

■研究・実践の課題（テーマ）

モデル調理実験によるカンピロバクター食中毒予防のためのベースラインデータ構築

■主任研究者 岸本 満

■共同研究者 伊藤 智

■研究・実践の目的、方法、結果、考察や提案等の概要

【目的】近年、カンピロバクター食中毒は細菌性食中毒で事件数・患者数ともに第1位を占めている。カンピロバクター食中毒発生の主な原因は、生又は加熱不十分な鶏肉、調理中の取り扱い不備による二次・三次汚染とされ、フードチェーン下流の調理・消費段階での対策が必要とされている。しかし、カンピロバクター属菌はその特性(VBNC など)から実験環境でのコントロールが難しく、特に調理環境での汚染実態や伝播経路の場合は少量の菌を定量する必要がある、従来の培養法を用いた生菌数測定では正確な実態調査は困難とされる。

本研究ではカンピロバクター属菌の調理環境におけるベースラインデータを作成するため、カンピロバクター属菌の特性に影響なく定量的に測定できる Growth-quantitative PCR(GqPCR)法により、汚染伝播モデル実験を構築し二次汚染の伝播実態を調査した。

【方法】調理段階を保管⇒下処理⇒加熱⇒盛付の工程ごとに汚染伝播モデルを構築し、様々な調理操作で発生する二次・三次汚染を伝播率として数値化する。生菌数は GqPCR 法で測定するが、モデル調理操作による菌の死滅や損傷、鶏肉成分などの夾雑物が増菌培養後の生菌数や ct 値に影響することから、増菌前・増菌後の生菌数を培養法で測定し、GqPCR 法の回帰式を最適化した。

【結果】培養法による生菌数、PCR 法による ct 値から、下記の通り、調理操作による影響を最適化した回帰式を構築した。

増菌前・後生菌数回帰式： $y=0.6801x-1.2877$ ($R^2=0.7537$)

ct 値・増菌後生菌数回帰式： $y=0.205x+12.569$ ($R^2=0.6398$)

これらの回帰式を用いた場合、GqPCR 法の推計値と培養法の生菌数の差は $0.36(\pm 0.25)\log\text{CFU/mL}$ だった。このことからモデル調理実験において、GqPCR 法は培養法と同等の結果が得られることが分かった。

ササミの筋取りをモデル調理として、まな板、包丁、手、タッパー、トングへの二次汚染伝播率を測定した。カンピロバクター ジェジュニ $10^5\sim 10^7$ 個汚染したササミから筋取りすることで、まな板に 1.10%、包丁に 0.62%、手に 0.48%、タッパーに 1.01%、トングに 0.48%伝播することが分かった。

今後、二次汚染した調理器具から食材への三次汚染を測定し、得られた結果からどの工程がカンピロバクター食中毒対策において重要か(危険な操作、効果的な衛生管理手法、重要

管理点など)について明確にし、カンピロバクター食中毒発生減少に寄与する。