

# 家畜における *Escherichia albertii* 保菌状況調査と 分離株の解析

比嘉万理子<sup>1)†</sup> 岡野 祥<sup>1)</sup> 高良武俊<sup>2)</sup>

1) 沖縄県中央食肉衛生検査所 (〒901-1202 南城市大里字大里 2015)

2) 沖縄県衛生環境研究所 (〒904-2241 うるま市字兼箇段 17-1)

(2019年7月10日受付・2020年8月17日受理)

## 要 約

家畜における *Escherichia albertii* の保菌状況を明らかにするため、2017年7～12月の期間に、沖縄県内のと畜場に搬入された豚、牛及び山羊の腸内容物450検体を検査した。また、分離株の分子疫学的解析等を行った。沖縄本島各地からと畜場へ搬入された豚250検体(41農場)中17検体(8農場)から本菌が分離された。分離率は6.8%、農場陽性率は19.5%であった。牛及び山羊はすべてスクリーニング陰性であった。豚由来株はいずれも同様の生化学的性状を示し、すべての分離株から病原関連遺伝子 *eae* 及び *cdt* が検出された。パルスフィールドゲル電気泳動による遺伝子パターンの解析から、豚が保有する菌株は遺伝的多様性があることが明らかとなり、農場内で豚間あるいは環境を介して本菌が伝播し、遺伝子変異を示しつつ比較的長期間維持されていることが示唆された。

——キーワード：新興下痢症原因菌, *Escherichia albertii*, 沖縄県, パルスフィールドゲル電気泳動, 豚。

-----日獣会誌 74, 315～320 (2021)

*Escherichia albertii* (*E. albertii*) は、*Escherichia coli* (*E. coli*) に近縁な新種として2003年に分類された [1]。人における腸管感染症起因菌の一つとされ、国内では集団食中毒事例における本菌の分離が相次いでいる [2-6]。沖縄県では2016年に国内6例目となる集団食中毒事例が発生した [2]。

*E. albertii* 感染による人での症状として、下痢や腹痛などの消化器症状 [2-7] のほか、溶血性尿毒症症候群 (hemolytic uremic syndrome : HUS) を引き起こし重症化した症例もある [8]。感染経路は特定されていない事例も多いが、湧き水や井戸水、生野菜が原因と疑われる事例が複数発生している [9]。病原因子として、高い割合で接着因子のインチミン及び細胞膨化致死毒素 (cytolethal distending toxin : CDT) を有し [2, 3, 6, 10]、一部の株からはベロ毒素 (Vero toxin : VT) が検出されている [8, 11, 12]。

*E. albertii* は国内外において家畜や家禽、野鳥等での保菌が報告されている [13-15] が、自然宿主や食中毒の感染源についてはほとんど解明されていない。また、

鶏肉等から本菌の分離が報告されている [16-18] ことから、食鳥肉や食肉による感染リスクも懸念されている。今回、家畜における *E. albertii* 保菌の実態を把握することを目的とし、と畜場に搬入された豚、牛及び山羊の保菌状況調査と分離株の生化学的性状試験、病原関連遺伝子の検索、パルスフィールドゲル電気泳動 (pulsed-field gel electrophoresis : PFGE) による遺伝子型別を実施した。

## 材料及び方法

**材料**：2017年7～12月の期間に沖縄県中央食肉衛生検査所管内と畜場に搬入された豚250頭(41農場)、牛100頭(35農場)及び山羊100頭(43農場)を対象とした。豚は1農場あたり1～20頭を対象とし、盲腸を無菌的に切開し、盲腸便を約5mlずつ採取し検体とした。牛及び山羊は特定危険部位として廃棄される回腸遠位部を無菌的に切開し、回腸便を約5mlずつ採取し検体とした。対象家畜についてはと畜検査にて消化管病変の肉眼所見の有無を検索した。

† 連絡責任者：比嘉万理子 (沖縄県中央食肉衛生検査所)

〒901-1202 南城市大里字大里 2015 ☎ 098-945-3000 FAX 098-946-2690  
E-mail : higamr@pref.okinawa.lg.jp

表1 検索した病原関連遺伝子のプライマー配列

標的遺伝子	プライマー	塩基配列 (5'-3')	引用文献
<i>stx1</i>	EVT1	CAA CAC TGG ATG ATC TCA G	[20]
	EVT2	CCC CCT CAA CTG CTA ATA	
<i>stx2</i> ( <i>stx2f</i> を含む)	EVS	ATC AGT CGT CAC TCA CTG GT	[20]
	EVC2	CTG CTG TCA CAG TGA CAA A	
<i>elt</i>	LT-2	GTG CTC AGA TTC TGG GTC TC	[21]
	LT-11	CCC ACC GGA TCA CCA	
<i>estA1</i>	ST1a_s	GCA ATT TTT ATT TCT GTA TTA TCT TT	[21]
	ST1a_as	GGA TTA CAA CAA AGT TCA CAG	
<i>astA</i>	EAST0S1	GCC ATC AAC ACA GTA TAT CCG	[21]
	EAST0AS2	CGC GAG TGA CGG CTT TGT AG	
<i>ipaH</i>	ipaIII	GTT CCT TGA CCG CCT TTC CGA TAC CGT C	[22]
	ipaIV	GCC GGT CAG CCA CCC TCT GAG AGT AC	
<i>eae</i>	SK1	CCC GAA TTC GGC ACA AGC ATA AGC	[22]
	SK2	CCC GGA TCC GTC TCG CCA GTA TTC G	

**スクリーニング試験**：検体1mlを緩衝ペプトン水（以下，BPW：日水製薬(株)，東京）9mlに懸濁し，42℃一晩培養した。培養液1mlを1,000rpmで1分間遠心分離し，上清0.1mlからアルカリ熱抽出法によりDNAを抽出した。すなわち，10,000rpmで10分間遠心分離し，沈査に100mM NaOH 85μlを添加した。98℃10分間加熱処理後，1 M Tris-HCl (pH7.0) 15μlを加えた。10,000rpmで10分間遠心分離し，上清を回収してDNAサンプルとした。これをテンプレートとし，*E. albertii*のハウスキーピング遺伝子である*lysP*の特異配列を標的としたHymaら [19]のPCRによりスクリーニングを行った。

**分離培養**：スクリーニング陽性となった検体（BPW培養物ではなく採材便）約10μlずつをXLD寒天培地（日本製薬(株)，東京）2枚に塗抹し37℃一晩培養した。*E. albertii*と疑われる無色・透明コロニーについて，*E. albertii*暫定的検出法である*lysP*，*mdh*，*clpX*を対象としたmultiplex PCR [13, 19]により同定した。

**培地の有効性確認試験**：スクリーニング陽性かつ分離陽性となった検体について，BPW培養物約10μlをXLD寒天培地に塗抹し，37℃一晩培養後，*E. albertii*の発育を観察した。

**生化学性状試験**：本調査で分離した株を，TSI寒天培地（日水製薬(株)，東京），LIM培地（日水製薬(株)，東京）及びシモンズクエン酸寒天培地（以下，SC培地：栄研化学(株)，東京）に接種し，18～24時間培養後，生化学的性状を確認した。また，オキシダーゼ試験（栄研化学(株)，東京）及びカタラーゼ試験を行った。

**病原関連遺伝子の検索**：分離株の抽出DNAを用いて，表1に示す下痢原性大腸菌の病原遺伝子を検索した。また，*E. albertii*が保有するとされる*cdtB*については

表2 家畜における *Escherichia albertii* スクリーニング及び分離結果

	検体数	スクリーニング陽性数 (陽性率)	分離数 (分離率)
豚	250 [41農場]	40 (16.0%)	17 (6.8%) [8農場]
牛	100 [35農場]	0	NT*
山羊	100 [43農場]	0	NT*

\* : NT (Not tested)

既報 [23] に従いPCRを行うとともに，*cdt I*～*V*のバリエーションを検索しサブタイピングを実施した。

**PFGEによる遺伝子型別試験**：PulseNet Protocol (<https://www.cdc.gov/pulsenet/pathogens/pfge.html>)，(参照2019-10-22)に従い，*Salmonella enterica* serovar Braenderup H9812を標準株としてPFGEを実施した。本調査で分離した株及び参考株として，2016年に沖縄県で発生した食中毒の患者由来1株を血液寒天培地（日水製薬(株)，東京）に塗抹し，37℃で16～18時間培養後，滅菌蒸留水1mlに懸濁し，デンシマット（バイオメリュー・ジャパン(株)，東京）にてマクファールランド6.0～6.2の菌液を調整した。アガロース（SeaKem Gold Agarose, Lonza, Switzerland）と混和し，菌体包埋プラグを作製した。Proteinase K (Roche Diagnostics, Germany)により溶菌処理後，DNAを制限酵素*Xba I* (Roche Diagnostics, Germany)で切断した。PFGE電気泳動装置（CHEF DR-III, Bio-Rad Laboratories, U.S.A.）を用い，6.0V/cm，パルスタイム2.2～54.2秒で18.4時間，緩衝液温度14℃の条件で泳動した。アガロースゲルをエチジウムブロミドで

表3 *Escherichia albertii* 分離農場の所在地及び農場別分離状況

農場	農場所在地	採材日別分離状況 (分離検体数/検体数を示す)									分離率 (%)	
		2017年 7月24日	7月 31日	8月 14日	8月 21日	8月 28日	9月 4日	9月 12日	9月 26日	10月 30日		計
A	V村 (北部)	2/8		0/4						0/6	2/18	11.1
B	V村 (北部)						1/10				1/10	10.0
C	W村 (北部)			1/4	1/3	0/3			2/3	2/5	6/18	33.3
D	W村 (北部)				0/10				2/3		2/13	15.4
E	X村 (中部)		0/5			1/2					1/7	14.3
F	Y市 (中部)							1/5	0/3		1/8	12.5
G	Z市 (南部)		0/1	0/2	1/2	2/3					3/8	37.5
H	Z市 (南部)								1/7		1/7	14.3

表4 豚における *Escherichia albertii* 分離と消化管病変

	消化管病変		オッズ
	あり	なし	
分離陽性	2	15	0.13
分離陰性	65	168	0.39

染色後、画像撮影装置 (Gel Doc XR Plus, Bio-Rad Laboratories, U.S.A.) により泳動像をデジタル化し、遺伝子切断パターンの系統樹解析はソフトウェア (BioNumerics, Applied Maths, Belgium) を用いて実施した。解析は Dice 係数を使用し、optimization 値 0.50%, tolerance 値 0.50%, unweighted pair group method with arithmetic mean 法を用いて系統樹を作成した。

## 成 績

**スクリーニング試験:** 豚 250 検体中 40 検体がスクリーニング陽性となった。牛及び山羊はすべてスクリーニング陰性であった。

**分離培養:** スクリーニング陽性となった豚 40 検体中 17 検体から *E. albertii* が分離された (表2)。分離率は 6.8% (17/250 検体)、農場陽性率は 19.5% (8/41 農場) であった。*E. albertii* が分離された豚 17 頭は 8 農場 (農場 A~H) 由来で、農場は沖縄本島北部から南部の各地に点在していた (表3)。農場別分離率は 10.0% (農場 B: 1/10 検体)~37.5% (農場 G: 3/8 検体) であった。

また、と畜検査にて腹膜炎、大腸炎、小腸炎のいずれかの消化管病変を認めたものは、*E. albertii* 分離陽性となった豚で 2 頭、分離陰性となった豚で 65 頭であった (表4)。

**培地の有効性確認試験:** BPW 培養物を XLD 寒天培地に塗抹し培養したものは、便の直接塗抹培養に比べ、*E. albertii* と疑わしいコロニーは少ないかまたは観察されなかった。

**生化学性状試験:** 豚由来 17 株は TSI 培地上で乳糖及び白糖非分解、ブドウ糖分解、硫化水素非産生、LIM

表5 *Escherichia albertii* 分離株の生化学的性状

培 地	生化学的性状	豚由来 17 株
TSI	乳糖・白糖分解	-
	ブドウ糖分解	+
	H <sub>2</sub> S 産生	-
LIM	リジン脱炭酸	+
	インドール産生	+
	運動性	-
SC*	クエン酸利用能	-
	オキシダーゼ	-
	カタラーゼ	+

\*SC: シモンズクエン酸寒天培地

培地上でリジン脱炭酸酵素陽性、インドール産生、非運動性、SC 培地上でクエン酸利用陰性、オキシダーゼ陰性、カタラーゼ陽性であった (表5)。

**病原関連遺伝子の検出:** 豚由来株すべてから *eae* 及び *cdt* が検出された。その他の病原関連遺伝子はすべて検出されなかった。*cdt* のサブタイピングにより、豚由来株は II III V (13 株)、I II III V (3 株)、II V (1 株) の 3 つに分類された (図)。

**PFGE による遺伝子型別試験:** 系統樹解析にて一致率が 80% 以上となった菌株を同一クラスターとすると、豚由来株は 3 つのクラスター (c1, c2, g) を含む 9 つの PFGE パターンに分類された (図)。農場 G の豚から分離された 3 株は一致率が 100% となり、クラスター g を形成した。農場 A の豚から同日に採材し分離された 2 株 (菌株 No. 1, 2) は、異なる PFGE パターンを示した。同様に、農場 C の No. 8 と 9 及び農場 D の No. 10 と 11 もそれぞれ同日採材で異なる PFGE パターンを示した。農場 C と D の菌株は、混合した 2 種類のクラスター (c1, c2) を形成した。農場 C では 2017 年 8 月 21 日と同年 10 月 30 日に採材・分離された 2 株 (No. 5, 8) 及び 2017 年 8 月 14 日~10 月 30 日の期間に分離された 4 株 (No. 4, 6, 7, 9) がそれぞれ同一クラスターであった。農場 B, E, F, G, H の菌株は、それぞれ農

家畜における *E. albertii* 保菌状況調査と分離株の解析

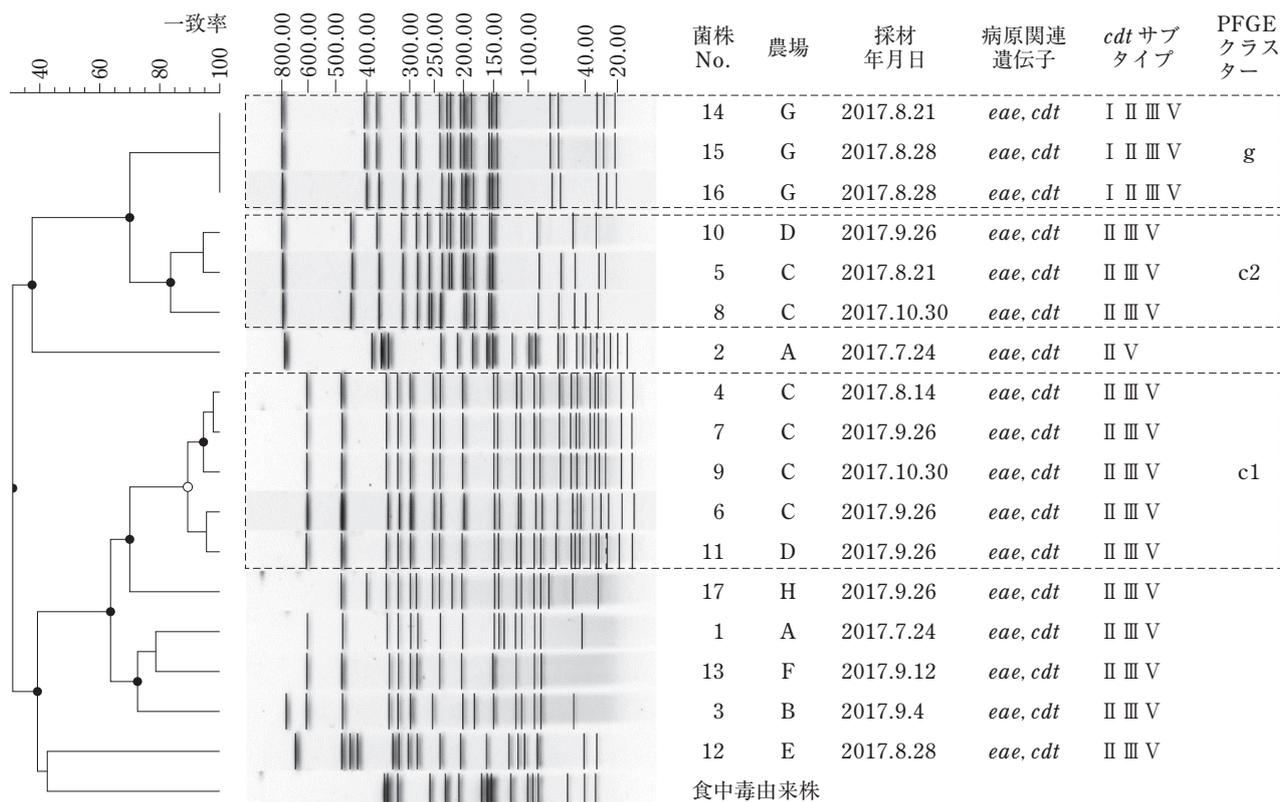


図 *Escherichia albertii* 豚及び食中毒由来株のパルスフィールドゲル電気泳動解析結果 (*Xba* I 切断), 分離の概要及び病原関連遺伝子

場ごとに異なる PFGE パターンを示した。

考 察

新興腸管感染症の原因菌であり疫学情報の少ない *E. albertii* について家畜での分布を明らかにするため、豚、牛及び山羊の保菌状況調査を行った。豚由来検体の 6.8% から本菌を分離し、牛及び山羊はすべてスクリーニング陰性となった。

今回、と畜場の解体処理工程を考慮して、豚は盲腸から、牛及び山羊は回腸遠位部からの採材とした。動物種により保菌に差があるかどうかを明らかにするためには、採材部位については再考の余地がある。

豚ではスクリーニング陽性検体数 (n=40) に比べ、分離検体数 (n=17) が半減した。その理由として、第一にスクリーニング PCR の非特異反応が考えられた。lysP のプライマーについて、Maeda ら [24] は、野菜から本プライマーにて検出された増幅産物の配列が *E. albertii* よりも *Klebsiella* 属菌の配列に類似していたことを報告しており、本調査のスクリーニング PCR においても他菌の lysP 領域が検出されていた可能性が考えられた。第二に、今回実施した分離培養法では、豚における *E. albertii* は他の夾雑菌に比べ増殖・分離効率が悪いという可能性が考えられた。*E. albertii* は特徴的な性状に乏しく [11, 14, 25], 特異的に増殖する選択培地

が開発されていない。本調査で使用した BPW による培養は多検体処理などのスクリーニングには有効であるが、豚糞便における *E. albertii* の増菌培養には適さないと考えられた。XLD 寒天培地は本菌の鑑別に有効であるが、夾雑菌も多く観察されたため、*E. albertii* の発育が阻害された可能性がある。

豚由来株の TSI 寒天、LIM、SC 培地を用いた生化学的性状は、報告されている人及び鳥由来株の性状 [3, 4, 8, 13, 14] と同様の傾向がみられた。*E. coli* や他の類似菌と異なり多くの *E. albertii* に共通してみられる性状として、乳糖から酸を産生せず、リジン脱炭酸作用及びインドール産生能を持つ。*E. albertii* の疫学調査を進めるためには、これらの性質を利用した最適な分離培養法の確立が待たれる。

*E. albertii* は当初より *eae* の保有を基準に分離されてきた [3, 4, 10, 14]。一方、*cdt* は *E. albertii* において高い割合で遺伝子が検出されており [3, 6, 11-19], さらに、細胞に対する毒素の活性も示されている [12]。今回、豚由来株からも *eae* 及び *cdt* が検出されたことから、病原性を持つ可能性が示唆された。Albert ら [7] は、下痢症患者から分離した *E. albertii* を特殊な手法にてウサギ腸管に接種したところ、腸管病原性大腸菌による感染症に類似した腸粘膜病変が形成され、下痢を引き起こすことを示した。本調査では、豚の消化管病変の

有無と *E. albertii* の分離は関連しなかった (オッズ比 0.34)。動物由来株が人へ感染し、疾病を引き起こす危険性を明らかにするため、今後、動物由来株の病原性について解析を進めることが重要と思われた。

豚由来株の *cdt* は、サブタイピングにより3つに分類された。*E. albertii* は、ほとんどの株でサブタイプ II III V に属するバリエーションを保有し、まれに I IV のバリエーションまたは両方を有する株が存在するとされており [12-14]、今回の結果も同様であった。

PFGE による解析では、豚由来株は遺伝的多様性を示し、同一株や近縁株もみられた。3農場ではそれぞれ同時に2種類の遺伝子型の菌株が存在しており、遺伝的多様性は農場単位でも確認された。農場 G では2日間で3頭の豚から同一菌株が分離されたことから、豚間あるいは農場内の環境を介した菌の伝播が示唆された。農場 C では2カ月半にわたり PFGE パターンの類似した遺伝的に近縁と考えられる菌株が分離されたことから、農場内に特定の株がまん延し遺伝子変異を示しながら維持されていたことが示唆された。また、同じクラスターの株が分離された農場 C 及び D は地理的に近い場所にある。同一の起源を有する菌株が複数の農場に伝播した可能性を明らかにするためには、農場の疫学的関連を調べる必要がある。

本研究は、遺伝的に多様な *E. albertii* 菌株が複数の農場の複数の豚で保菌されていること、また、農場内では菌株が豚間で伝播し、比較的長期間維持されていることを明らかとした。本菌が豚肉から人へと感染するか否かは現段階で明らかではないが、少なくとも豚は *E. albertii* の保菌動物であり、公衆衛生上、今後さらなる検討が必要である。と畜場の食肉衛生管理においては、豚の腸管内にサルモネラなどの既知の病原細菌に加え新たに *E. albertii* が存在することを広く周知することにより、食肉の微生物汚染防止策を徹底し、食中毒予防に努めなければならない。

## 引用文献

- [1] Huys G, Cnockaert M, Janda JM, Swings J : *Escherichia albertii* sp. nov., a diarrhoeagenic species isolated from stool specimens of Bangladeshi children, *Int J Syst Evol Micr*, 53, 807-810 (2003)
- [2] 高良武俊, 仲間絵理, 喜屋武向子, 柿田徹也, 久場由真仁, 加藤峰史, 久高 潤 : ニガナの白和えを原因食品とする *Escherichia albertii* による集団食中毒事例—沖縄県, *IASR*, 37, 252-253 (2016)
- [3] Ooka T, Tokuoaka E, Furukawa M, Nagamura T, Ogura Y, Arisawa K, Harada S, Hayashi T : Human gastroenteritis outbreak associated with *Escherichia albertii*, Japan, *Emerg Infect Dis*, 19, 144-146 (2013)
- [4] Asoshima N, Matsuda M, Shigemura K, Honda M, Yoshida H, Hiwaki H, Ogata K, Oda T : Identification of *Escherichia albertii* as a causative agent of a food-borne outbreak occurred in 2003, *Jpn J Infect Dis*, 67, 139-140 (2014)
- [5] 長岡宏美, 鈴木秀紀, 村田学博, 森主博貴, 松橋平太, 山田俊博 : 静岡県で発生した *Escherichia albertii* による食中毒事例について—同定までの経緯, *IASR*, 37, 254-255 (2016)
- [6] 石岡真緒, 関 哲, 中田友理, 谷澤 輝, 若月 章, 片岡俊輔, 床井由紀 : 宇都宮市で発生した *Escherichia albertii* による食中毒事例について, *IASR*, 38, 175-176 (2017)
- [7] Albert MJ, Alam K, Islam M, Montanaro J, Rahman AS, Haider K, Hossain MA, Kibriya AK, Tzipori S : *Hafnia alvei*, a probable cause of diarrhea in humans, *Infect Immun*, 59, 1507-1513 (1991)
- [8] 伊豫田 淳, 石嶋 希, 李 謙一, 石原朋子, 大西 真 : HUS 患者から分離された *stx2f* 陽性の *Escherichia albertii* について, *IASR*, 37, 255 (2016)
- [9] 村上光一, 大石和徳, 伊豫田 淳, 大西 真, 深田真美, 増田加奈子, 前田詠里子, 世良暢之, 麻生嶋七美, 本田己喜子, 成松浩志, 緒方喜久代, 戸田純子, 原田誠也, 西村浩一, 大岡唯祐, 林 哲也 : Vero 毒素産生株が散見される新興感染症原因菌 *Escherichia albertii* について, *IASR*, 37, 98-100 (2016)
- [10] Konno T, Yatsuyanagi J, Takahashi S, Kumagai Y, Wada E, Chiba M, Saito S : Isolation and identification of *Escherichia albertii* from a patient in an outbreak of gastroenteritis, *Jpn J Infect Dis*, 65, 203-207 (2012)
- [11] Murakami K, Etoh Y, Tanaka E, Ichihara S, Horikawa K, Kawano K, Ooka T, Kawamura Y, Ito K : Shiga toxin 2f-producing *Escherichia albertii* from a symptomatic human, *Jpn J Infect Dis*, 67, 204-208 (2014)
- [12] Hinenoya A, Yasuda N, Hibino T, Shima A, Nagita A, Tsukamoto T, Yamasaki S : Isolation and characterization of an *Escherichia albertii* strain producing three different toxins from a child with diarrhea, *Jpn J Infect Dis*, 70, 252-257 (2017)
- [13] Oaks JL, Besser TE, Walk ST, Gordon DM, Beckmen KB, Burek KA, Haldorson GJ, Bradway DS, Ouellette L, Rurangirwa FR, Davis MA, Dobbin G, Whittam TS : *Escherichia albertii* in wild and domestic birds, *Emerg Infect Dis*, 16, 638-646 (2010)
- [14] Ooka T, Seto K, Kawano K, Kobayashi H, Etoh Y, Ichihara S, Kaneko A, Isobe J, Yamaguchi K, Horikawa K, Gomes TAT, Linden A, Bardiau M, Mainil JG, Beutin L, Ogura Y, Hayashi T : Clinical significance of *Escherichia albertii*, *Emerg Infect Dis*, 18, 488-492 (2012)
- [15] Hinenoya A, Shima K, Asakura M, Nishimura K, Tsukamoto T, Ooka T, Hayashi T, Ramamurthy T, Faruque SM, Yamasaki S : Molecular characterization of cytolethal distending toxin gene-positive *Escherichia coli* from healthy cattle and swine in Nara, Japan, *BMC Microbiol*, 14, 97-109 (2014)
- [16] Maeda E, Murakami K, Sera N, Ito K, Fujimoto S : Detection of *Escherichia albertii* from chicken meat and giblets, *J Vet Med Sci*, 77, 871-873 (2015)

- [17] Asoshima N, Matsuda M, Shigemura K, Honda M, Yoshida H, Oda T, Hiwaki H : Isolation of *Escherichia albertii* from raw chicken liver in Fukuoka city, Japan, *Jpn J Infect Dis*, 68, 248-250 (2015)
- [18] Wang H, Li Q, Bai X, Xu Y, Zhao A, Sun H, Deng J, Xiao B, Liu X, Sun S, Zhou Y, Wang B, Fan Z, Chen X, Zhang Z, Xu J, Xiong Y : Prevalence of *eae*-positive, lactose non-fermenting *Escherichia albertii* from retail raw meat in China, *Epidemiol Infect*, 144, 45-52 (2016)
- [19] Hyma KE, Lacher DW, Nelson AM, Bumbaugh AC, Janda JM, Strockbine NA, Young VB, Whittam TS : Evolutionary genetics of a new pathogenic *Escherichia* species: *Escherichia albertii* and related *Shigella boydii* strains, *J Bacteriol*, 187, 619-628 (2005)
- [20] Pal A, Ghosh S, Ramamurthy T, Yamasaki S, Tsukamoto T, Bhattacharya SK, Nair GB, Takeda Y : Shiga-toxin producing *Escherichia coli* from healthy cattle in a semi-urban community in Calcutta, India, *Indian J Med Res*, 110, 83-85 (1999)
- [21] 磯崎将博, 小林 治, 星子文香, 津嶋かおり, 金子 優, 松下久美子, 北川真喜, 江成 博 : 下痢症患者から分離された下痢原性大腸菌の各種病原因子の保有状況について, *日本臨床微生物学雑誌*, 26, 24-29 (2016)
- [22] Toma C, Lu Y, Higa N, Nakasone N, Chinen I, Baschier A, Rivas M, Iwanaga M : Multiplex PCR assay for identification of human diarrheagenic *Escherichia coli*, *J Clin Microbiol*, 41, 2669-2671 (2003)
- [23] Tóth I, Hérault F, Beutin L, Oswald E : Production of cytolethal distending toxins by pathogenic *Escherichia coli* strains isolated from human and animal sources: establishment of the existence of a new *cdt* variant (Type IV), *J Clin Microbiol*, 41, 4285-4291 (2003)
- [24] Maeda E, Murakami K, Okamoto F, Etoh Y, Sera N, Ito K, Fujimoto S : Nonspecificity of primers for *Escherichia albertii* detection, *Jpn J Infect Dis*, 67, 503-505 (2014)
- [25] Abbott SL, O'Connor J, Robin T, Zimmer BL, Janda JM : Biochemical properties of a newly described *Escherichia* species, *Escherichia albertii*, *J Clin Microbiol*, 41, 4852-4854 (2003)

Prevalence and Molecular Epidemiological Analysis of *Escherichia albertii* from Livestock in Okinawa, Japan

Mariko HIGA<sup>1)†</sup>, Sho OKANO<sup>1)</sup> and Taketoshi TAKARA<sup>2)</sup>

1) *Okinawa Prefectural Chuo Meat Hygiene Inspection Center, 2015 Ozato, Ozato, Nanjo, 901-1202, Japan*

2) *Okinawa Prefectural Institute of Health and Environment, 17-1 Kanekadan, Uruma, 904-2241, Japan*

SUMMARY

A total of 450 intestinal content specimens from the livestock were examined to survey the prevalence of *Escherichia albertii* among swine, cattle, and goat on Okinawa Island from July to December 2017. The results showed that 17 *E. albertii* isolates were obtained from 6.8% of the swine samples (17/250) from eight farms. All isolates harbored pathogenic associated genes (*eae* and *cdt*) with identical biochemical properties, such as no acid production from lactose or sucrose. Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) showed several patterns of the isolates, suggesting genetic diversity among the swine isolates. Interestingly, four of six isolates obtained from a farm over a three-month period showed similar PFGE patterns. These results indicated that multiple genotypes of *E. albertii* may spread among swine directly or via the farm environment in Okinawa Island. — Key words : emerging enteropathogen, *Escherichia albertii*, Okinawa Prefecture, pulsed-field gel electrophoresis, swine.

† Correspondence to : Mariko HIGA (Okinawa Prefectural Chuo Meat Hygiene Inspection Center)

2015 Ozato, Ozato, Nanjo, 901-1202, Japan

TEL 098-945-3000 FAX 098-946-2690 E-mail : higamr@pref.okinawa.lg.jp

*J. Jpn. Vet. Med. Assoc.*, 74, 315 ~ 320 (2021)