

PFGE パターン	年 月	H11				H12				H13				H14				H15											
		5	7	9	11	1	3	5	7	9	11	1	3	5	7	9	11	1	3	5	7	9	11	1	3	5	7	9	11
A1		●	●	●		●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
A3						●●					●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	●●	
C3						●●																							
D2		●●	●																										
E																	●	●	●	●	●	●							
J																													
L																													
その他		●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	

図2 主なPFGEパターンを示したSalmonella Enteritidisの分離時期

●散発事例 ▲集団発生事例

15年の県内地域別の検出状況を図3に示した。置賜地方の18株ではA3が14株、A1が2株とA3の検出率が高く、村山地方の25株ではA1が11株、A3が8株とA1、A3の検出数は同程度であった。これに対し、庄内地方ではA1が19株中17株、最上地方では5株全てがA1であり、A1、A3の検出率に明らかな地域差が認められた。

他県の株では、秋田県の15株は、8パターン、福島県内の10株は5パターン、青森県の30株では、15パターンを示した。山形県内の株と比較したところ、秋田県の8株がA1、また、青森県でも1株のみA1パターンを示した(表2)。しかしながら、その他の秋田県7株、青森県29株および福島県の10株では山形県内株との一致は認められなかった。また、この3県間で一致するパターンも認められなかった。

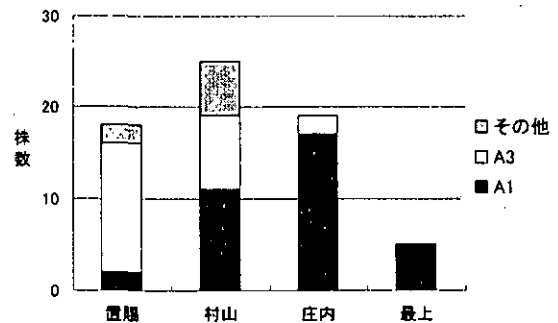


図3 山形県内地域別検出状況(平成15年)

【考察】

山形県内ではサルモネラによる食中毒が毎年発生している。しかし、これらはサルモネラによる下痢症患者の一部に過ぎず、県内18医療機関においては、5年間に食中毒患者数の5倍以上の612件の検出報告があった。患者から検出される血清型はSEが多く、平成14年、15年は約7割がSEであった。また、平成11年は、S.Oranienburgが最も多く検出されたが、これは全国規模で発生した乾燥イカ菓子原因とする食中毒によるものであった。

SEの遺伝子解析では、山形県内患者由来株の過半数がA1、A3の2パターンで占められた。特に15年は検出されたSEの88%がA1、A3のいずれかであった。この2パターンの検出では明らかな地域差が認められたが、その要因として感染源の存在や食材の流通経路が強く関与しているものと考えられた。また、A1は秋田県株の約半数、青森県株でも1株検出されており、その汚染が県内外広域に及ぶ可能性がある一方、他のパターンでは複数の県で検出されたものがなく、限られた地域内の流行である事が示唆された。

潜在的集団発生(diffuse outbreak)の探知や被害の拡大防止には、事例間の関連性を把握し、その感染源を早期に究明することが求められる。そのためには、菌株は集団発生事例のみならず医療機関で分離される散発事例についても多く収集すること、さらに遺伝子解析およびその情報還元を速やかに行い、疫学調査に活用していく広域的なシステム構築が必要と思われる。現在、国立感染症研究所を中心にパルスネットの構築が図られているが、その早期実用化が望まれる。

最後に貴重な分離菌株を提供頂いた秋田県衛生科学研究所、福島県衛生研究所、青森県環境保健センター並びに県内の医療機関、各保健所検査課の皆様に感謝します。

Salmonella Enteritidis の食中毒事例

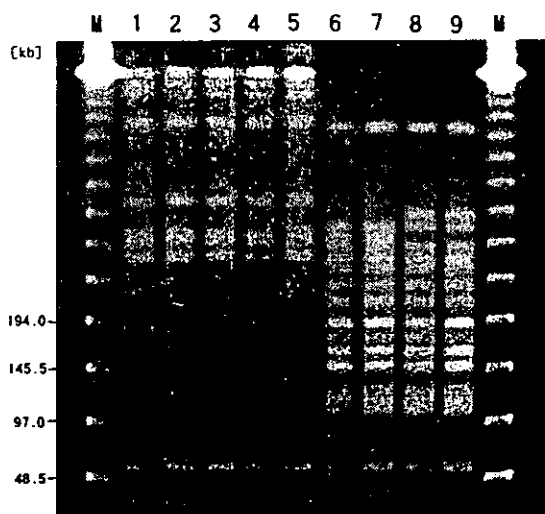
平成 15 年 7 月 8 日に県内のゴルフクラブのレストランで昼食を摂った者が、腹痛・下痢等の食中毒様症状を呈している旨の連絡が保健所に入り、疫学調査が開始された。

調査対象者は 76 名であり、そのうち発症者は 10 名であった。調査および検査は 3 カ所の保健所で実施され、食品、ふきとり、従事者便、患者便の検査を実施した結果、患者便 5 件からサルモネラ 09 群が検出された。このサルモネラ 09 群は、当所で検査の結果すべて *S. Enteritidis* となった。

これらの患者は 2 カ所の保健所 (A・B) 管内からで、それぞれ所属するグループが異なっており、患者に共通する食事が当該施設で提供されたオムライスと推定され、26 名が摂取し、そのうち 10 名が発症していた。また、使用された卵は前日に割卵され冷蔵保管されたことから、細菌の汚染と増殖の機会があったことも推定された。

以上のことから、本事例はサルモネラによる食中毒と断定された。分離された 5 株の *S. Enteritidis* と、昨年の県内での食中毒 2 事例からの *S. Enteritidis* について PFGE 法を実施した結果、5 株の *S. Enteritidis* は同一パターンを示したことから疫学調査を裏付ける科学的根拠の一つとなった。

*泳動条件：電圧 6 V/cm、パルスタイム 5～50 秒、泳動時間 22 時間で実施。
制限酵素は、*Bln*I を用いた。



レーン M : DNA マーカー (Lambda Ladder)
 1 : A 保健所管内, 糞便由来, 52 歳, 男
 2 : B 保健所管内, 糞便由来, 34 歳, 男
 3 : B 保健所管内, 糞便由来, 20 歳, 男
 4 : B 保健所管内, 糞便由来, 42 歳, 男
 5 : B 保健所管内, 糞便由来, 31 歳, 男
 6, 7 : 平成 14 年 6 月食中毒事例 1, 糞便由来
 8, 9 : 平成 14 年 6 月食中毒事例 2, 糞便由来

食中毒事例から分離された *Salmonella* Enteritidis と、当該散発患者の頸部膿瘍穿刺液から半年後に分離された *S. Enteritidis* との関連調査事例

平成 14 年 6 月に患者数が 905 人と大規模な *S. Enteritidis* による食中毒事例(事例 2)が発生した。その半年後の平成 15 年 1 月に当該散発患者が左顎下部蜂巣炎を起こし、頸部膿瘍穿刺液から *S. Enteritidis* が分離された。それらの関連を調査する目的で、当該事例を含む 2 事例の食中毒由来菌株と、福島県感染症発生動向調査事業により検出および搬入された菌株について PFGE 法を実施した。

その結果、患者の頸部膿瘍穿刺液から検出された *S. Enteritidis* は当該食中毒事例のそれらとほぼ同一パターンを示し、患者が基礎疾患を有していたことから病後保菌の可能性が原因の一つとして考えられた。

*泳動条件：電圧 6 V/cm、パルスタイム 5～50 秒、泳動時間 22 時間で実施。
制限酵素は、*Bln*I を用いた。

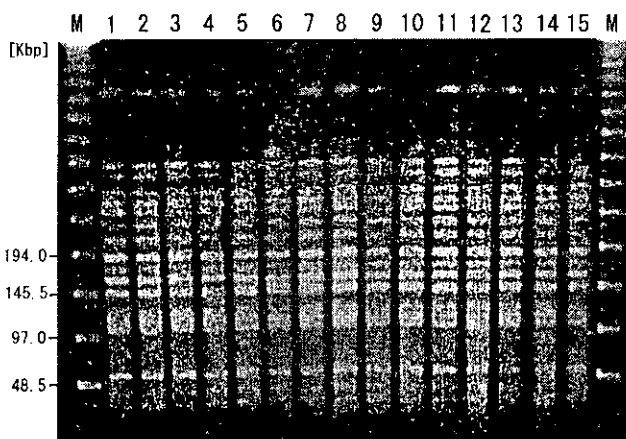


図 1 食中毒事例 2 由来株と、頸部膿瘍穿刺液由来 *S. Enteritidis* の PFGE パターン

レーン M : DNA マーカー (Lambda Ladder)

- 1 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 2 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 3 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 4 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 5 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 6 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 7 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 8 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 9 : 食中毒事例 2 H14. 6. 27, 患者便由来
- 10 : 食中毒事例 2 H14. 6. 27, 患者便由来
- 11 : 食中毒事例 2 H14. 6. 27, 従事者便由来
- 12 : 食中毒事例 2 H14. 6. 27, 従事者便由来
- 13 : 食中毒事例 2 H14. 6. 27, 従事者便由来
- 14 : 食中毒事例 2 H14. 6. 21, 食品由来
- 15 : 頸部膿瘍穿刺液由来 H15. 1. 4

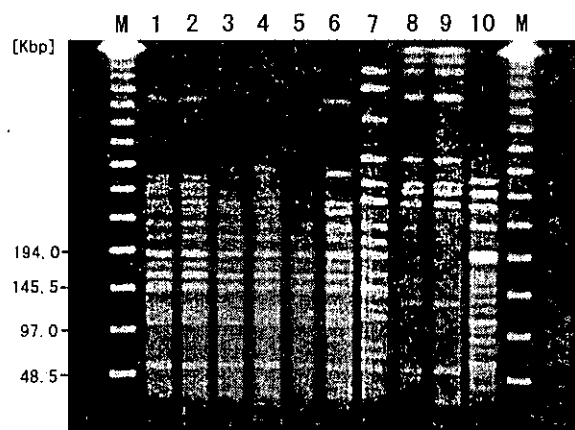


図 2 食中毒事例 1 および 2 と医療機関由来 *S. Enteritidis* の PFGE パターン

レーン M : DNA マーカー (Lambda Ladder)

- 1 : 食中毒事例 1 H14. 6. 3, 患者便由来
- 2 : 食中毒事例 1 H14. 6. 3, 患者便由来
- 3 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 4 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 5 : 食中毒事例 2 H14. 6. 28, 患者便由来
- 6 : 医療機関 H14. 7. 16, 患者便由来
- 7 : 医療機関 H14. 8. 27, 患者便由来
- 8 : 医療機関 H14. 9. 10, 患者便由来
- 9 : 医療機関 H14. 10. 28, 患者便由来
- 10 : 医療機関 H14. 12. 22, 患者便由来

* レーン 3・4・5 は図 1 のレーン 1・2・3 と同一株

厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症研究事業）
平成15年度 分担研究報告書

食品由来感染症の細菌学的疫学指標のデータベース化に関する研究

分担研究者	甲斐 明美	東京都健康安全研究センター
研究協力者	高木 英	茨城県衛生研究所
	長 則夫	栃木県保健環境センター
	黒澤 肇	群馬県衛生環境研究所
	倉園 貴至	埼玉県衛生研究所
	依田 清江	千葉県衛生研究所
	鈴木理恵子	神奈川県衛生研究所
	武藤 哲典	横浜市衛生研究所
	金子 通治	山梨県衛生公害研究所
	笠原 ひとみ	長野県衛生公害研究所
	川森 文彦	静岡県環境衛生科学研究所

研究要旨： 関東甲信静に分散する11地方衛生研究所において、腸管出血性大腸菌0157を中心に細菌学的疫学指標としてのPFGE法による解析技術の向上、均一化、特に解析ソフトで解析できるPFGE解析結果を得るための検討を行った。すなわち、“New protocol”に示されたDNAブロックの形状(0.7mmの薄型ブロック)では、従来に比べシャープで鮮明なPFGE像が得られ、その後の解析ソフトを利用したデンドログラム作成に非常に有利であった。また、新しいDNA抽出方法は、操作が簡素化されており経費と時間の節約が図られた。

腸管出血性大腸菌O157の共通菌株を各研究所ではほぼ同一の条件下でPFGE解析を行い、その成績を東京都健康安全研究センターに電送して画像解析ソフトを用いて解析を試みた結果、*S. Braenderup*を基準にして解析した場合には、Lambda ladder DNAを基準にして解析した場合より遙かに優れたデンドログラムを得ることが出来た。

A. 研究目的

感染症や食中毒の集団発生、または Diffuse outbreak を迅速に発見し、被害の拡大を防ぐための情報を得る手段としてネットワークを構築するために、これまで腸管出血性大腸菌0157を中心にPFGE解析、およびその成績のデータベース化を試みてきた。その根幹の役割を

担う各地方衛生研究所におけるPFGE解析技術は、導入当時に比べ格段に上達したが、その画像を解析ソフトで処理するには、まだ多くの問題点が残されている。最大の問題点は、各地研で行われる泳動像が常に鮮明ではないため、その後の解析を困難にしていること、PFGE解析を

行うためのDNAブロックの作製や電気泳動等に非常な時間と労力を要することである。一方、病原菌の細菌学的疫学指標等のデータベース化について、米国CDCを中心として、ヨーロッパEU、アジアを結ぶ世界的なネットワークを構築していこうという提案がある。今回、これらの構想も視野に入れ、本研究班の渡辺治雄主任研究者（国立感染症研究所）が、PFGE法について米国CDC法に準じた方法として「感染研New protocol」を提示した。そこで、関東甲信静地域に分散する11地方衛生研究所（地研）において、実際の現場で使う事を前提に、本法の有用性について検討した。

B. 研究方法

関東甲信静地域に分散する11地方衛生研究所（地研）においてPFGE解析を行い、検討を行った。

1. PFGE解析用共通菌株

各地研でPFGE解析をするための共通菌株として、腸管出血性大腸菌0157:H7(VT1+VT2産生株:3株 およびVT2産生株:2株) 5株を供試した。

2. 感染研 New protocol の検討

感染研 New protocol に準拠し、以下のとおり条件を統一して比較検討した。

1) アガロースブロックの作製

PFGE用DNAブロックの作製は、0.7mmプラグキャストを使用し、SeaKem Gold Agarose で作製し、従来法と比較した。供試菌の調製および濃度は、各施設の方法で行った。

2) DNA抽出法

DNA抽出時にLysozyme処理は行わない

。溶菌は、1mg/ml Proteinase K, 1% N-lauroylsarcosine in 0.5M EDTA (pH8.0)で、50°C, 1晩(18~20時間)行った。

3) PFGE法による解析

作製したDNAブロックは、制限酵素 *Xba* Iで処理(37°C, 4時間)後、PFGE解析を行った。電気泳動用agaroseには、SeaKem Gold Agaroseを使用する。電気泳動は、従来の条件(6V/cm4~8sec 9時間, 8~50sec 13時間)で行った。泳動温度は、12°Cとした。

DNAサイズマーカーとしては、Lambda ladder 及び *Salmonella* Braenderup H9812 株を使用して比較した。

3. PFGE解析成績の電送

各地研で解析したPFGE画像を、tif(または jpeg)ファイルとして、電子メールで送付した。

4. 画像解析

画像解析ソフトFingerprinting II (BIO-RAD 社)を用いて解析を試みた。画像読みとりに使う分子サイズの基準として、Lambda ladder を用いた解析と *S. Braenderup* を用いた解析を行い比較検討した。

5. PFGE解析事例

各地研で経験した腸管出血性大腸菌0157およびその他の病原菌による感染症および食中毒事例から分離された菌株についてPFGE解析を行い、有用性を確認する。

6. 情報交換

腸管出血性大腸菌O157およびサルモネラの分離状況を把握する目的で、1週間ごとに検出菌株数を報告してもらう。また必要に応じて検出菌株のPFGE解析成績を電送し、情報交換を行う。

C. 研究結果

1. New protocol の検討

1) ブロック作製用プラグの検討

従来の1.5mmプラグキャスターに代わり、0.7mmのプラグキャスターを使った薄型ブロックを供試している研究所は、2003年11月の時点で11所中4所のみであった。まだ、取り入れていない研究所にも導入を図り、ブロック作製法について感染研から配布されたmovieを参考にブロック作製法の伝達を行った。その結果、いずれの研究所に置いても薄型ブロックを使ったPFGE解析では、厚型に比べ泳動バンドがシャープであった。特に、細部のバンドが厚型に比べて遙かに鮮明になり、以後の解析に有利であった（写真1）。

2) DNA抽出法の検討

DNA抽出時にLysozyme処理を行わない非常に簡素化された感染研 New Protocol に従い作製したDNAブロックにおいても、その後のPFGE電気泳動像で、ほとんど遜色の無い成績を得られることを確認した。操作が簡単であることは、非常な利点であった。但し、反応時間は、overnightがよかった（写真2）。

3) PFGE電気泳動に用いるAgarose の検討

Agarose について検討した結果、SeaKem Gold Agarose では、PFC agarose より分離がやや良かった。しかし、価格

が高いのが難点である（写真3、5）。

4) 電気泳動条件の検討

SeaKem Gold Agarose は、旧条件（4-8sec, 9hr, 8-50sec, 13 hr）で泳動を行うと流れ過ぎ、新条件（2.2-54.2 sec, 21hr）が良かった（写真4）。その後の検討で泳動時間は19時間で十分であることが確認された。

5) DNAサイズマーカーの検討

DNAサイズマーカーとして従来からLambda ladder DNAを使用しているが、市販品はいずれも安定性が悪くシャープな泳動像が得られなかった。その後、使用前に加熱（45℃, 5~10分, 50℃, 1分）するなどの検討を試みたが満足いく結果は得られなかった。一方、米国CDCが“universal standard”として使用することに決めた*Salmonella* Braenderup H9812 株は、バンドの数も多く、分離も安定しており、Lambda ladderより遙かに使い易く、その後の解析に有利であった（写真5）。

2. 共通菌株を用いた各施設におけるPFGE解析

腸管出血性大腸菌O157の共通菌株5株を用いて、11研究所で行ったPFGE像を写真6に示した。薄型ブロックを用いたPFGE解析像は、従来の厚型ブロックの場合に比べて遙かにDNAバンドが鮮明で、分離が良い結果であった。また、サイズマーカーとして従来から使用しているLambda ladder DNAは、バンドが広がってシャープでなく、特に分子量の小さいバンドが広がり濃度も薄くなるため、以後の解析が困難であった。一方、*S.* Braenderupは、DNAバンドがシャープで

濃度も均一で安定しており、解析の基準として非常に適していることが確認された。

3. 各施設で行ったPFGE解析結果を用いたデンドログラム解析

腸管出血性大腸菌O157の共通菌株5株を対象に9研究所で行ったPFGE像を用いて、Lambda ladder DNA、および *S. Braenderup* を基準にしてデンドログラム解析を行った。

1) Lambda ladder DNAを基準にして解析した成績

DNAマーカーとしてLambda ladder DNAを基準にして解析した成績を図1に示した。菌株1は、9所中5所は94%以上の相同性を示したが、4所は外れていた。菌株2では、7所は90%以上の相同性を示したが、2所は外れていた。菌株3では、6所は92%以上の相同性を示したが、3所は外れていた。菌株4では、6所は96%以上の相同性を示したが、3所は外れていた。菌株5では、6所は90%以上の相同性を示したが、3所は外れていた。

2) *S. Braenderup* を基準にして解析した成績

DNAマーカーとして *S. Braenderup* を基準にして解析した成績を図2に示した。菌株1は、9所中8所は90%以上、内7所は100%の相同性を示した。菌株2では、全所が92%以上の相同性を示した。菌株3では、全所が86%以上の相同性を示した。菌株4でも、全所が87%以上の相同性を示した。菌株5では、全所が88%以上の相同性を示した。

4. 腸管出血性大腸菌O157およびサルモネラの分離状況の早期把握

腸管出血性大腸菌O157およびサルモネラの分離状況を早期に把握し、Diffuse outbreak を探知する目的で、1週間ごとに検出菌株数を東京都健康安全研究センターに報告してもらった。2003年9月15日～28日にかけてO157 (VT1+VT2産生株)が、9月22日～10月5日にかけてO157 (VT2産生株)の増加が認められたため、当該施設にPFGE解析および薬剤感受性試験成績の電送を依頼した。しかし、共通の感染源が疑われた事例は認められなかった。全体的には、15年度は検出数が少ない年であった。

5. PFGE解析およびそのデータ交換が有効に活用された事例

検出菌株のPFGE解析写真の電送交換、および菌株交換を行い、食中毒検査および疫学解析に非常に有用であった事例の代表例を記載する。

1) EHEC O63 の東京、埼玉での検出例

平成15年7月10日に下痢症状を呈した東京都内在住の男児(1才)から腸管出血性大腸菌O63:H6 が分離された。また、平成15年7月18日に下痢症状を呈した埼玉県在住の女児(6才)からも腸管出血性大腸菌O63:H6 が分離された。この血清型菌の分離は非常に珍しく、産生毒素型もVT2fであった。これらの菌株は、通常のPCR法では毒素陰性、RPLA法でも弱陽性であった。しかし、VT2f毒素遺伝子を検出するPCR法で陽性となった。このような特異な性状を示す株が分離されたことから、共通の感染源を疑い、PFGE解析を行うと共に、感染源の調

査が行われた。しかし、これら2株のPFGEパターン(写真7)はわずかに異なり、共通の感染源に由来するのか否かについての結論は出せなかった。また、保健所を中心に行われた疫学調査でも共通点は見い出せなかった。

2) ユッケによるDiffuse outbreak が疑われたEHEC 0157による事例

平成15年7月5日に都内の焼肉店aを利用した患者A(東京都K区在住)と、都内焼肉店bを利用した患者B(埼玉県在住)は、それぞれの店でユッケを喫食していた。東京都と埼玉県でそれぞれ分離された菌の情報交換(PFGE画像の電送による交換)を行った結果、2名から分離された菌はいずれも0157:H7(VT1+VT2 産生)で、PFGEパターンが一致した(写真8)。また、遡かのぼり調査の結果、両店で提供されたユッケ肉はいずれも埼玉県にある同一の食肉販売業者から仕入れていることが判明した(表1)。確認された患者は2名のみであったが、本事例はユッケによるDiffuse outbreak が疑われた事例であった。

D. 考察

各研究所は、いずれも実際に発生した集団および散発の感染症・食中毒事例について、独自にPFGE法による解析を実施し、非常に有効であった事例を多数経験した。それに伴いPFGE解析技術も進歩し、パルスネット構築のための環境整備が図られてきた。また、PFGE画像を電送することにより、研究所間での菌株の比較が可能となった。この方法は簡単であり、感染源調査の方向性を決定する上で非常に有用であることが確認された。

次に、腸管出血性大腸菌O157の共通菌株を各研究所でほぼ同一の条件下でPFGE解析を行い、その成績を東京都健康安全研究センターに電送して画像解析ソフトを用いて解析を試みた。その結果、PFGE画像上の100kb以上のバンドを対象に作成したデンドログラムでは、一部の成績を除くと、それぞれのクラスターの近似性は80%以上であったが、パルスネットを構築するためには、まだPFGE解析技術上の問題点が存在した。

一方、DNAブロックプラグ作製に0.7mmのプラグキャスターを使った薄型ブロックを使用することで、PFGE解析のDNAバンドがシャープで鮮明になった。また、解析ソフトを使った解析において、これまでLambda ladder DNAを基準にして解析してきたが、その一番基礎になるLambda ladder DNAのPFGE解析像のバンドが拡散しているなどの問題があった。しかし、今回*S. Braenderup*を基準にして解析した場合、ほぼ全ての研究所で基準となるDNAバンドが非常に鮮明になり、安定性もよく、以後の解析が容易になることが明らかとなった。今後更に、マーカーの入れ方(ゲルの両端と真中のウェルに入れる)の統一を図る等の標準化を進めることにより、データベース構築が大幅に前進することが示唆された。

E. 結論

関東甲信静に分散する11地方衛生研究所において、腸管出血性大腸菌O157を中心に細菌学的疫学指標としてのPFGE法による解析技術の向上、均一化、特に解析ソフトで解析できるPFGE解析結果を得るための検討を行った。

すなわち，“New protocol”に示されたDNAブロックの形状(0.7mmの薄型ブロック)では，従来に比べシャープで鮮明なPFGE像が得られ，その後の解析ソフトを利用したデンドログラム作製に非常に有利であった。また，新しいDNA抽出方法は，操作が簡素化されており経費と時間の節約が図られた。

腸管出血性大腸菌O157の共通菌株を各研究所でほぼ同一の条件下でPFGE解析を行い，その成績を東京都健康安全研究センターに電送して画像解析ソフトを用いて解析を試みた結果； S.

Braenderup を基準にして解析した場合には，Lambda ladder DNAを基準にして解析した場合より遙かに優れたデンドログラムを得ることが出来た。

F. 研究発表

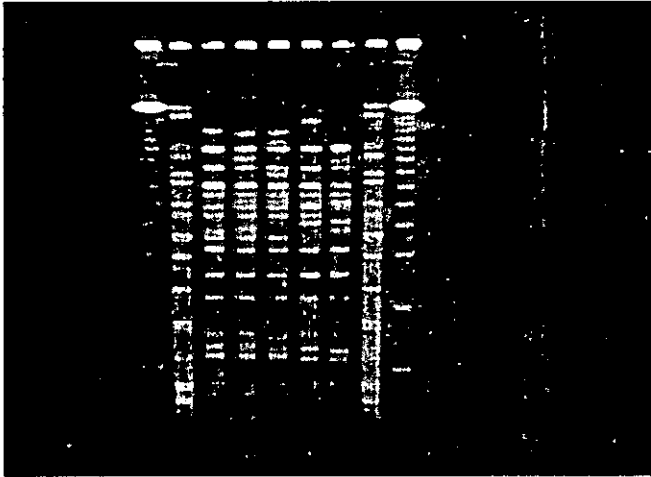
埼玉県衛生研究所：ユッケによる diffuse outbreakの可能性が疑われた O157事例ー埼玉県，病原微生物検出情報 (国立感染症研究所) 24(9)，214，2003.

G. 知的所有権の取得状況

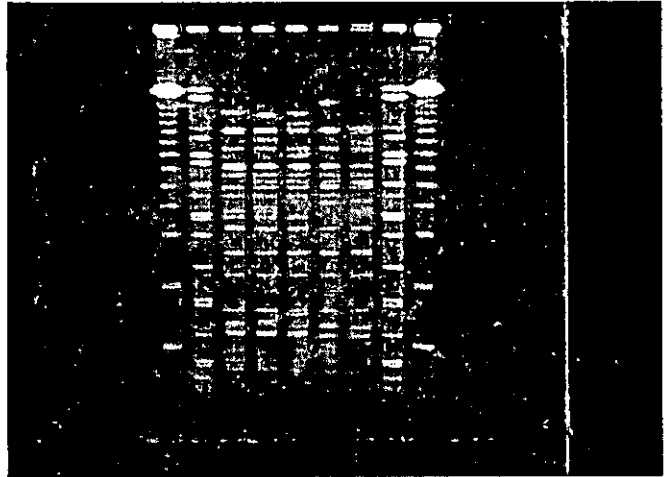
なし

写真1

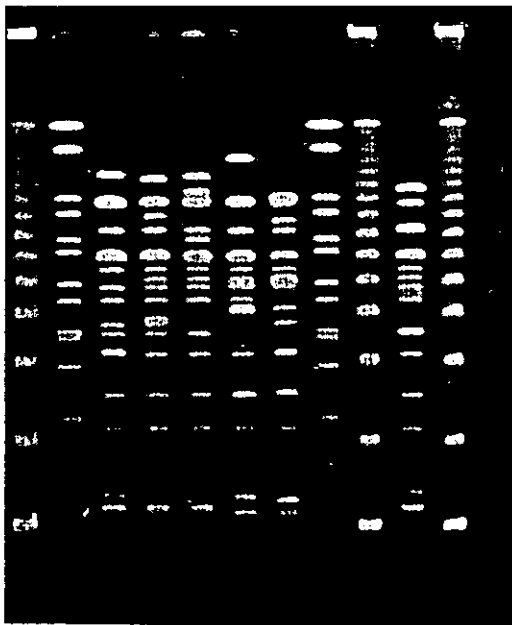
ブロック作製用プラグの検討
(従来型プラグと0.7mmプラグの比較)



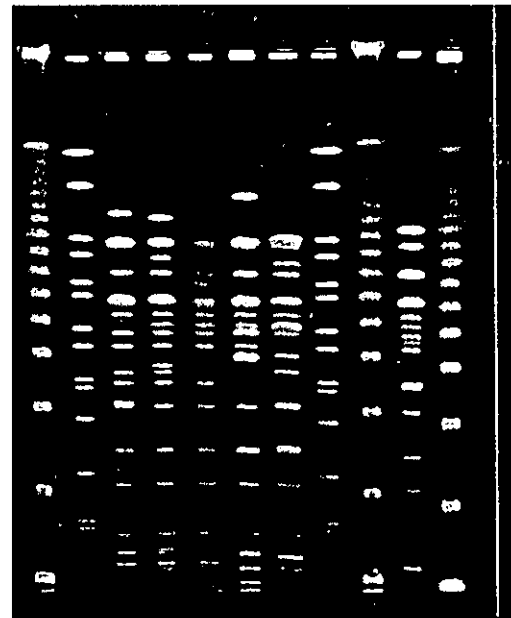
従来型プラグ
泳動: Seakem Gold Agarose



0.7mmプラグ
泳動: Seakem Gold Agarose



従来型プラグ
泳動: PFC Agarose

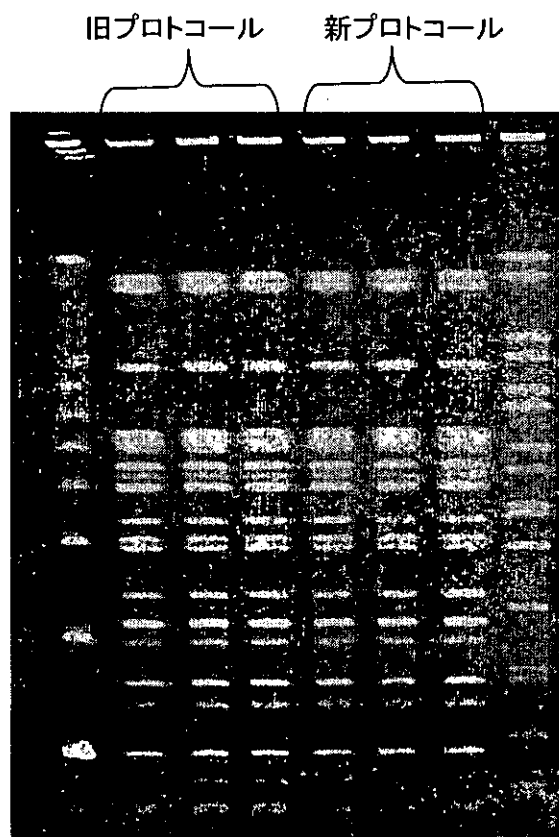


0.7mmプラグ
泳動: Seakem Gold Agarose

泳動条件: 6v/cm
4-8sec 9時間, 8-50sec 13時間

写真2

DNA抽出法の検討 (旧プロトコールと新プロトコールの比較)



旧プロトコール:

- ① 1mg/ml lysozyme in 0.5M EDTA (3時間)
- ② 1mg/ml ProteinaseK, 1%N-laurylsarcosine in 0.5M EDTA (overnight)

新プロトコール:

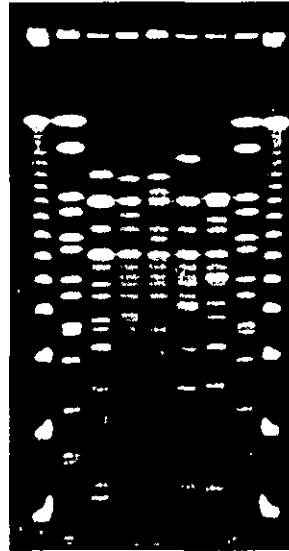
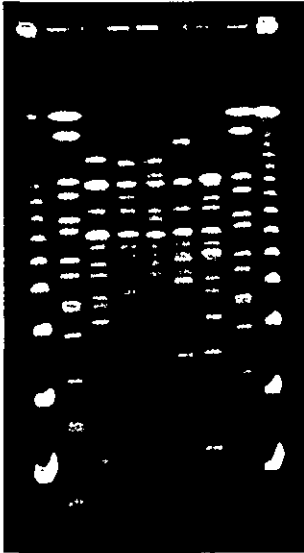
- ① 1mg/ml ProteinaseK, 1%N-laurylsarcosine in 0.5M EDTA (overnight)

写真3 泳動用アガロースの検討

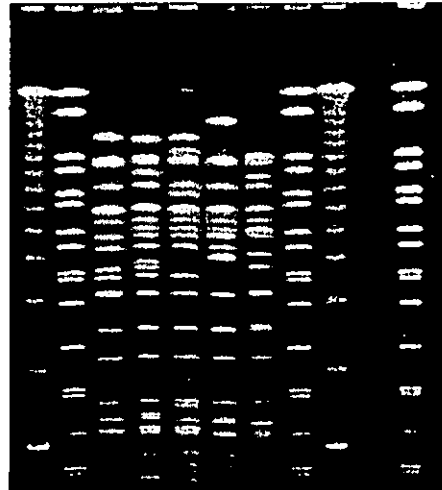
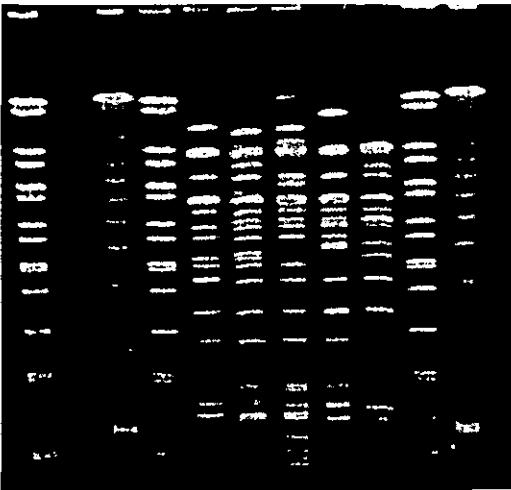
PFCアガロース

SeaKem Goldアガロース

施設A



施設B



施設C

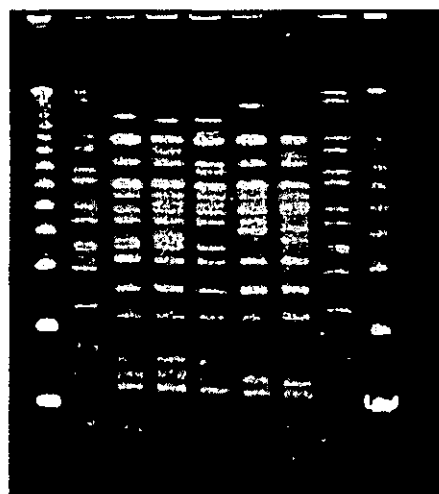
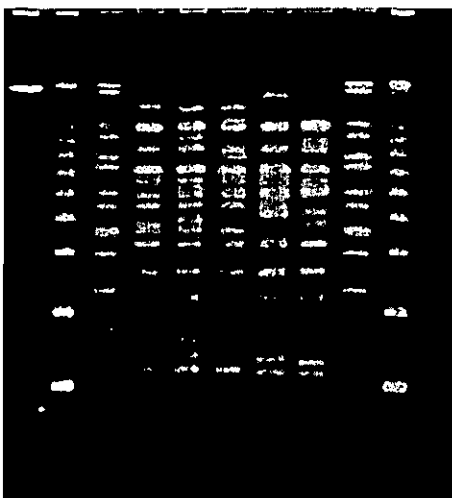
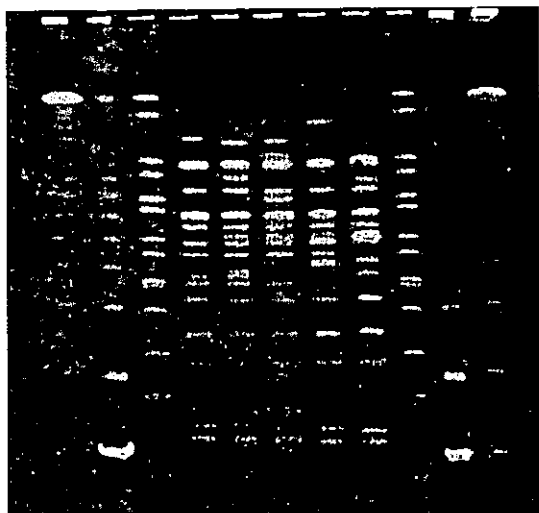
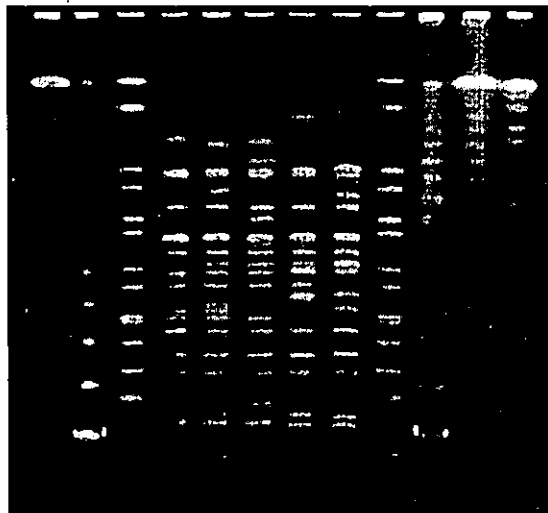


写真4 泳動条件の比較



旧条件



新条件

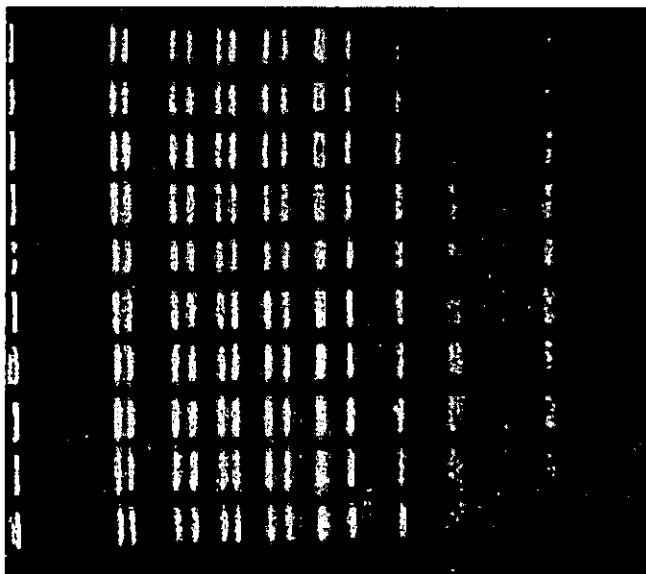
泳動条件

旧条件: 6v/cm
4-8sec 9時間
8-50sec 13時間

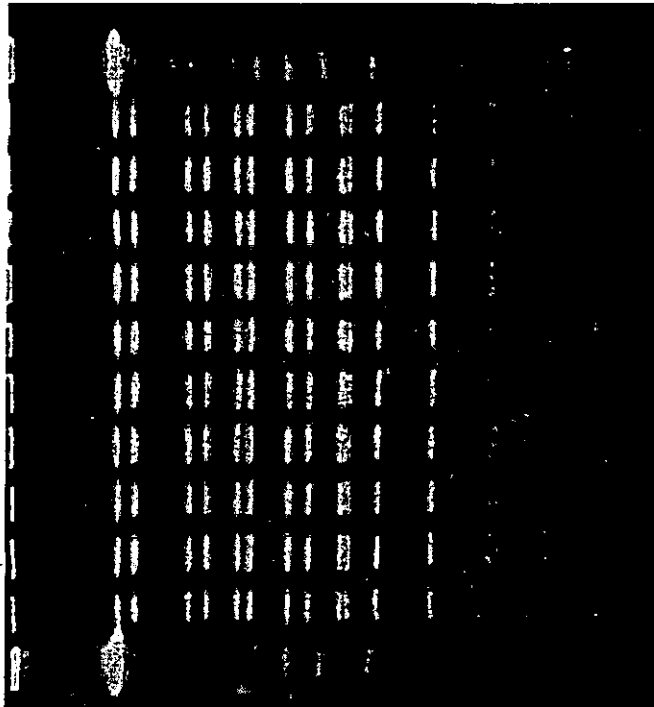
新条件: 6v/cm
2.2-54.2sec 21時間

写真5 S.Braenderup 株のPFGE解析像

1% PFC アがロース



1% SeaKem Gold Agarose

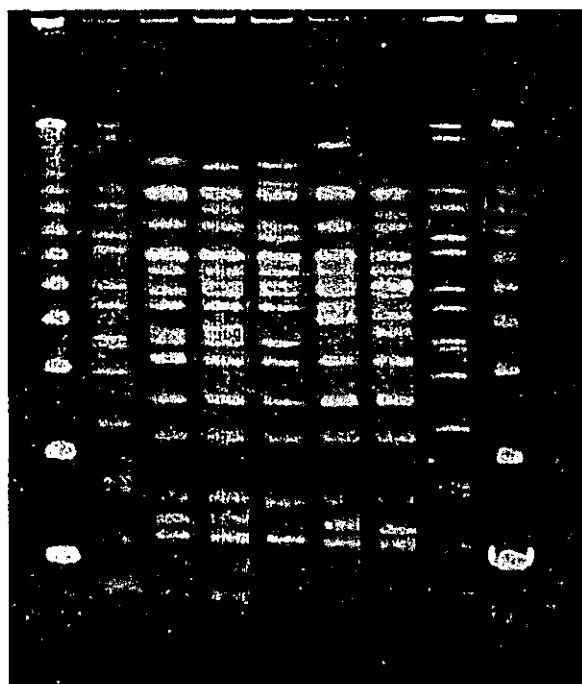


制限酵素: Xba I
泳動条件: 4~8sec 9時間
 8~50sec 13時間
泳動温度: 12°C

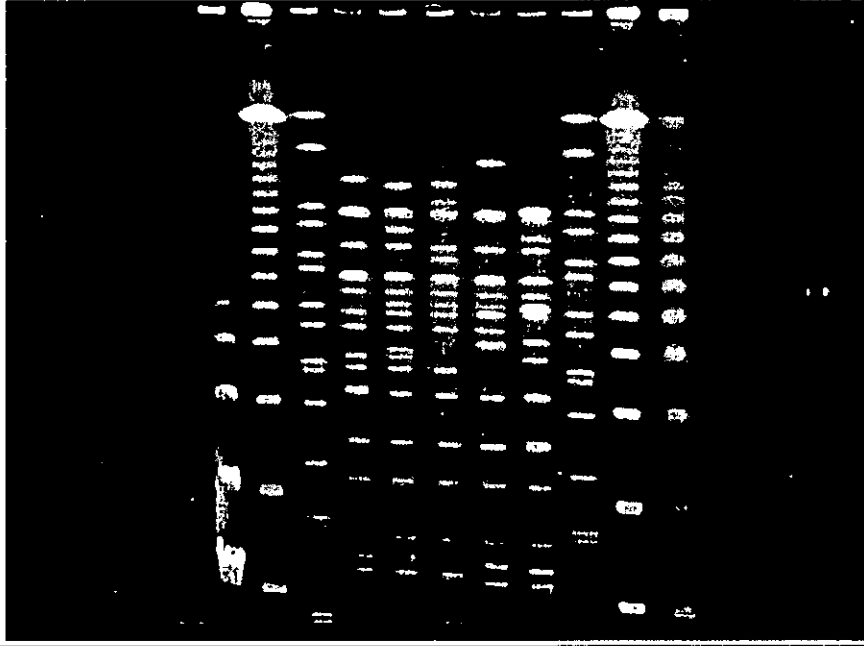
写真6

共通菌株(O157)5株の各施設における
PFGE画像

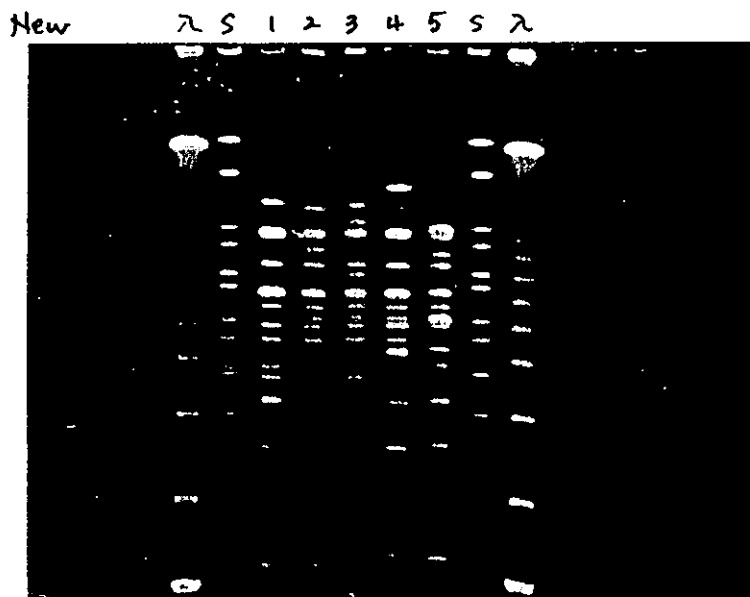
施設1



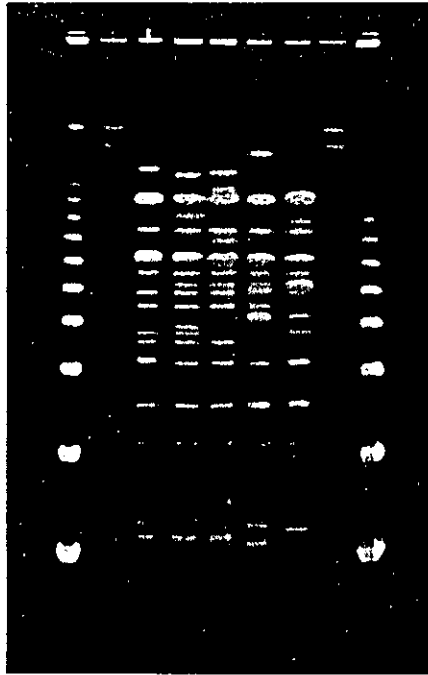
施設2



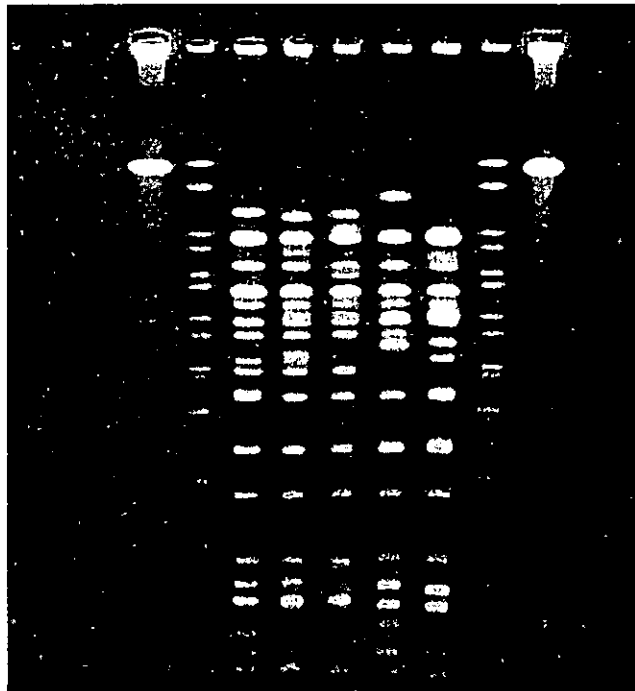
施設3



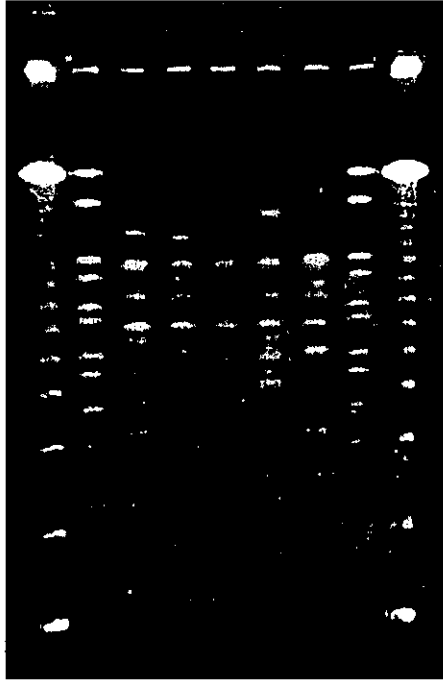
施設4



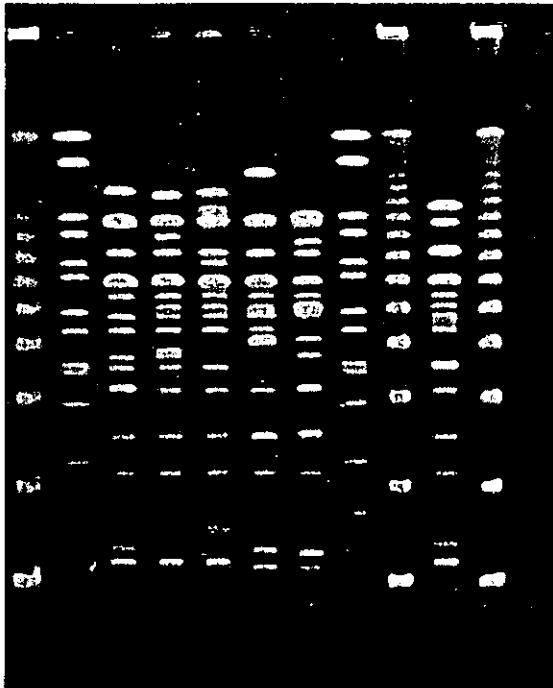
施設5



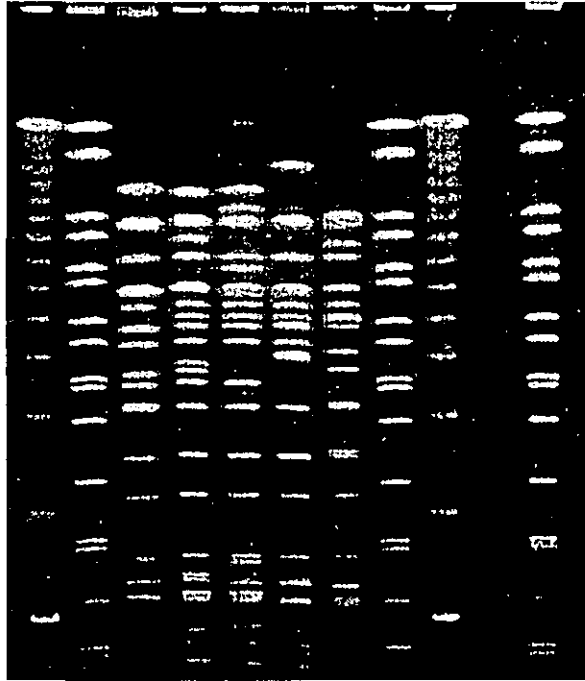
施設6



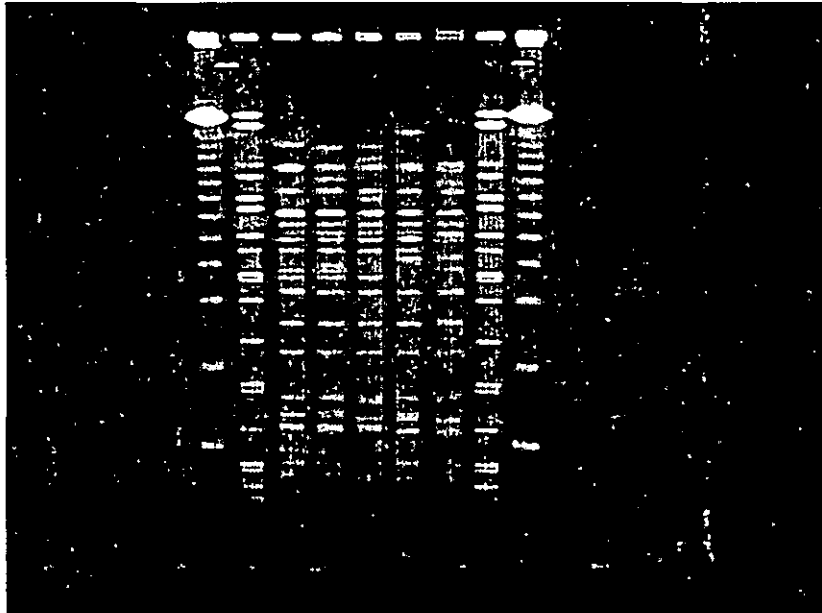
施設7



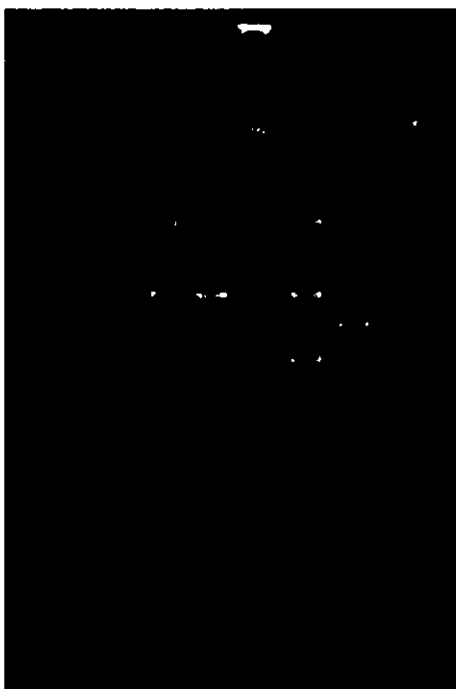
施設8



施設9



施設10



施設11

