原　著

Cefotaxime 感性および耐性株が混在した保育園における腸管出血性大腸菌 O121 集団感染

[1] さいたま市健康科学研究センター，[2] さいたま市保健所
菊地　孝司[1]　上野　裕之[1]　泊　賢太郎[1]
小堀すみえ[1]　嘉悦　明彦[2]　宮崎　元伸[1]

（平成 25 年 10 月 9 日受付）
（平成 26 年 2 月 3 日受理）

Key words: enterohemorrhagic *Escherichia coli*（EHEC), pulsed-field gel electrophoresis（PFGE), outbreak, drug resistance

要　旨

市内の保育園 A，B を中心に発生した腸管出血性大腸菌（enterohemorrhagic *Escherichia coli*；EHEC）O121：H19 による集団感染が，2012 年 11 月に探知された．最終的に，保育園児 12 名およびその家族 5 名，併せて 17 名から EHEC O121 が検出された．感染者は無症状または症状があったとしても軽度で，溶血性尿毒症症候群（hemolytic uremic syndrome；HUS）発症例は見られなかった．今回の事例では，分離培地に DHL 培地とクロモアガー STEC 培地を併用することで，接触者健康調査を効率的に実施することができた．保育園 A における EHEC O121 集団発生の発覚後，保育園 A と B で共同保育が実施されていた．共同保育後，保育園 B へも感染者が広がり，検出された菌株の PFGE 解析から同一クローンによる感染だったことが示唆された．しかしながら，保育園 B より検出された 4 株が cefotaxime（CTX）耐性を示し，保育園 A より収集された 13 株とは異なる薬剤感受性パターンを示した．保育園 B の感染者のうち最初に発症した者の便検体から，CTX 耐性の大腸菌（*Escherichia coli*；*E. coli*）O86 も同時に検出されていた．CTX 耐性の EHEC　O121 および *E. coli*　O86 は同一の薬剤耐性遺伝子（$bla_{\text{CTX-M-1}}$ group）を保有していた．以上より，EHEC O121 と *E. coli* O86 の間で耐性遺伝子の受け渡しが起きていた可能性が推察された．

〔感染症誌　88：430～437，2014〕

序　文

腸管出血性大腸菌（enterohemorrhagic *Escherichia coli*；EHEC）は，志賀毒素（Shiga toxin；Stx）を産生する大腸菌（*Escherichia coli*；*E. coli*）と定義されている．EHEC に感染した場合，患者の多くは血性下痢を伴う出血性大腸炎を来し，併発する溶血性尿毒症症候群（hemolytic-uremic syndrome；HUS）により重篤な症状に陥る場合がある[1]．EHEC 感染症は，感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律の 3 類感染症に分類され，診断した医師は同法の規定による届出を直ちに行わなければならないとされている．

別刷請求先：（〒338-0013）さいたま市中央区鈴谷七丁目 5―12
さいたま市健康科学研究センター保健科学課
菊地　孝司

感染症発生動向調査によると，わが国の 2012 年における EHEC 感染者数は 3,768 例で，最近数年間は，毎年 4,000 例前後で推移している．同年に検出された EHEC（1,957 例）の O 血清型は，多いものから O157（1,040 例），O26（528 例），O103（102 例），O111（73 例），O121（61 例），O145（45 例）の順に報告されている[2]．このように，O121 が EHEC 報告例全体に占める割合は決して多くないものの，これまでにも社会福祉施設や保育園における集団感染事例が発生し，施設内での感染拡大には二次感染が関与していることが報告されている[3][4]．

今回，我々は，さいたま市内の保育園を中心とした EHEC　O121 による集団感染事例を経験した．本事例では最終的に，保育園児 12 名およびその家族 5 名，併せて 17 名から EHEC　O121 が検出された．これらの EHEC O121 は同一クローンと考えられたものの，ce-

fotaxime（CTX）感性株と耐性株の混在が見られた．同一クローンに由来する EHEC O121 集団感染の経過と，薬剤耐性を獲得した要因を検討したので報告する．

材料と方法

1．事例の概要

2012 年 11 月，さいたま市内の医療機関 Z よりさいたま市保健所に対して，2 歳男児（No.1）の EHEC O121 感染症の発生届が提出された．男児から検出された O121 は，Stx2 陽性だった．届出票に記載された症状は水様性下痢のみで，保健所による患者家族に対する聞き取り調査により，発熱や腹痛，血便等の症状が無かったことが再確認された．男児（No.1）の経過中の症状は比較的軽度だったものの，有症状期間中に保育園（保育園 A）に登園していたことが把握された．そのため，男児（No.1）の家族 2 名に加え，保育園 A で接触のあった者 43 名を対象とした接触者健康診断（検便イ）が実施された．検便イの結果，園児 8 名（No.2～9）の EHEC O121 感染が確認された．園児 8 名はいずれも無症状だったが，8 名の家族等 86 名を対象とする接触者健康診断が実施され，家族 4 名（No.10～13）の EHEC O121 感染が確認された．保健所による聞き取り調査によると，No.3 の兄の No.11 は水様性下痢を来していた有症状期間中に登校していたことが把握された．そのため，小学校関係者 322 名を対象とする接触者健康調査を実施したが，更なる感染者は発見されなかった．

この一連の対応を行っている間に，新たに女児（No.14）が，発熱と血便を主訴に医療機関 Y を受診し，EHEC O121 感染の診断がなされ，*E. coli* O86 も同時に検出された．保健所による調査により，女児（No.14）は保育園 A と同じ経営母体による保育園 B の園児であること，検便イ等の対応中に保育園 A と B の園児が合同で保育され，それを受けたこと，検便イの対象者に含まれていなかったことが把握された．保健所の調査記録と保育園 A の登園記録により，園児 2 名（No.2 と No.4）が合同保育を受けていたことが確認されたが，2 名とも無症状だった．また，女児（No.14）が合同保育後に発症し，有症状期間中に保育園 B に登園していたことが把握された．そのため，女児（No.14）の家族 5 名に加え，保育園 B で園児（No.2, No.4 および No.14）と接触のあった者 51 名を対象とした接触者健康診断（検便ロ）が実施された．検便ロの実施中に，対象者である園児 1 名（No.15）が発熱と下痢を主訴に医療機関 Y を受診し，医療機関 Y による検便ならびに検便ロにおいて EHEC O121 が検出された．検便ロの結果，さらに園児 1 名（No.16）の EHEC O121 感染が確認された．この 2 名の園児の家族等 6 名を対象とする接触者健康診断が実施され，家族 1 名（No.17）の EHEC O121 感染が確認された．保健所による聞き取り調査により，No17 は腹痛を来していた有症状期間中に登校していたことが把握された．そのため，小学校関係者 38 名を対象とする接触者健康診断を実施したが，更なる感染者は発見されなかった．

保健所は以上の接触者健康診断とその結果に基づく防疫対策を講じ，平成 25 年 1 月中旬に健康診断対象者全員の検便による菌の陰性化を確認し，対応を終了した．その間，更なる感染拡大の防止のため，保育園 A および B に対する衛生管理の指導を行った．

2．材料

上記のごとく実施された接触者健康診断のために提出された便検体を試料とし，EHEC O121 の検索を行った．また，接触者検便により検出された 15 株と，医療機関により検出された 2 株（No.1，No.14）の合計 17 株の EHEC O121 について，薬剤感受性試験，遺伝子解析等の検討を加えた．さらに，No.14 より検出された *E. coli* O86 について同様の検討を加えた．

3．EHEC O121 の分離・確認試験

接触者健康診断として実施された検便は，分離培地に DHL 培地（栄研化学）とクロモアガー STEC 培地（関東化学）を使用し，37℃ で 18～20 時間培養とした．DHL 培地に発育したコロニーを対象とした colony-sweep 法により DNA を調製し，Pollard のプライマーを用いた Polymerase chain reaction（PCR）法にて *stx* 遺伝子を検索した[5]．クロモアガー STEC 培地に発育した特徴的な藤色を呈したコロニーを用い，定法に従った生化学的性状試験，市販免疫血清（デンカ生研）を用いた血清型別試験，逆受身ラテックス凝集反応法（デンカ生研）による Stx 産生性試験を実施した．

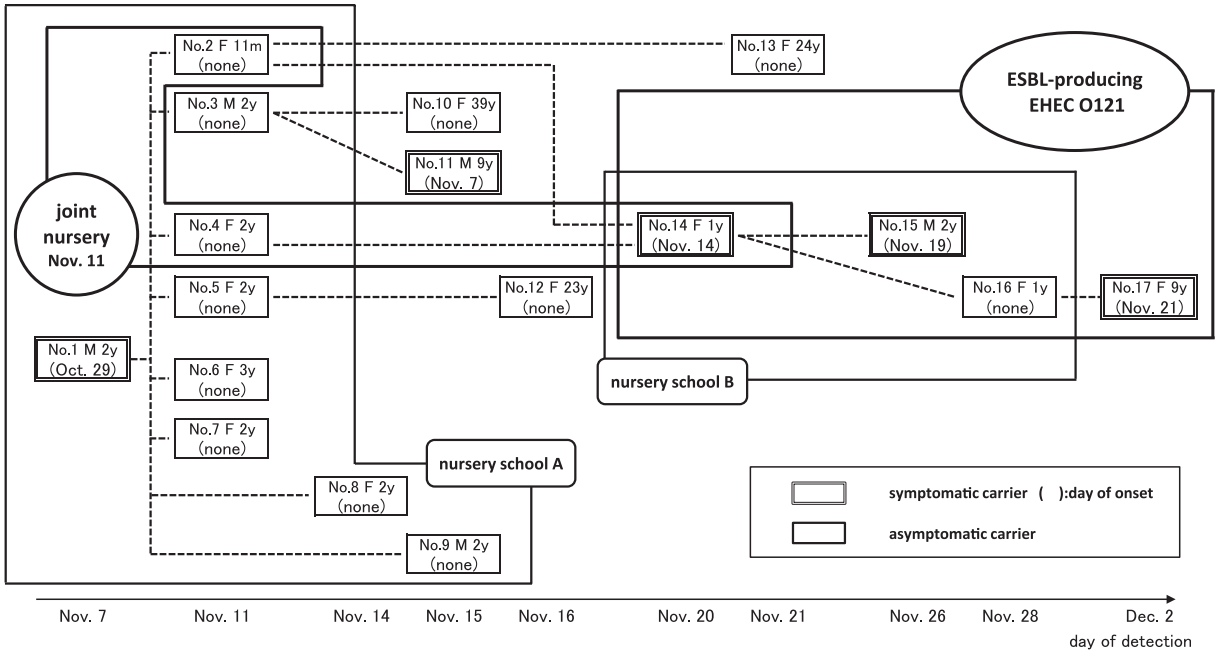
なお，医療機関 Z および Y より検出された菌株に対しても，当センターで再度，上述の確認試験を実施した．

4．薬剤感受性試験

Clinical and Laboratory Standards Institute（CLSI）に準拠した微量液体希釈法により[6]，最少発育阻止濃度（minimum inhibitory concentration；MIC）を測定した（栄研化学）．供試薬剤は ampicillin（ABPC），cefotaxime（CTX），ceftazidime（CAZ），cefpodoxime（CPDX），cefepime（CFPM），amikacin（AMK），meropenem（MEPM），minocycline（MINO），aztreonam（AZT），imipenem（IPM），nalidixic acid（NA），norfloxacin（NFLX），ciprofloxacin（CPFX），levofloxacin（LVFX），fosfomycin（FOM），sulfamethoxazole-trimethoprim（ST）の 16 薬剤とした．

また，CTX 耐性株については CTX，CAZ，CPDX

Figure 1 Schematic showing the relationship of secondary infection by EHEC O121 in this case.



の3薬剤とβ–ラクタマーゼ阻害剤のclavulanic acid（CVA）を含有したCTX/CVA，CAZ/CVA，CPDX/CVAを用いた基質特異性拡張型β–ラクタマーゼ（extended spectrum β-lactamase；ESBL）確認試験を行った（日水製薬）．

5. PCR

検出された菌株からtemplate DNAを調製し，*stx*遺伝子，腸粘膜接着因子インチミンの遺伝子*eae*，エンテロヘモリシン溶血の遺伝子*hlyA*，一酸化窒素還元酵素の遺伝子*norV*の保有状況をPCR法にて調査した[7)8)]．

薬剤感受性試験によりESBL産生が疑われた菌株についてはPCR法にてESBL遺伝子の検出を試みた[9)]．

6. パルスフィールド・ゲル電気泳動（PFGE）

検出された17株のEHECO 121について，制限酵素*Xba*Iおよび*Bln*Iを用いたPFGEを泉谷らの方法に従い実施し[10)11)]，バンドパターンを解析した[12)]．

成　績

1. O121分離・確認試験

今回の事例では，保育園児，保育園職員，感染が確認された園児の家族等の550名の接触者健康診断を行い，感染者の陰性確認を含め，延べ596件の検便を実施した．接触者健康診断の初回検便における，DHL培地のcolony-sweep法によるPCRで，15検体から*stx2*遺伝子が検出された．今回の事例では，これら15例に，医療機関において感染が確認された2例（No.1とNo.14）を併せた17例のEHEC O121感染が確認された．検出された17株すべてが性状試験，血清型別試験により*E. coli* O121：H19と判定され，また，Stx産生試験によりStx1陰性，Stx2陽性と確認された（Fig. 1）．

2. 薬剤感受性試験

EHEC O121のNo.1～No.17およびNo.14から検出された*E. coli* O86のβ–ラクタム系8薬剤に対する薬剤感受性試験の結果をTable 1に示す．EHEC O121のNo.14～No.17の4株　と*E. coli* O86のMICはABPC，CTX，CAZ，CPDX，CFPM，AZTの6薬剤でNo.1～13と比べ高値となり，耐性化が確認された．IPM，MEPMではMICの上昇は見られなかった．これらの5株はESBL確認試験においてもCVAによる阻害が確認され，ESBL産生菌であることが示唆された．一方，EHEC O121の17株および*E. coli* O86のAMK，MINO，NA，NFLX，CPFX，LVFX，FOM，STに対するMICはいずれも低く，すべて感性を示した．

3. PCR

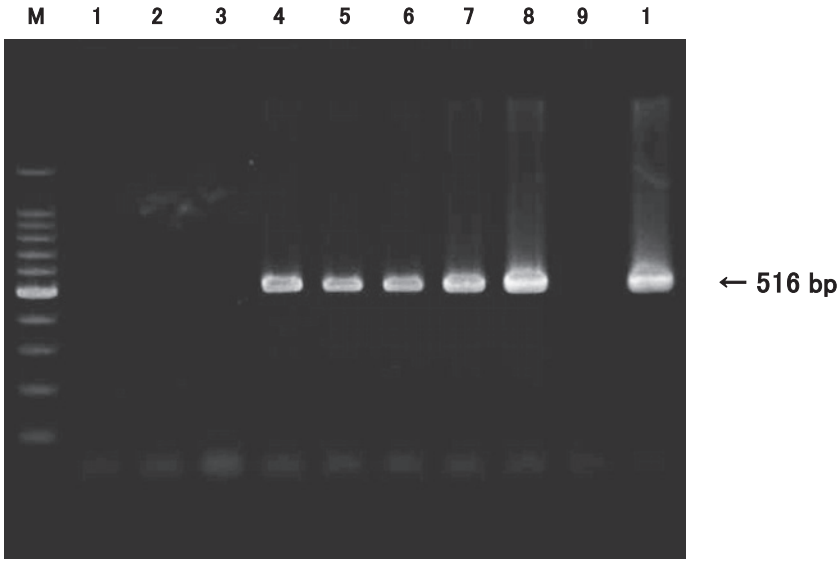
EHEC O121のNo.1～No.17およびNo.14から検出された*E. coli* O86のPCRの結果を併せてTable 1に示す．EHEC O121のNo.1～No.17までの17株はすべて*stx2*遺伝子を保有していたものの，*stx1*遺伝子は不検出だった．その他，検討した*eae*遺伝子，*hlyA*遺伝子，および*norV*遺伝子についても17株すべてが保有していた．*E. coli* O86に対するPCRの結果，*stx*遺伝子，*eae*遺伝子，*hlyA*遺伝子，および*norV*遺伝子はいずれも不検出だった．

Table 1　Antimicrobial susceptibilities and PCR results of *Escherichia coli* isolates in this case.

patient No.	strain	PCR for virulence factor				MIC (μg/mL)								β-lactamase	
		stx	*eae*	*hlyA*	*norV*	ABPC	CTX	CAZ	CPDX	CFPM	MEPM	IPM	AZT	inhibition with clavulanic acid	gene
1	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.12	0.25	≤0.25	≤0.03	0.06	≤0.06	−	−
2	O121 : H19	2	+	+	+	4	≤0.25	0.12	0.5	≤0.25	≤0.03	0.12	≤0.06	−	−
3	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.12	0.5	≤0.25	≤0.03	≤0.06	≤0.06	NT	NT
4	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.25	0.5	≤0.25	≤0.03	0.06	0.12	−	−
5	O121 : H19	2	+	+	+	4	≤0.25	0.12	0.5	≤0.25	≤0.03	≤0.06	0.12	NT	NT
6	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.25	0.25	≤0.25	≤0.03	≤0.06	≤0.06	NT	NT
7	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.12	0.5	≤0.25	≤0.03	≤0.06	≤0.06	NT	NT
8	O121 : H19	2	+	+	+	4	≤0.25	0.25	0.5	≤0.25	≤0.03	0.06	≤0.06	NT	NT
9	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.12	0.5	≤0.25	≤0.03	0.06	≤0.06	NT	NT
10	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.25	0.25	≤0.25	≤0.03	0.06	≤0.06	NT	NT
11	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.25	0.25	≤0.25	≤0.03	≤0.06	≤0.06	NT	NT
12	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.12	0.25	≤0.25	≤0.03	≤0.06	≤0.06	NT	NT
13	O121 : H19	2	+	+	+	2	≤0.25	0.12	0.25	≤0.25	≤0.03	0.06	≤0.06	NT	NT
14	O86 : H2	−	−	−	−	≥512	32	8	128	8	≤0.03	0.06	16	+	CTX-M-1 group
	O121 : H19	2	+	+	+	≥512	64	8	≥256	16	≤0.03	0.06	32	+	CTX-M-1 group
15	O121 : H19	2	+	+	+	≥512	64	8	256	16	≤0.03	0.06	16	+	CTX-M-1 group
16	O121 : H19	2	+	+	+	≥512	32	4	256	16	≤0.03	0.06	16	+	CTX-M-1 group
17	O121 : H19	2	+	+	+	≥512	32	8	256	8	≤0.03	0.06	32	+	CTX-M-1 group

NT: not tested

Figure 2　Agarose gel electrophoresis of PCR products of the $bla_{\text{CTX-M-1}}$ group gene from EHEC O121 : H19 and *Escherichia coli* O86 : H2 strains.
Lane M, 100bp DNA ladder Lane 1, No. 1 Lane 2, No. 2 Lane 3, No. 4
Lane 4, *Escherichia coli* O86 : H2 Lane 5, No. 14 Lane 6, No. 15 Lane 7, No. 16 Lane 8, No. 17
Lane 9, negative control Lane 10, positive control



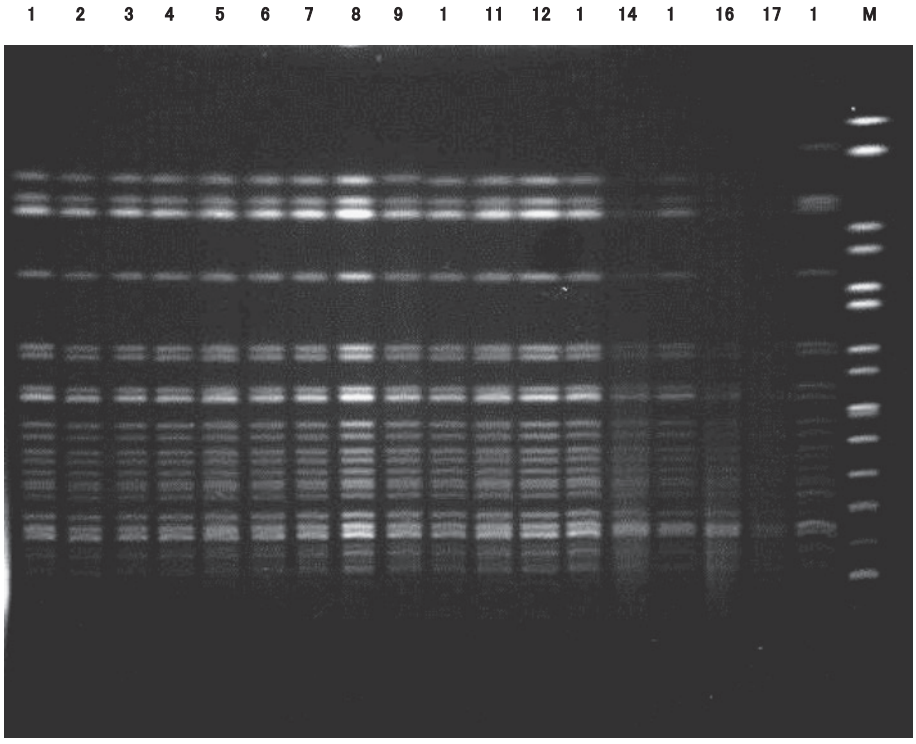
ESBL 産生が疑われた EHEC O121 の No.14～No.17 の 4 株 と *E. coli* O86 か ら ESBL 遺 伝 子（$bla_{\text{CTX-M-1}}$ group）が検出された（Fig. 2）.

4. PFGE

今回の事例で検出された EHEC O121 の No.1～No.17 までの 17 株と，当センターが保存していた EHEC O121：H19 菌株を合わせた 18 株に対して，制限酵素 *Xba*I 処理による遺伝子パターンを Fig. 3に，制限酵素 *Bln*I 処理による遺伝子パターンを Fig. 4に示した.

*Xba*I による遺伝子パターン並びに *BlnI* による遺伝子パターンにおいて，No.14～No.17 の 4 株でバンド

Figure 3 Pulsed-field gel electrophoresis patterns of *Xba* I digested DNA from EHEC O121 : H19 strains.
M, Salmonella Braenderup H9812
Lane 1, No. 1 Lane 2, No. 2 Lane 3, No. 3 Lane 4, No. 4 Lane 5, No. 5 Lane 6, No. 6 Lane 7, No. 7
Lane 8, No. 8 Lane 9, No. 9 Lane 10, No. 10 Lane 11, No. 11 Lane 12, No. 12 Lane 13, No. 13
Lane 14, No. 14 Lane 15, No. 15 Lane 16, No. 16 Lane 17, No. 17
Lane 18, *E. coli* O121 : H19 (other case)



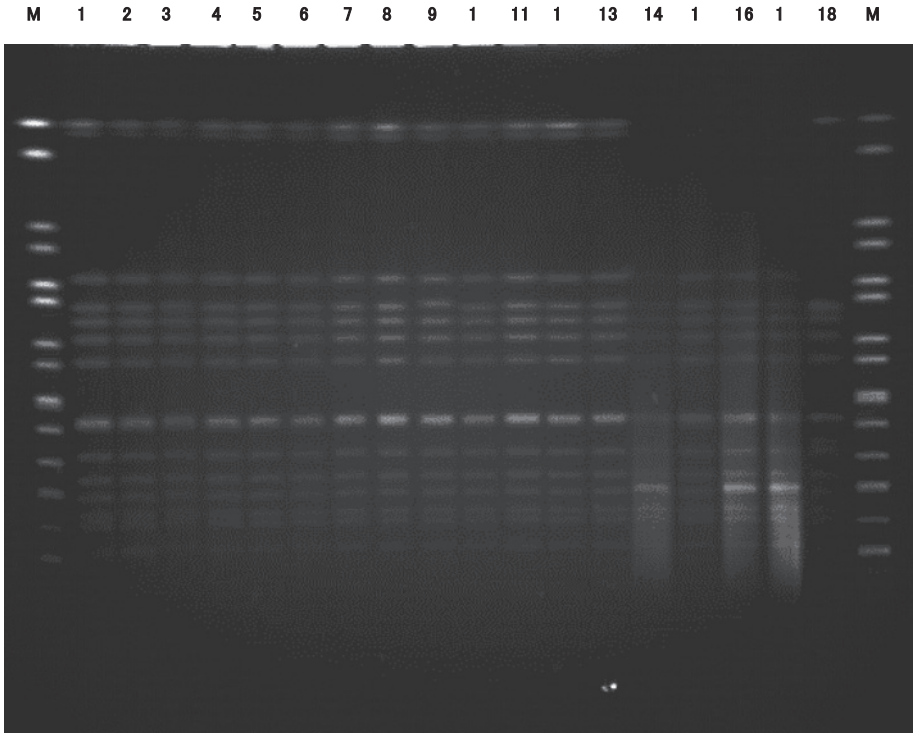
がスメア状となり，パターンの確認が困難だった．しかしながら，*Xba*I 処理による No.14 のバンド 1 本の相違を除くと，今回の 17 株が同一のパターンを示していることが確認された．

考　察

さいたま市内の保育園における EHEC O121 集団感染事例を経験し，医療機関で検出された 2 例と，接触者健康診断による 15 例の合計 17 例の感染者が確認された．これまで我々は，分離培地上に形成された EHEC を疑うコロニーの釣菌について判断に苦慮する場面をたびたび経験してきた．本事例では，対象者が比較的広範囲に及び検体数が多かったことから，従来から使用してきた DHL 培地に加え，クロモアガー STEC 培地を併用した．DHL 培地上に形成されたコロニーを colony-sweep 法により *stx* 遺伝子の検索に用い，クロモアガー STEC 培地上に特徴的な藤色を呈したコロニーを確認培地に接種し，同定に用いた．クロモアガー STEC 培地が選択分離培地として有用で，検査の効率化に資することが経験された．加えて，初発患者（No.1）の菌株が検便イに先んじて入手され，本事例にかかる EHEC O121 の生化学的性状が事前に把握されたことも，検査を円滑に進められた要因と考えている．

本事例では，17 例の EHEC O121 が検出されたが，そのうちの 4 株の薬剤感受性結果に変化が確認された．保育園 A に由来する No.1～13 までは CTX の MIC は感性（≤0.25）だったのに対し，保育園 B に由来する No.14～17 は耐性（32～64）へ変化していた．No.14～17 の 4 株は CTX の他，ABPC，CAZ，CPDX，AZT においても MIC の上昇が確認された．一方，AMK，IPM および LVFX を始めとしたキノロン系薬には 17 株すべてが感性を示した．No.14 から EHEC O121 と同時に検出された *E. coli* O86 の薬剤感受性パターンは，耐性化の見られた No.14～17 の EHEC O121 と同様の結果だった．No.14～17 の EHEC O121 と *E. coli* O86 は CVA による阻害も確認され，同一の ESBL 遺伝子（$bla_{\text{CTX-M-1}}$ group）も検出されたことから，5 株の薬剤耐性に関する共通性が示された．

Figure 4　Pulsed-field gel electrophoresis patterns of *Bln* I digested DNA from EHEC O121 : H19 strains.
M. Salmonella Braenderup H9812
Lane 1, No. 1 Lane 2, No. 2 Lane 3, No. 3 Lane 4, No. 4 Lane 5, No. 5 Lane 6, No. 6 Lane 7, No. 7
Lane 8, No. 8 Lane 9, No. 9 Lane 10, No. 10 Lane 11, No. 11 Lane 12, No. 12 Lane 13, No. 13
Lane 14, No. 14 Lane 15, No. 15 Lane 16, No. 16 Lane 17, No. 17
Lane 18, *E. coli* O121 : H19 (other case)



CTX 感性と耐性の混在した 17 株の EHEC O121 が検出されたものの，これら 17 株の PFGE パターンからは，同一クローンに由来する集団感染だったことを示唆する所見が得られている．加えて，No.14 が検便イの対応中に実施された合同保育を，No.2，4 とともに受けていたこと，No.14 の受診に至る症状出現以前に抗菌薬の服薬歴が無いこと，No.15 以下の 3 例の症状出現時期が No.14 よりも遅いことが，行動調査により把握されている．以上を併せると，No.14 の腸管内における *E. coli* O86 との共存が ESBL 遺伝子の受け渡しによる薬剤耐性化に影響したこと，No.14 を起源とする ESBL 産生 EHEC O121 が NO.15，16，17 へ感染したことが推察された．

本事例が探知される発端となった患者（No.1）を始め，感染者は軽症かほとんど無症状で経過していた．このため，保護者や保育園職員が，園児の感染を早期に探知できず，園内や園児家族への感染拡大を来し，広範囲な接触者健康調査を必要とした要因と推察される．本事例の感染源は，未だに特定されていないものの，感染の範囲が保育園の特定の年齢層に限られていたこと，感染者が確認された年齢層のなかでも No.1 と同年齢の園児からより多くの感染者が確認されたこと，発病者の発症時期にばらつきがみられたこと，給食調理従事者をはじめとした保育園職員に感染者が確認されなかったこと，家族感染者が一部の家族に止まったことなどを勘案すると，給食や家庭での食事を原因とする感染ではなく，保育園内におけるおむつ交換時の汚物処理の不備等を原因とした二次感染によるものと推察された．加えて，対応中に実施された合同保育により，別の保育園に感染が拡大し，同時期に検出された *E. coli* O86 に由来すると思われる薬剤耐性化が確認された．わが国では，毎年，保育園における二次感染によるものと思われる EHEC の集団感染事例が報告されている[2]．さらに，2011 年のドイツでの EHEC O104 の流行など，EHEC の薬剤耐性化も現実の問題となっている[13]．

今後，本事例における一部の EHEC O121 で確認された CTX 耐性の獲得機序を詳しく調査し，推論の検

証を進めてまいりたい.

謝辞：本事例の調査にご尽力していただきました，さいたま市保健所職員の方々に深謝いたします.

利益相反自己申告：申告すべきものなし

文 献

1) Karmali MA：Infection by Verocytotoxin-producing *Escherichia coli*. J Clin Microbiol Reviews 1989；2（1）：15—38.
2) 国立感染症研究所・厚生労働省健康局結核感染症課：＜特集＞腸管出血性大腸菌感染症 2013 年 4 月現在. 病原微生物検出情報 2013；34：123—5.
3) 国立感染症研究所・厚生労働省健康局結核感染症課：知的障害者援護施設で発生した腸管出血性大腸菌 O121 による集団感染事例の概要—秋田県. 病原微生物検出情報 2002；23：254—5.
4) 国立感染症研究所・厚生労働省健康局結核感染症課：保育園で発生した腸管出血性大腸菌 O121 による集団発生事例—大分県. 病原微生物検出情報 2010；31：162—4.
5) Pollard DR, Johnson WM, Lior H, Tyler SD, Rozee KR：Rapid and specific detection of verotoxin genes in *Escherichia coli* by the polymerase chain reaction. J Clin Microbiol 1990；28（3）：540—5.
6) National committee for clinical laboratory standards：Performance standard for antimicrobial disk susceptibility tests. NCCLS 2011；M100—S21.
7) Paton AW, Paton JC：Detection and characterization of Shiga toxigenic *Escherichia coli* by using multiplex PCR assay for stx_1, stx_2, *eaeA*, enterohemorrhagic *E. coli hlyA*, rfb_{O111}, and rfb_{O157}. J Clin Microbiol 1998；36（2）：598—602.
8) Kulasekara BR, Jacobs M, Zhou Y, Wu Z, Sims E, Saenphimmachak C, *et al.*：Analysis of the genome of the *Escherichia coli* O157：H7 2006 spinach-associated outbreak isolate indicates candidate genes that may enhance virulence. Infection And Immunity 2009；77（9）：3713—21.
9) Shibata N, Kurokawa H, Doi Y, Yagi T, Yamane K, Wachino J, *et al.*：PCR classification of CTX-M-type β-lactamase genes identified in clinically isolated gram-negative bacilli in Japan. Antimicrob Agents Chemother 2006；50（2）：791—5.
10) Barrett TJ, Lior H, Green JH, Khakhria R, Wells JG, Bell BP, *et al.*：Laboratory investigation of a multistate food-borne outbreak of *Escherichia coli* O157：H7 by using Pulsed-field gel electrophoresis and phage typing. J Clin Microbiol 1994；32：3013—7.
11) Izumiya H, Terajima J, Wada A, Inagaki Y, Itoh K, Tamura K, *et al.*：Molecular typing of enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157：H7 isolates in Japan by using Pulsed-field gel electrophoresis. J Clin Microbiol 1997；35（7）：1675—80.
12) Tenover FC, Arbeit RD, Goering RV, Mickelsen PA, Murray BE, Persing DH, *et al.*：Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by Pulsed-field gel electrophoresis：criteria for bacterial strain typing. J Clin Microbiol 1995；33（9）：2233—9.
13) Frank C, Werber D, Cramer JP, Askar M, Faber M, Heiden M, *et al.*：Epidemic profile of Shiga-toxin producing *Escherichia coli* O104：H4 outbreak in Germany. N Engl J Med 2011；365（19）：1771—80.

Identification of Resistance and Susceptibility to Cefotaxime in EHEC O121 Strains Isolated from an Outbreak at Two Nurseries

Koji KIKUCHI[1)], Hiroyuki UENO[1)], Kentaro TOMARI[1)], Sumie KOBORI[1)], Akihiko KAETSU[2)] & Motonobu MIYAZAKI[1)]

[1)]Saitama City Institute of Health Science and Research, [2)]Saitama City Health Center

A Shiga toxin 2 producing enterohemorrhagic *Escherichia coli* (EHEC) O121 : H19 was isolated from a 2-year-old child who attending a nursery. An EHEC O121 outbreak in two nurseries (A, B), involving a total of 17 infected persons including 12 children, was revealed through contact investigation. The symptoms of all infected persons were almost all mild, and no one developed the hemolytic uremic syndrome. The combination use of desoxycholate-hydrogen sulfide-lactose (DHL) and CHROMagar STEC as selective isolation media was employed for efficient fecal examination. Nursery A and nursery B were combined as one group after the outbreak in nursery A was confirmed. As a result, EHEC O121 infected persons were also detected in children from nursery B. The 17 strains of EHEC O121 obtained from the total population showed almost the same pulsed-gel electrophoresis (PFGE) pattern, suggesting that these strains were very closely related. However, 13 of these 17 strains obtained from nursery A were susceptible to cefotaxime, whereas the remaining 4 strains obtained from nursery B showed cefotaxime resistance. A cefotaxime resistant *Escherichia coli*（*E. coli*) O86 strain was isolated in the stool specimen from a child who had been infected with the cefotaxime resistant EHEC O121. Both the cefotaxime resistant EHEC O121 and *E. coli* O86 had the same drug resistant gene ($bla_{\text{CTX-M-1}}$ group). The child was the index case of these 4 later cases and had received no antibiotics therapy prior to the laboratory examination. These findings suggested the possibility that an EHEC O121 strain had acquired a drug resistant gene from *E. coli* O86 in the digestive tract of the child.

平成26年 7 月20日