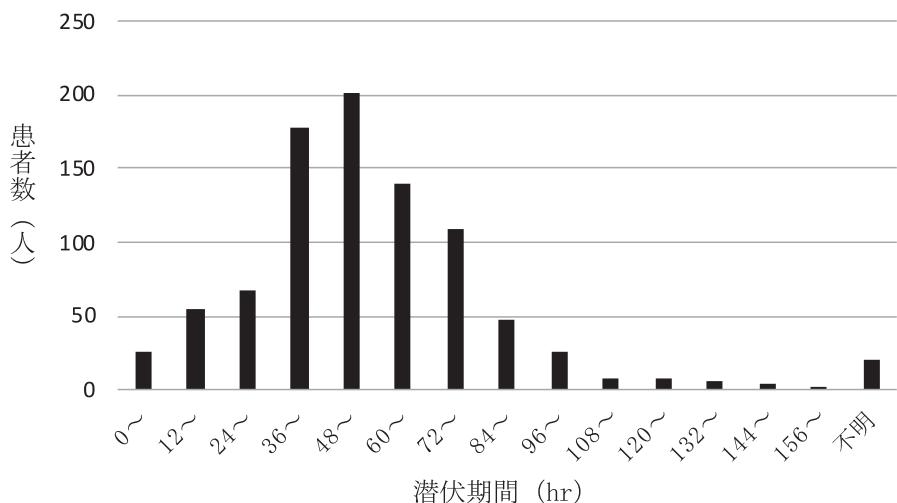


図1 潜伏期間別患者発生状況

表1 症状別の患者数

症状*	下痢	発熱	嘔吐	倦怠感	嘔気	頭痛	腹痛	その他
患者数 (%)	849 (95.2)	693 (77.7)	123 (13.8)	107 (12.0)	94 (10.5)	154 (17.3)	556 (62.3)	98 (11.0)

*症状は重複あり

II. 原因究明のための検査対応

1. 使用水の水質基準検査（細菌検査項目）

8月16日（探知当日）、A保健所が施設に立入検査を行った結果、次のことが判明した。

使用水は、湧水を受水槽に貯留し塩素消毒を行った後、調理に用いることとされていたにもかかわらず、2023年の営業開始日（例年、夏期のみなど期間を限定して営業）以降、塩素注入装置を稼働させておらず、未消毒の水がそうめんの水洗い、そうめんの流し水、市販のそうめんつゆの希釀水として使用されていた。また、食品衛生法では営業者に年1回以上の水質検査の実施を求めていたが、実施していなかった。

そこで、A保健所は、使用水の末端の水栓から採取した水3検体について、水道法に基づく水質基準検査方法⁶⁾に従い、一般細菌数と大腸菌の検査を実施した。その結果、いずれも大腸菌が検出され、一般細菌数は400～590CFU/mLであり、基準の100CFU/mLを超えていた（8月17日判明）。

このことから、使用水が何らかの食中毒起因菌で汚染されていることが推測された。

2. 患者および従事者の糞便検査

病因物質を特定するために、患者の糞便4検体（2グループ）、従事者の糞便12検体について、食中毒起因菌（サルモネラ属菌、腸炎ビブリオ、下痢原性大腸菌、カンピロバクター、ウエルシュ菌、黄色ブドウ球菌、セレウス菌）および胃腸炎関連ウイルス（ノロウイルス、ロタウイルス、サポウイルス）の検査を実施した。

その結果、2グループからの患者の糞便3検体、従事者の糞便5検体からC. jejuniが検出され、C. jejuni以外の食中毒起因菌および胃腸炎関連ウイルスは検出されなかった。なお、他の自治体や医療機関が行った検査でも患者113名からC. jejuniが検出された。

カンピロバクターの分離には、選択性のあるmCCDA培地を用い、42℃、24～48時間の微好気培養を実施した。併せて、プレストン培地によ

る増菌培養（42℃、24～48時間、微好気培養）を行い、増菌培養後は、培養液1白金耳をmCCDA培地に塗抹し、42℃で24～48時間微好気培養した。

*C. jejuni*の同定については、mCCDA培地上に発育したカンピロバクターを疑う集落を釣菌し、DNA抽出を行い、Wintersら⁷⁾およびLintonら⁸⁾のプライマーによるマルチプレックスPCRにて実施した。

3. 湧水の検査

8月18日、原因食品を特定するために、立入検査の結果（上記1）から、食中毒の原因として強く疑われた湧水および消毒装置を稼働した後の使用水の2検体を採取し、カンピロバクターの検査を実施した。なお、探知翌日の8月17日に一部の患者から医療機関の検査でカンピロバクターが検出されたとの情報提供があったため、カンピロバクターに絞って検査を実施した。

全量3Lの検水を1Lずつ孔径0.2μmのポリカーボネートメンブレンフィルターでろ過濃縮し、それぞれのフィルター1枚をプレストン培地10mLに入れ、42℃で48時間微好気培養した。その各培養液1白金耳をmCCDA培地に塗抹し、42℃で24～48時間微好気培養後、カンピロバクターを疑う集落について、上記2同様、マルチプレックスPCRにて*C. jejuni*の同定を実施した。

その結果、湧水については、3つの培養液すべてから*C. jejuni*が検出された。なお、消毒後の水からは*C. jejuni*は検出されなかった。

4. 分離菌株の血清型別および遺伝子型別

食中毒の原因究明において、患者や推定原因食から分離された食中毒菌の相同性（菌株の識別）を調べるために基本的な手法として、菌の血清学的性状に基づく血清型別等がある。さらに、識別能力を高めるために、菌の遺伝子を対象として各種の遺伝子型別が開発され、疫学解析として利用されている。

本事例においても、以下のとおり血清型別と遺伝子型別を実施した。

1) 血清型別

患者および従事者の糞便、湧水から分離された*C. jejuni*それぞれ2～13コロニーについて、今野

ら⁹⁾の改良Penner PCR型別法を用いた。

その結果、gB群、gD群、gB群とgD群の3つの検出パターンがみられた（表2）。

なお、改良Penner PCR型別法は、国立感染症研究所等と地方衛生研究所で組織される衛生微生物技術協議会カンピロバクターレファレンスセンターにより、国内の血清型別システムとして開発されたものであり、レファレンスセンター以外の施設でも導入が進んでいる¹⁰⁾。

2) 遺伝子型別

血清型別において同一血清型と判定された*C. jejuni*について、Yamadaら¹¹⁾のmP-BIT法による遺伝子型別を実施した。

その結果、血清型gB群については、糞便と湧水から分離された菌株のmP-BITパターンは一致していた。一方、血清型gD群については、両者は一致していなかった（表3）。

III. 検査の結果より得られた知見

1. 湧水の汚染

本事例にて、糞便および湧水から分離された*C. jejuni*の血清型はgB群とgD群であり、国内でカンピロバクター感染の腸炎患者から多く検出される血清型であった。

また、遺伝子型別（mP-BIT）の結果、血清型gB群については、糞便と湧水の菌株は一致していた。加えて、他県在住の患者糞便から分離された

表2 血清型別結果

検体	血清型 (供試コロニー数)	
	gB群 (13)	gD群 (2)
湧水	P1	gB群 (6)
	P2	gD群 (2)
	P3	gD群 (2)
糞便	W1	gB群 (3)
	W2	gB群 (3)
	W3	gD群 (2)
	W4	gB群 (3) gD群 (6)
	W5	gD群 (2)

P1～3:患者、W1～5:従事者

表3 mP-BIT法による遺伝子型別結果

血清型	検体	標的遺伝子																					
		CJE 1500	CJE 1733	virB8 comBI	Cj1135	Cj1136	cfrA	Cj0265	maf5/ pseE	Cj0008	cgtA	tetO	flgE2	gmhA2	Cj1321	wlaN	panB	Cj0423	Cj0122	hip0*			
	湧水	—	—	—	—	—	—	—	+	+	+	+	—	—	—	+	+	—	+	+	+	+	+
	P1	—	—	—	—	—	—	—	+	+	+	+	—	—	—	+	+	—	+	+	+	+	+
gB群	糞便 W1	—	—	—	—	—	—	—	+	+	+	+	—	—	—	+	+	—	+	+	+	+	+
	W2	—	—	—	—	—	—	—	+	+	+	+	—	—	—	+	+	—	+	+	+	+	+
	W4	—	—	—	—	—	—	—	+	+	+	+	—	—	—	+	+	—	+	+	+	+	+
	湧水	—	—	—	—	—	—	—	+	—	+	—	—	—	—	+	+	—	—	—	—	—	+
gD群	P2	—	—	—	—	—	—	—	—	+	—	—	—	+	—	—	—	—	—	—	—	—	+
	P3	—	—	—	—	—	—	—	—	+	—	—	—	+	—	—	—	—	—	—	—	—	+
	糞便 W3	—	—	—	—	—	—	—	—	+	—	—	—	+	—	—	—	—	—	—	—	—	+
	W4	—	—	—	—	—	—	—	—	+	—	—	—	+	—	—	—	—	—	—	—	—	+
	W5	—	—	—	—	—	—	—	—	+	—	—	—	+	—	—	—	—	—	—	—	—	+

※hip0 : *C. jejuni* のポジティブコントロール

P1~3 : 患者、W1~5 : 従事者

C. jejuni (血清型 gB 群) が当センターで分離された菌株の mP-BIT パターンと一致していた旨が、カンピロバクターレファレンスセンター（愛知県衛生研究所）から情報提供があった。

一方、血清型 gD 群については、mP-BIT パターンに一致が見られなかった。一因として、湧水の検査は増菌培養のみで検査を行ったことから、増菌の過程で一部の菌株のみがセレクトされたことにより、糞便と同じ mP-BIT パターンを示す菌株が検出できなかったと考えられる。

以上より、本事例の原因是、*C. jejuni* で汚染された湧水であることが推測された。また、湧水は複数の血清型、遺伝子型の *C. jejuni* で汚染されていたことが確認された。カンピロバクター食中毒では同一事例から複数の血清型の菌が分離されることが知られており、本事例も同様であったと思われる。湧水が汚染した原因として、野鳥や野生動物の排泄物が混入した可能性が考えられるが、周辺に生息する野鳥等の調査は実施できず、汚染源については不明であった。

2. 食中毒が発生した要因

A 保健所による立入検査の結果、今回の食中毒が発生した背景として、施設の使用水の衛生管理上の問題が指摘されている。

当該施設は、2023 年 7 月に発生した集中豪雨の影響で従来使用していた水源の取水口が被災し、

新たに取水口を確保して営業を開始することになったが、COVID-19 の影響による営業自粛から 4 年ぶりの営業再開にあたり水質検査を実施していなかった。また、営業開始後においても使用水の衛生管理が徹底されておらず、客に提供する食品をまかないとして喫食等していた従事者の体調に異変がみられなかつたため、未消毒のまま使用を継続していた。

これらのことから、本事例は *C. jejuni* に汚染された湧水を調理等に使用したことにより、患者数 892 名にのぼる大規模な食中毒となったと考えられた。

3. 血清型別および遺伝子型別の有用性

改良 Penner PCR 型別法は、これまでに国内の疫学解析で利用してきた主要な血清型が網羅され、かつ、従来の受身血球凝集反応による血清型別法に比べ型別率が高いことが利点である⁹⁾。ギラン・バレー症候群は、gO 群など特定の血清型との関連性が高いとされており¹⁰⁾、型別率の高い改良 Penner PCR 型別法による血清型別は、*C. jejuni* 感染症のサーベイランスにおいて有用であると考える。

また、カンピロバクターの遺伝子型別として、PFGE (Pulsed-Field Gel Electrophoresis) 法、MLST (Multi-Locus Sequence Typing) 法、次世代シーケンサーによる全ゲノム解析がある。PFGE 法、MLST 法および全ゲノム解析は菌株の識別能

力は高いが、手技が煩雑であり、ランニングコストが高い。一方、mP-BIT 法は、*C. jejuni* が保有する特定の 18 遺伝子の有無を 2 系統のマルチプレックス PCR で検出して識別する方法であり、PFGE と同等の識別度で、迅速かつ簡便な手技で型別が可能である。本事例でも、多数の菌株の解析を比較的少ない労力で実施することができた。さらに、従来使用していた PFGE 法では困難であった他機関で実施した型別結果の照合が可能であり、本事例の他県患者から分離された菌株と当センターで分離した菌株の一致を確認することができた。

これらのことから、*C. jejuni* の食中毒事例において改良 Penner PCR 型別法による血清型別および mP-BIT 法による遺伝子型別が有用であることが確認できた。

おわりに

本事例は、施設の使用水の衛生管理の不徹底により、カンピロバクターに汚染された湧水を使用した飲食物が原因で発生したと考える。湧水、井戸水等を原因とする水系感染症は、大規模な事例になりやすいが、適切な浄水処理や塩素消毒により防止することが可能である。

カンピロバクターによる食中毒予防については、本県も含め、全国的に対策は行われているものの、依然として発生件数が細菌性食中毒のトップである。健康被害の拡大を防止するために、原因食品の特定や集団感染事例の早期探知などが重要となるが、そのためには、疫学解析の手法である、改良 Penner PCR 型別による血清型と mP-BIT 法による遺伝子型は有用であると考える。また、これら型別結果の蓄積は、*C. jejuni* 感染症のサーベイランスやギラン・バレー症候群発症リスクの把握にも有用であることから、今後も食中毒等の検査において分離された *C. jejuni* の解析を継続していきたい。

謝辞

本事例の調査にあたり、ご協力いただきました関係機関の皆様に深謝いたします。

文 献

- 1) 横山敬子, 高橋正樹. 食品由来感染症と食品微生物. 東京: 中央法規出版; 2009. 347-364.
- 2) 厚生労働省, 「食中毒統計資料」,
https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryou/shokuhin/syokuchu/04.html(引用日 2025/6/5)
- 3) 石村勝之, 木戸照明, 萱島隆之, 他. カンピロバクターの専用水道水汚染による食中毒事例—広島市. 病原微生物検出情報(IASR). 1990;11(11):129.
- 4) 阿部環, 羽賀節子, 横山桂子, 他. *Campylobacter jejuni* subsp. *jejuni* による水系食中毒事例報告—福島県. 病原微生物検出情報(IASR). 2007;28(4):115-116.
- 5) 笠原ひとみ, 上田ひろみ, 吉田徹也, 他. 飲料水が原因と推定されるカンピロバクター食中毒事例—長野県. 病原微生物検出情報(IASR). 2010; 31(1) 9-10.
- 6) 厚生労働省告示第261号: 水質基準に関する省令の規定に基づき厚生労働大臣が定める方法. 令和5年4月1日.
- 7) Winters DK, Slavik MF. Evaluation of a PCR based assay for specific detection of *Campylobacter jejuni* in chicken washes. Molecular and Cellular Probes 1995;9(5):307-310.
- 8) Linton D, Lawson AJ, Owen RJ, et al. PCR detection, identification to species level, and fingerprinting of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* direct from diarrheic samples. Journal of Clinical Microbiology. 1997;35(10): 2568-2572.
- 9) 今野貴之, 山田和弘, 赤瀬悟, 他. 国内の *Campylobacter jejuni* 血清型別に対応した改良 Penner PCR 型別法. 日本食品微生物学会雑誌. 2021;38(3):123-128.
- 10) 今野貴之. カンピロバクターレファレンスセンター. 秋田県健康環境センター年報. 2023;19:56-57.
- 11) Yamada K, Ibata A, Suzuki M, et al. Designing multiplex PCR system of *Campylobacter jejuni* for efficient typing by improving monoplex PCR binary typing method. Journal of Infection and Chemotherapy. 2015;21(1):50-54.