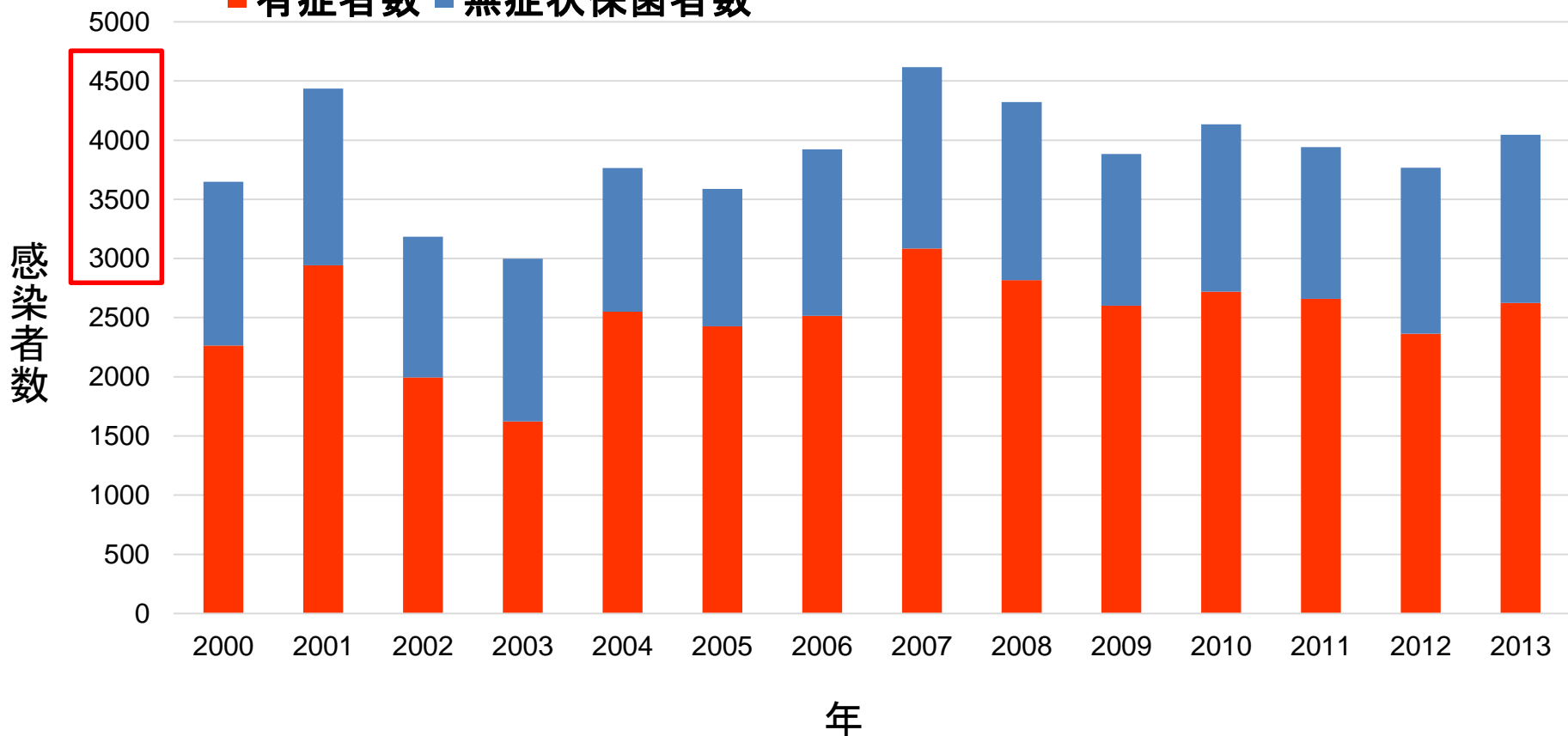


「大腸菌」

伊豫田 淳
感染研・細菌 I 部

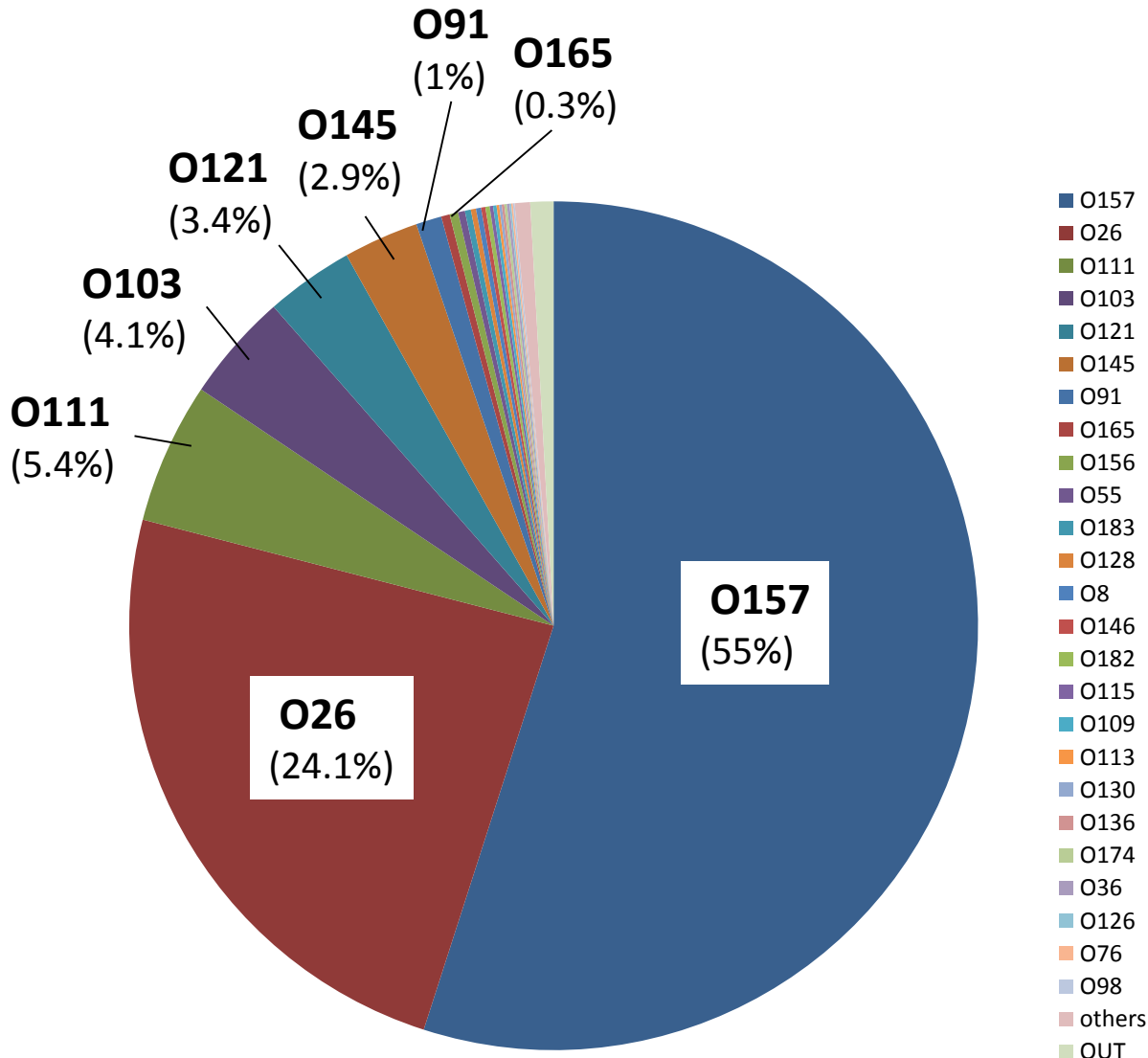
腸管出血性大腸菌感染症の年別発生状況

■ 有症者数 ■ 無症状保菌者数



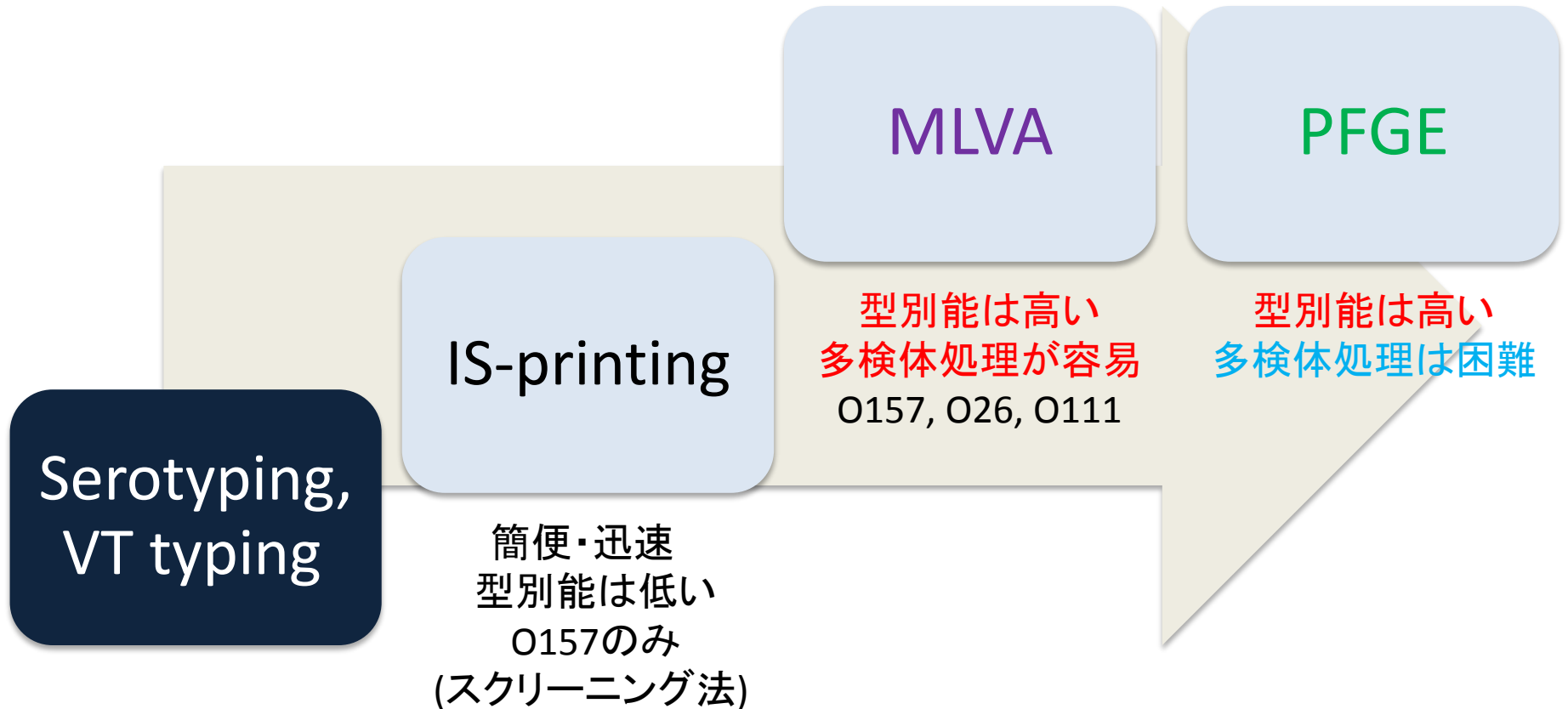
(病原体検出情報の集計)

腸管出血性大腸菌のO血清群 (2013年; n=3,069)



(細菌第一部の集計)

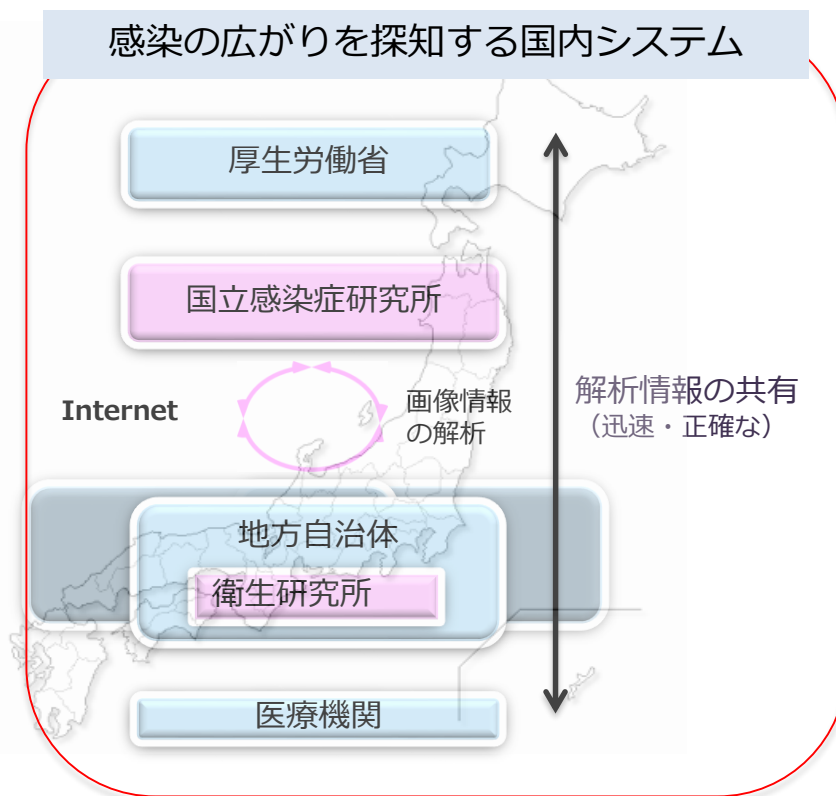
腸管出血性大腸菌の型別法



MLVA: multilocus variable-number tandem repeat analysis

PFGE: pulsed-field gel electrophoresis

腸管出血性大腸菌の分子型別解析結果還元法



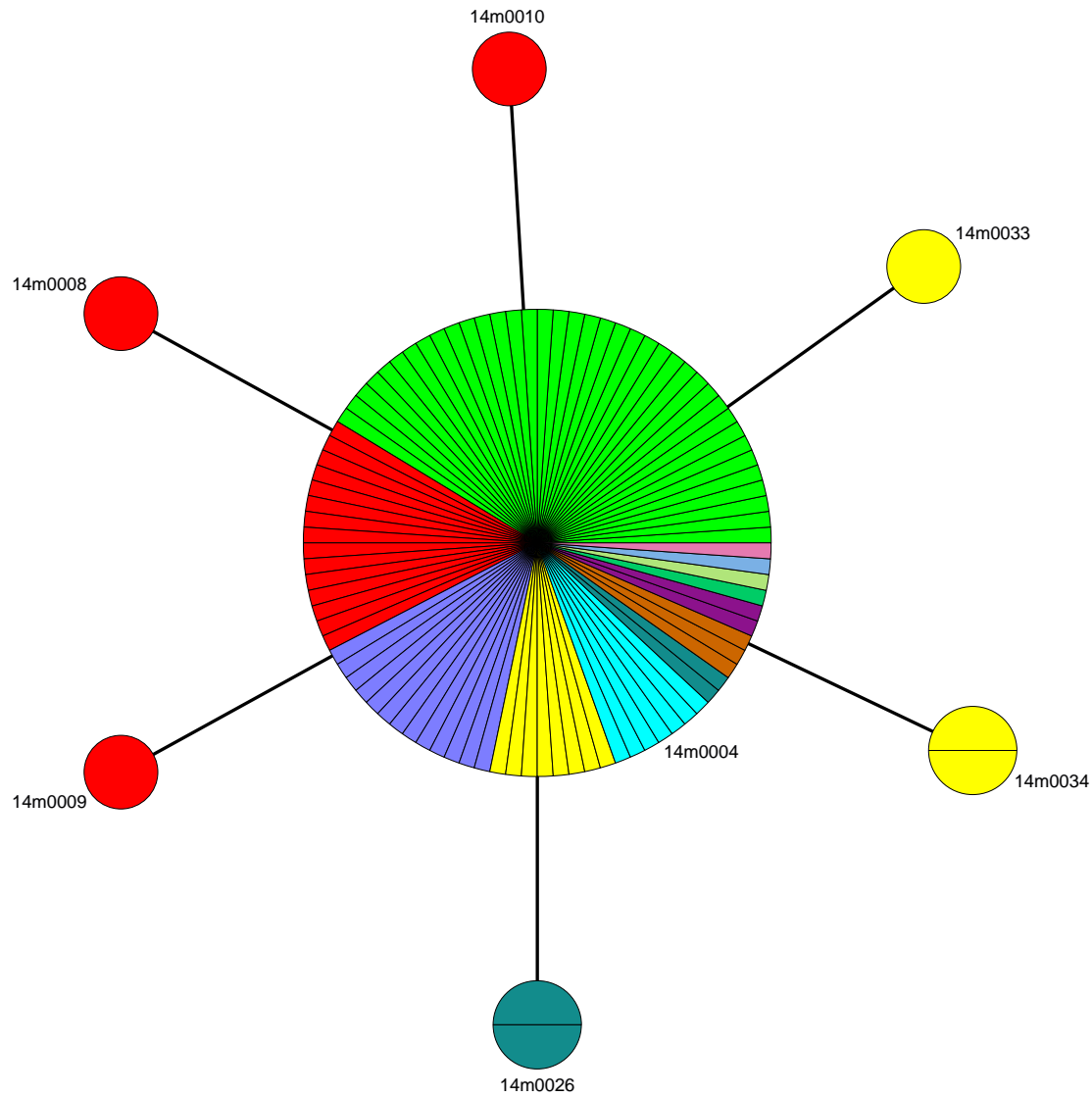
- **O157, O26, O111**は MLVA を利用して迅速に解析結果を報告.
- 広域事例が疑われる場合、**O157, O26, O111**代表株の PFGE データを提示.
- **他のO群**は PFGE 解析結果を報告.

集団事例調査における解析結果の判定基準

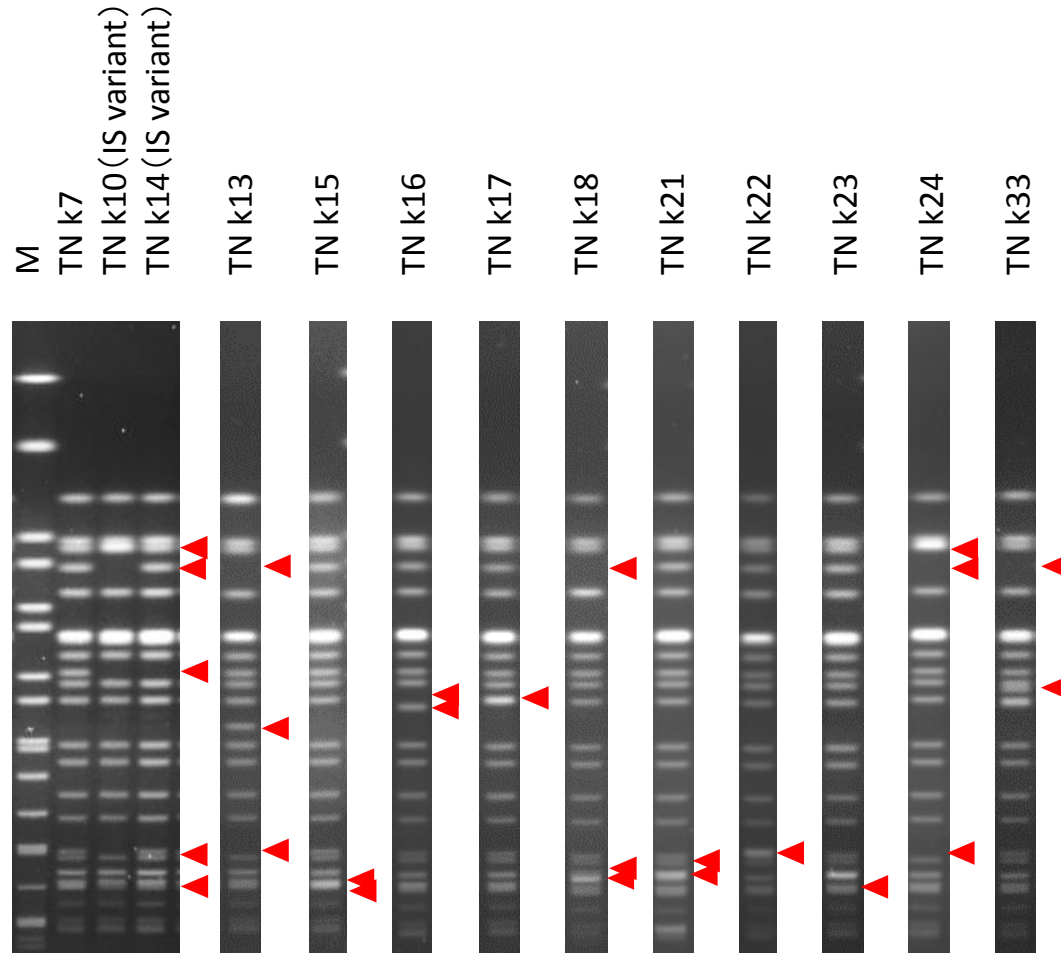
MLVA法では、相違する部位数が0の場合は一致、1部位違いの場合(SLV: single locus variant)は PFGEの2-3バンド違いと同様に集団発生の一部であると解釈します。

分類	PFGE	MLVA	解釈
	断片の相違数	相違部位数	
一致	0	0	分離菌株は集団発生の一部である
密接に関係 (closely related)	2 - 3	1 (SLV)	分離菌株はほぼ確実に集団発生の一部である
関係する可能性 (possibly related)	4 - 6	2	分離菌株は集団発生の一部かもしれない
不一致	7以上	3以上	分離菌株は集団発生の一部ではない

馬刺し関連O157 MLVA パターン



馬刺し関連O157 PFGE パターン



(TN k10およびk14の ◀ 差異バンド位置はまとめて表示)

馬刺し関連 O157 型別まとめ

IS	MLVA type	PFGE type	分離株数	PFGE コメント
Major type	14m0004	K7	78	
Variant type		K10	1	five bands differ. from k7
Variant type		k14	1	two bands differ. from k7
Major type		k13	1	three bands differ. from k7
-		k15	1	two bands differ. from k7
-		k16	1	two bands differ. from k7
Major type		k17	2	one band differ. from k7
-		k21	1	two bands differ. from k7
-		k22	2	one band differ. from k7
-		k23	1	one band differ. from k7
-		k24	1	three bands differ. from k7
-		k33	1	two bands differ. from k7
Major type	14m0008	k7	1	
Major type	14m0009	k7	1	
Major type	14m0010	k18	1	three bands differ. from k7
-	14m0026	k7	2	
-	14m0033	k7	1	
-	14m0034	k7	2	

配布可能菌株 (1) : 下痢原性大腸菌PCRコントロール用菌株

菌株番号	保有遺伝子	PCRサイズ (bp)	プライマーセット
1290	<i>elt</i> <i>estA2</i> <i>astA</i>	123 178 109	ExEC
1297	<i>estA1</i> <i>astA</i>	179 109	ExEC
1298	<i>invE</i>	379	ExEC
1303	<i>stx1/2</i> <i>eae</i>	234 310	ExEC
1733	<i>stx2f</i> <i>eae</i> <i>astA</i>	296 310 109	ExEC
1782	<i>afaD</i>	207	EpALL
1923	<i>eae</i>	310	EpALL
1924	neg control	---	ExEC, EpALL
2279	<i>aggR</i> <i>astA</i>	254 109	EpALL

配布可能菌株 (2) : *stx* PCRコントロール用菌株



Appendix 2

List of reference strains harbouring the *vtx* gene subtypes

SSI collection D number	Strain	Control for toxin subtype	Toxin variant designation	GenBank accession No.	Results obtained using the present method
D2653	EDL933	VT1a	VT1a-O157-EDL933	M19473	<i>vtx1a + vtx2a</i>
D3602	DG131/3	VT1c	VT1c-O174-DG131-3	Z36901	<i>vtx1c + vtx2b</i>
D3522	MHI813	VT1d	Stx1d-O8-MHI813	AY170851	<i>vtx1d</i>
D2435	94C	VT2a	VT2a-O48-94C	Z37725	<i>vtx1a + vtx2a</i>
D3428	EH250	VT2b	VT2b-O118-EH250	AF043627	<i>vtx2b</i>
D2587	031	VT2c	VT2c-O174-031	L11079	<i>vtx2b + vtx2c</i>
D3435	C165-02	VT2d	VT2d-O73-C165-02	DQ059012	<i>vtx2d</i>
D3648	S1191	VT2e	VT2e-O139-S1191	M21534	<i>vtx2e</i>
D3546	T4/97	VT2f	VT2f-O128-T4-97	AJ010730	<i>vtx2f</i>
D3509	7v	VT2g	2g-O2-7v	AY286000	<i>vtx2g</i>

* May result in both fragments at 179 bp and 280 bp

***stx1*: *stx1a*, *stx1c*, *stx1d*,**

stx2*: *stx2a*, *stx2b*, *stx2c*, *stx2d*, *stx2e*, *stx2f*, *stx2g

Statens Serum Institut, Artillerivej 5, DK-2300 Copenhagen S, Denmark.
Phone +45 3268 3334 Fax +45 3268 8238 e-mail fsc@ssi.dk

配布可能菌株 (3) : EHEC, EQA(2013-2014)用菌株



EQA PART: SEROTYPING, PHENOTYPING, GENOTYPING AND *STX*/*VTX* SUBTYPING

RESULTS TABLE

	O group	H type	Vero Cell assay	ESBL prod.	Haemolysin prod.	Beta-glucuronidase prod.	Sorbitol ferm.	<i>eae</i> gene	<i>ehxA</i> gene	<i>vtx1</i> gene	<i>vtx2</i> gene	<i>vtx</i> Subtypes	Additional virulence genes	Pathogenic group
AA1														
BB2														
CC3														
DD4														
EE5														
FF6														
GG7														
HH8														
II9														
JJ10														
KK11														
LL12														
MM13														
NN14														
OO15 ⁿ⁾														

Pos.: Positive, Neg. Negative, alfa: pos. for alfahaemolysin, but entero/alfahaemolysin results is accepted for all strains.

Intermediate result noted in the Vero cell assay is accepted as a positive result. H- result noted in the H type is also accepted for all strains.

^{qq)} Lactose negative

ⁿⁿ⁾ The strain has been observed to lose the ESBL plasmid. Therefore, both results will be accepted.

Gene abbreviations

eae: CVD434. *E. coli* attaching and effacing gene probe.

ehxA: CVD419. Plasmid encoded O157-enterohaemolysin.

vtx1: NTP705. Verotoxin1; Almost identical with the Shiga toxin.

vtx2: DEP28. Verotoxin2; Variants exist. Approx. 60% homology to *vtx1*.

aggR: Gene encoding the master regulator in Enteroaggregative *E. coli*.

aaiC: Chromosomal gene marker for Enteroaggregative *E. coli*.

eht: G119. Heat labile enterotoxin (LT). Almost identical to cholera toxin.

aatA: PCR fragment. The gene encodes the dispersin (*aap*) transporter protein, which is a good plasmid marker for Enteroaggregative *E. coli*.

estAp: DAS101. Heat stable enterotoxin (porcine variant) ST_p (ST1a).

ipaH: WR390. Invasion plasmid antigen. These genes are found in several copies chromosomally as well as on plasmids.

○157チェック「LPS抗体」

- 血清中の大腸菌O-157LPS抗体の検出
 - ラテックス・スライド凝集法
- 販売元:シオノギ製薬(株)、製造販売元:(株)LSIメディエンス
- LPS抗体検出の唯一の体外診断用医薬品 175点
- 採用施設数、出荷数が極少のため、2015年3月末をもって販売終了を検討中(2014年7月最終回製造を検討中)
 - ○抗原凝集抗体価測定が、代替検査になり得るか？
 - 販売終了による影響は？

大腸菌に関するお問い合わせは、一括して

ehec@niid.go.jp へお願いします。

担当：石原 朋子 [ishihara](#)
伊豫田 淳 [siyoda](#)
泉谷 秀昌 [izumiya](#)