

厚生労働科学研究 研究費補助金

新興・再興感染症研究事業

経口細菌感染症の広域的・散発的発生時の
実地疫学的・調査手法等の開発に関する研究

(H14-新興-9)

平成15年度 総括・分担研究報告書

主任研究者 中村好一

平成16(2004)年3月

目次

I. 総括研究報告	
経口細菌感染症の広域的・散発的発生時の実地疫学的 ・調査手法等の開発に関する研究	1
中村好一	
II. 分担研究報告	
腸管出血性大腸菌 026,0111 に関するデンドグラムの作成	4
渡辺治雄, 寺嶋淳	
チフス菌 (<i>Salmonella enterica</i> serovar Typhi)、パラチフス A 菌 (<i>Salmonella enterica</i> serovar Paratyphi A) のパルスフィールド電気泳動法による遺伝子切断パターンのデ ータベース作成	8
渡辺治雄, 廣瀬健二	
薬剤耐性 <i>Salmonella</i> Typhimurium および <i>Salmonella</i> Enteritidis に関する分子疫学マー カーのデータバンクの構築	12
渡辺治雄, 泉谷秀昌	
食中毒事件届出の現状及び事件数の推計に関する保健所への調査	19
谷原真一	
東京都における食中毒届出に基づく調査体系	40
田崎達明	
内外の食中毒事例における疫学調査方法に関する情報の収集	105
三浦宜彦	
米国・英国における経口細菌感染症サーベイランスシステムの検討	184
土井由利子	
事例を用いた食中毒疫学情報の有効活用に関する研究	188
斎藤章暢	
潜在する地域流行の疫学調査指針の検討に関する研究	196
III. 研究成果の刊行に関する一覧表	202

経口細菌感染症の広域的・散発的発生時の実地疫学的・調査手法等の開発に関する研究

主任研究者 中村 好一 自治医科大学 教授

研究要旨：経口細菌感染症の広域的・散発的発生時の実地疫学的・調査手法等の開発を目的として、次の研究を行った。（１）腸管出血性大腸菌 026,0111に関するデンドグラムの作成、（２）チフス菌（*Salmonella enterica* serovar Typhi）、パラチフス A 菌（*Salmonella enterica* serovar Paratyphi A）のパルスフィールド電気泳動法による遺伝子切断パターンのデータベース作成、（３）薬剤耐性 *Salmonella* Typhimurium および *Salmonella* Enteritidis に関する分子疫学マーカーのデータベースの構築、（４）食中毒事件届出の現状及び事件数の推計に関する保健所への調査、（５）東京都における食中毒届出に基づく調査体系の検討、（６）内外の食中毒事例における疫学調査方法に関する情報の収集、（７）米国・英国における経口細菌感染症サーベイランスシステムの検討、（８）事例を用いた食中毒疫学情報の有効活用に関する研究、（９）潜在する地域流行の疫学調査指針の検討に関する研究。

A. 研究目的

1996年及び1997年の貝割れ大根による EHEC O 157 事例、1998年のイクラによる EHEC O 157 事例、1999年のイカ乾製品によるサルモネラ・オラニエンブルク事例、2000年の加工乳による黄色ブドウ球菌事例、2001年の牛タタキによる EHEC O 157 事例、韓国産生カキによる細菌性赤痢事例など、経口細菌感染症の広域的・散発的発生が報告されている。これらの事例は原因が究明された事例であるが、原因が確認できない事例が多く存在し、特に EHEC については、毎年遺伝学的に菌株が同一であることが確認されても、原因が究明できない事例が多くみられている。これは、diffuse outbreak の発生から探知までに通常の集団事例と比較して時間を要することから、有症者に対する行動、喫食等の聞き取り調査の遡り期間が長くなり、必要な情報が得にくく、結果的に探知当初の小規模の症例対照研究などの疫学調査が必ずしも成功していないことが原因と考えられる。

また近年、EHEC については、PFGE パターンのデータベースが充実し、疫学的分析が可能となっているが、細菌性赤痢等においてはレファレンスデータが十分でないため、地理的、時間的にある程度共通

性がみられる特定の経口感染症の患者集団の PFGE パターン一致の疫学的評価が明確となっていない。

現在の食中毒統計においては、実際に調査対象となった患者数のみが計上されており、特に diffuse outbreak、散発事例で発生している患者数が適切に計上されていないため、わが国での経口感染症による患者数の推定がされておらず、公衆衛生上の社会的、経済的影響の評価が困難となっている。

このため、本研究では diffuse outbreak に際しての実地疫学的調査方法の開発、経口感染症起因菌の遺伝学的疫学指標のデータベース作成、経口感染症患者数の推計手法を開発することにより、事件発生時の迅速な原因究明による被害の拡大防止、経口感染症患者数の推計による公衆衛生上の評価に資するものである。

食中毒の原因細菌の DNA の多様性を、食中毒の疫学調査に利用し、汚染の拡大による被害者の発生を未然に防ぐことにある。多様性を調べる方法として PFGE 法が有効なことは世界的に認められており、各菌におけるそのデータベースを構築することにより、現在流行している菌が過去のどの事例の菌と同一かが分かることにより、汚染源調査の一つの資料とすることが出来る。その結果、より迅速に原因物質の同定

につなげることが出来る。

B. 研究方法

1 データベース作成

昨年度は赤痢菌の PFGE データバンクの構築を主に行ったので、疫学調査に貢献する目的で今年度はそれ以外の菌で食中毒として重要な菌の PFGE データバンクを作成した。菌の過去、及び現在分離される株を、各地方衛生研究所、および検疫所等から収集する。データベースを作製するために、各菌種 500 株前後を目標とする。

1. 収集した株の遺伝学的マーカの解析を行う。遺伝学的マーカとしては、PFGE 型、ファージ型、薬剤耐性型等を行った。
2. 解析した株について、分離された地域（推定国）、年代別にデータベースを作製し、問題となる流行が起こった時に解析に利用できるようにした。

2 年間発生状況推定手法の検討

昨年度は医師（全国のデータベースより無作為抽出した 3000 人を対象）および保健所長（全数調査）に対して食品衛生法に基づく食中毒の届出に関する調査を行った。本年度はこの結果をまとめると共に、このデータをもとにした傾向感染症患者の推計手法について検討を行った。

3. マニュアル作成

昨年度は（1）諸外国における食中毒、感染症サーベイランスシステムに関する情報収集、（2）内外の食中毒事例における疫学調査方法に関する情報の収集、を中心に研究を実施した。本年度はこれらから得られた結果を統合して以下のような点に重点を置いて検討を進めた。（3）散发例の情報に基づく地域流行の認知と疫学調査方法、（4）食中毒サーベイランスの情報利用に関する問題点の検討、（5）潜在する地域流行の疫学調査指針の検討。

（倫理面への配慮）

本研究においては個人情報扱うことなく、倫理的に配慮しなければならない課

題を含むものではない。また、医師及び保健所長の調査では回答を強要していないため、対象者の自由意思による研究への参加・協力と考えることができ、問題はない。なお、ヒトの便から分離された菌株等の解析は、informed consent の対象外である。

C. 研究結果と考察

我が国で過去に分離された腸管出血性大腸菌 O26,O111 に関して *Xba*I 切断後の PFGE 解析のデンドログラムを作成し、データベースとした。

国内各地での腸チフス・パラチフスの散发事例や、集団発生の解析において、各地からの分離菌株の PFGE パターンの比較を通して、散发事例が同一の菌株に由来するのか、また集団発生は 1 つ菌株によるものなのかを決めることが可能である。問題となる事例で分離された菌株の PFGE パターンとそれ以前に作成されたデータベース内の過去に分離された菌株間のパターンを比較することで、感染源の遡り調査や疫学解析に応用することが可能であり、感染拡大の防止や感染源の追求に大いに貢献できると考えられた。

サルモネラ感染症、とりわけ薬剤耐性 *Salmonella* Typhimurium および *Salmonella* Enteritidis に着目してデータベースを構築した。

食中毒事件届出の現状把握及び届出されない事件数の推計を行った。届出を受ける側である保健所では、実際に届出があった食中毒事件（または患者）数の 2～4 倍の事件（または患者）数が発生していると判断されていた。しかし、病原体の種類によって、食中毒事件として取り扱われる割合は異なり、わが国における食中毒事件数をより詳細に検討する上では、病原体の種類別事件数を考慮する必要があることが判明した。

内外の食中毒事例における疫学調査方法に関する情報を収集することを目的として、医学中央雑誌および Medline による文献検索を実施した結果、食中毒事例における疫学調査方法に関する文献は少なかったが、分子疫学の分野では PFGE 関連の文献がやや多く認められた。

米国の Center for Disease and Prevention

Control (CDC)では、公衆衛生従事者への支援・教育・トレーニングを通じて passive surveillance の強化、FoodNet や PulsNet などを充実・拡大して active surveillance を強化していることが判明した。一方、英国では、Health Protection Agency (HPA) を新設しサーベイランスシステムの一元化、臨床・検査・社会一般に対する感染症の啓発を行っている。食中毒対策は他の感染症と並び国家的健康危機管理上重要である。その一環としてサーベイランスシステムを支えるインフラの整備・強化と情報提供者への教育・啓発への組織的取り組みの必要性が確認された。

食品の遡り調査に関しては、生産業者もしくは輸入業者まで迅速に遡ることが可能である必要があり、そのためには各流通段階での記録の徹底が重要となる。食中毒疫学情報としては、事件の探知から確認に至る初動調査において「情報」に対する的確な対応が重要であるため、これを類型化するなどして粛々と実行できる環境を整えることが有効であることが明らかとなった。

食中毒事件を保健所が把握する際の感度を上げるための方法を幾つか挙げて、検討した。その結果、現状の届け出制度のまま、市民と現場の最前線の臨床医が食中毒事件に関する知識を向上させる余地があることを指摘した。市民向けには現状の病因物質別の情報に加えて症状や状況に関する記載を盛り込むことを指摘した。

D. 結論

本研究では、国内では未検討である実地疫学的観点からわが国の少量多品種を摂取する食生活の実態に即した患者の食品摂取歴のインタビュー手法、症例対照研究の際のマッチング手法の検討を行うとともに、わが国の食中毒患者発生状況に即した被害者数の推計手法を検討した。

また、わが国での食品工業の高度化、輸入食品の増加等による広域流通食品の増加を踏まえ、これらの食品を原因として発生する diffuse outbreak に対応可能なわが国独自の遺伝学的疫学指標のデータベース等を検討した。

E. 健康危険情報

特記事項なし

F. 研究発表

分担研究報告にそれぞれ記載。

G. 知的財産権の出願・登録状況 (予定を含む)

該当なし

厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症研究事業）
分担研究報告書

腸管出血性大腸菌 026, 0111 に関するデンドログラムの作成

分担研究者；渡辺治雄 国立感染症研究所細菌第一部長
協力研究者；寺嶋 淳 国立感染症研究所細菌第一部長

腸管出血性大腸菌 026, 0111 は、0157 に続いて多く分離される血清型の菌である。この型の菌によって発生する集団事例も近年増加傾向にある。集団発生の検証に用いられる PFGE のためのデータバンクを構築しておく必要がある。今回の研究では、我が国で過去に分離された 026, 0111 に関して *Xba*I 切断後の PFGE 解析のデンドログラムを作成し、データバンクとした。

A. 研究目的

2003 年に地方衛生研究所等で分離され感染研細菌部に送付された腸管出血性大腸菌 (EHEC) 1561 株についてパルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) による解析を行い、疫学的解析情報との組み合わせにより以下の結果が得られた。上記株のうち、2003 年分離の EHEC 0157 以外の血清型の株は 026 が 229 株、0111 が 41 株あった。

B. 研究方法

PFGE は以下の *Xba*I 制限酵素で切断後、2 段階の泳動を組み合わせた条件で行った。すなわち、パルスタイム、4 - 8 秒、泳動時間 9 時間、さらに、パルスタイム 8 - 50 秒、泳動時間 13 時間、電圧 6 V/cm, 温度 12 - 15°C の泳動条件を用いた。泳動は、BIO-RAD 社の

CHEF-DR III を用いた。泳動用のゲルは 1 枚あたり 20-well のゲルに設定し、泳動後の画像を Fingerprinting II (BIO-RAD 社) に取り込んで系統樹 (デンドログラム) の作成を行った。それぞれのゲルでは両端及び真中に DNA サイズマーカーである、Lambda ladder を置き、異なるゲル間に存在する移動度等による泳動像の差の補正を行った。デンドログラム作成は、UPGMA 法によるクラスタ形成法を用い、近似度の計算には Dice 係数を用いた。トレランス値は、プログラム内の最適化により選択し、通常 0.4 - 0.5% であった。

C. 研究結果と考察

229 株の 026 分離株 (図 1) 及び 34 株の 0111 分離株 (図 2) によるデンドログラムを示す。それぞれの 0 群とも散発及び集団事例由来株を含むが、集団事例由来株については 026 では近似度

が 80%以上のクラスターを形成していたが、0111 では図 2 の網掛け部で示すとおり約 70%程度でクラスターを形成していた。したがって、異なるゲルにおける同一パターンの株については目視

等による補正も行うことが正確なデータベース構築に必要であることが推察された。

C. 研究成果

Terajima, J. Tamura, k., Horose, K., Izumiya, H., Miyahara, M., Konuma, H., and Watanabe, H. A multi-prefectural outbreak of *Shigella sonnei* infections associated with eating oysters in Japan. *Microbiol. Immunol.* 48: 49-52. 2004.

D. 特許等

特になし

E. 危機管理情報

0157 以外の O 2 6. O 1 1 1 についても PFGE のデータベースができたことから、集団発生等に利用できるものと思われる。ただ、今後も分離される菌に対しての情報を随時追加していく必要がある。

图1 2003 O26 229株 Tol: 0.4%

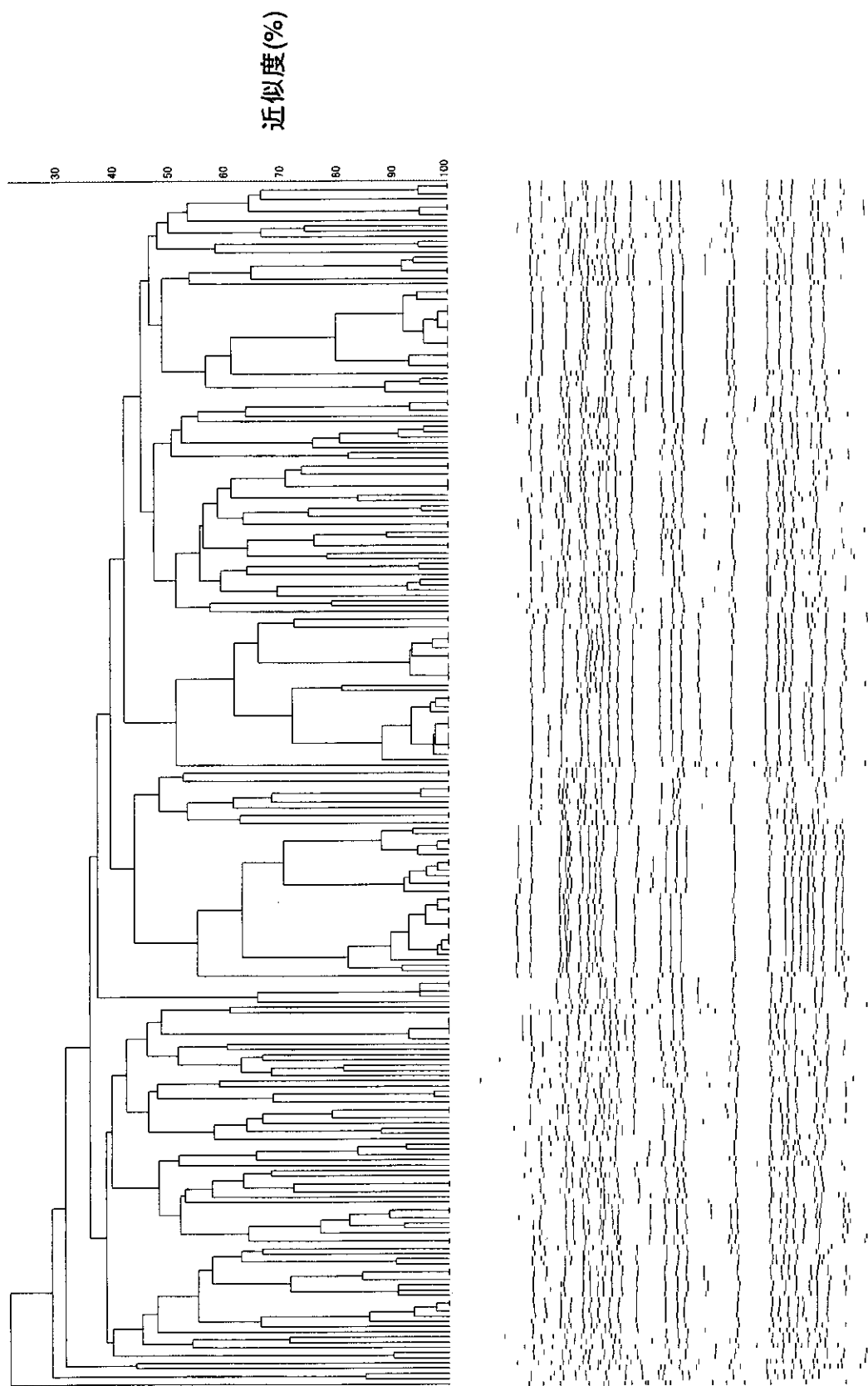
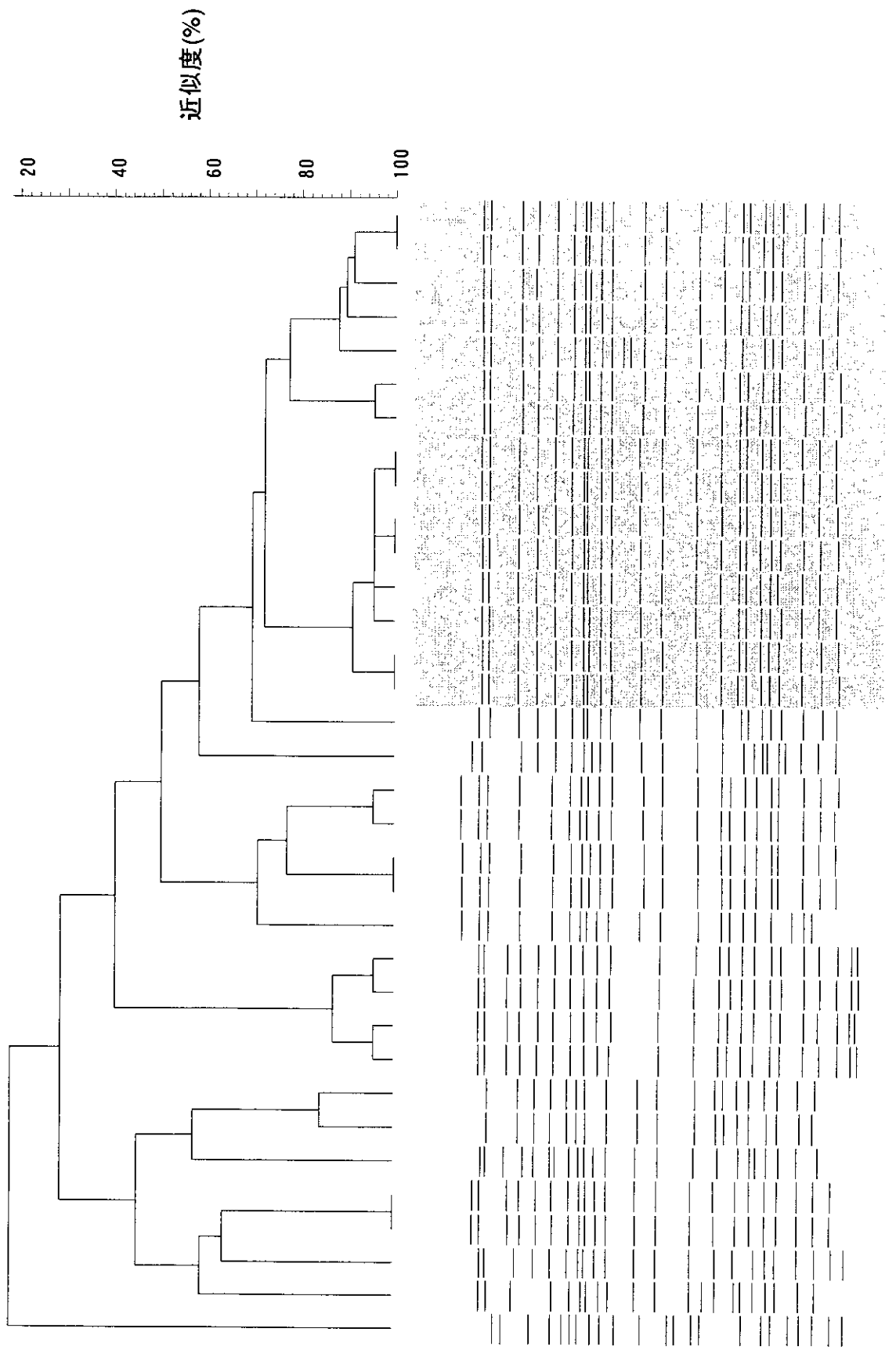


図2 2003 O111 34株

Tol:0.4%



厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症研究事業）
分担研究報告書

チフス菌 (*Salmonella enterica* serovar Typhi)、パラチフス A 菌 (*Salmonella enterica* serovar Paratyphi A) のパルスフィールド電気泳動法による遺伝子切断パターンのデータベース作成

分担研究者 渡辺治雄 国立感染症研究所細菌第一部
協力研究者 廣瀬健二 国立感染症研究所細菌第一部

国内各地での腸チフス・パラチフスの散发事例や、集団発生の解析において、各地からの分離菌株の PFGE パターンの比較を通して、散发事例が同一の菌株に由来するのか、また集団発生は1つ菌株によるものなのかを決めることが可能である。問題となる事例で分離された菌株の PFGE パターンとそれ以前に作成されたデータベース内の過去に分離された菌株間のパターンを比較することで、感染源の遡り調査や疫学的解析に応用することが可能であり、感染拡大の防止や感染源の追求に大いに貢献できると考えられる。

A 研究目的

チフス菌 (*Salmonella enterica* serovar Typhi)、パラチフス A 菌 (*Salmonella enterica* serovar Paratyphi A) は、腸チフス・パラチフスは原因菌で現在も日本で発生がある。腸チフス・パラチフスにおいても食品が原因と疑われる食中毒の散在的集団発生がみられている。このような事件において分離された菌の関連性を調べるためにパルスフィールド電気泳動法 (PFGE) が有用であるかどうかを検討した。

B. 研究方法

PFGE は、チフス菌では、制限酵素: *XbaI*、パルスタイム: 2・50 秒、泳動時間 22 時間、電圧 6V/cm、温度 12-15℃、パラチフス A 菌では、制限酵素: *XbaI*、パルスタイム: 4・50 秒、泳動時間 18 時間、電圧 6V/cm、温度 12-15℃の泳動条件で行った。泳動は、

BIO-RAD 社の CHEF-DRIII を使用した。泳動後に FingerprintingII (BIO-RAD 社) に取り込み系統樹を作成した。DNA サイズマーカーである Lambda Ladder をおき異なるゲル間での移動度による泳動像の差の補正を行った。デンドログラムの作成は UPGMA 法によるクラスター形成法を用い、近似度の計算には Dice 係数を用いた。トレランス値はプログラムによる最適化で選択した。

C. 研究結果と考察

腸チフスの原因菌であるチフス菌 (*Salmonella enterica* serovar Typhi) とパラチフスの原因菌であるパラチフス A 菌 (*Salmonella enterica* serovar Paratyphi A) の PFGE データベースを作成した。過去に日本国内で分離されたチフス菌 170 株、パラチフス A 菌 70 株を用いて PFGE による解析を

行い、そのデータよりデンドログラムを作成した。チフス菌では、*XbaI* 処理による PFGE 後のバンドパターンにバリエーションが見られたため、集団発生が起こったときなどにはファージ型と PFGE を組み合わせて感染源の追求や疫学的解析にこれらのデータベースに蓄積されたデータが活用できる可能性があると考えられた(図 1)。一方、パラチフス A 菌では、PFGE のバンドパターンにバリエーションが見られなかった(図 2)。世界各地の由来の異なるパラチフス A 菌の PFGE パターンを比較すると、その中にはきわめて類似したパターンが見られた。このことから、パラチフス A 菌では感染源の追求に PFEG パターンを利用することにはかなりの困難があると考えられた。これは、チフス菌 170 株、パラチフス A 菌 70 株で得られたデータでの解析結果からの印象で、この先さらに試験菌株数を増やし検討を続ける必要がある。

国内各地で腸チフス・パラチフスの散発

事例が続いたときや、集団発生の解析において、各地から分離された菌株の PFGE パターンを比較することで散発事例が同一の菌株によるものであるかどうか、また集団発生は 1 つ菌株によるものか否かなど、感染源の調査や、疫学的解析のために事前に日本で分離された菌株のデータベースを作っておくことは有用である。分離された菌株の PFGE パターンと事前に作成したデータベース内の過去に分離された菌株のパターンを比較することで感染源の調査や疫学的解析が迅速に行われ感染拡大の防止や感染源の調査に大いに貢献できると考えられる。

D. 研究成果

論文として発表予定

E. 危機管理情報

チフス菌の PFGE データベースは、チフスの流行時の感染源追求の一つの指標として活用できる。

図1 チフス菌 171株 Tol: 0.59%

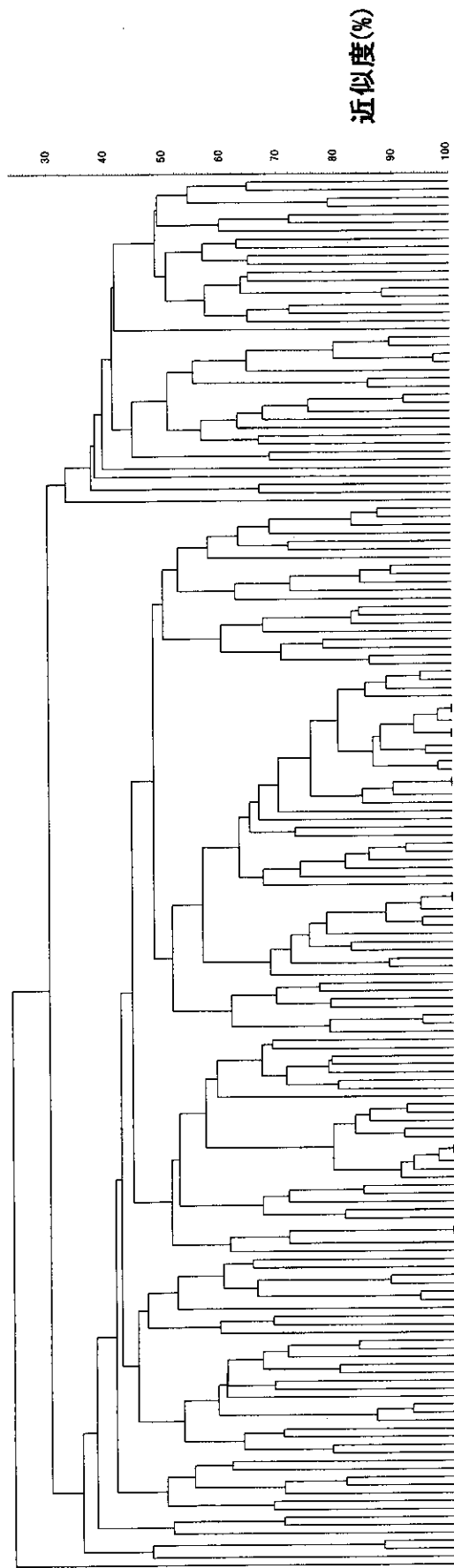
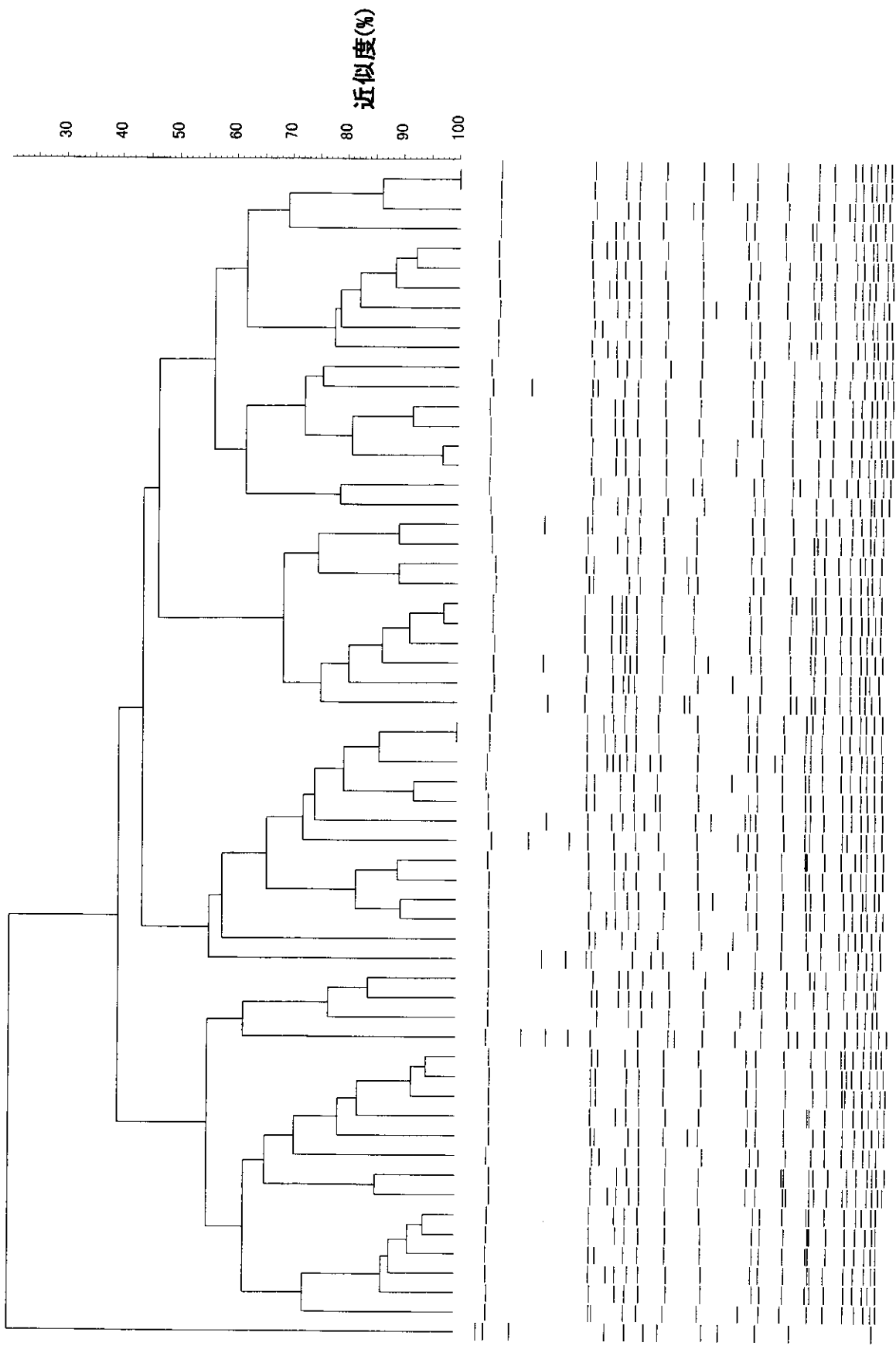


図2 パラチフス菌 60株 Tol : 0.59%



厚生労働科学研究費補助金(新興・再興感染症研究事業)

分担研究報告書

薬剤耐性 *Salmonella* Typhimurium および *Salmonella* Enteritidis に関する
分子疫学マーカーのデータバンクの構築

分担研究者 渡辺治雄 国立感染症研究所 細菌第一部長

協力研究者 泉谷秀昌 国立感染症研究所 細菌第一部主任研究官

研究要旨:近年の経済のグローバル化、流通システムの高度化に伴い、海外から多様な食品等が国内に輸入されるようになってきている。これに伴い、海外で報告されていた新規のクローンによるものと思われる感染症が国内に侵入する機会も増大している。しかしながら、そのような新規クローンの侵食および発生状況を探知するためには、予めある程度のデータバンクを構築し現況を把握しておく必要がある。このため本研究では、多様な菌種について分子疫学マーカーのデータバンクを構築することを目的としている。本分担研究においては、特に、サルモネラ感染症、とりわけ薬剤耐性 *Salmonella* Typhimurium および *Salmonella* Enteritidis に着目してデータバンクを構築した。

A. 研究目的

厚生労働省食中毒統計によれば、サルモネラは細菌性食中毒において件数、患者数とも常に上位を占めている菌種であり、公衆衛生上大きな問題となっている(図 1)。

サルモネラには約 2,500 種の血清型が含まれるが、なかでも分離頻度の高いのが Enteritidis (SE) である。本血清型は

1989 年以後わが国で検出される最も主要な血清型で、全体の約半数を占めている。

また近年サルモネラ感染症において世界的に問題となっているのが多剤耐性 *Salmonella* Typhimurium (ST) である。とりわけ、アンピシリン、クロラムフェニコール、ストレプトマイシン、サルファ剤およびテトラサイクリンの 5 剤に耐性

(R-ACSSuT)で、ファージ型が DT104 であるものが欧米を中心に蔓延している。このタイプの菌は 1984 年に英国で報告されたのが最初である。現在、英国ではヒトから分離される ST の大半がこのタイプによって占められている。

国内においても多剤耐性 ST DT104 がヒト、動物、環境から分離報告されるようになってきている。

そこで本研究では昨年度に続き多剤耐性 ST 株について、分子疫学マーカーの代表的な手法であるパルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) を実施したほか、さらに SE についても PFGE データバンクの構築を試みた。

(倫理面への配慮)

食中毒事例に関し、ヒトの臨床情報等を扱う場合には、事前に研究倫理委員会の承認を得た上で、個人情報の取り扱いに注意し、研究を遂行する。分離した菌株に関しては、匿名化を図り、特定の個人に不利益が生じないように配慮する。

B. 研究方法

1. 供試菌株: 全国の地方衛生研究所等および動物医薬品検査所等の協力により得られた SE および多剤耐性 ST を使用

した。

2. パルスフィールドゲル電気泳動法 (PFGE): Izumiya らの方法 (J. Clin. Microbiol. 35, 1675-1680, 1997) にしたがって実施した。泳動条件は 6V, 4°C, ランプ時間 5-50 秒で 20-21 時間泳動した。

3. ファージ型別: 英国 PHLS より分与された型別用ファージを使用して標準法に従って型別を行った。

4. 薬剤感受性試験: BBL 社のセンシティブディスクを用いて、NCCLS に準拠した方法により試験し耐性を決定した。

C. 研究結果

2000 年から 2003 年に当部に送付された SE 株のうち、約 900 株について PFGE を行った。PFGE プロファイルをファージ型と照らし合わせることで、PFGE の疫学マーカーとしての性格は 2 つの場合に分けられることが判明した。すなわち、1) 同じもしくはきわめて類似した PFGE プロファイルを示しながらもファージ型別によって多様な型に分離できる場合、2) 逆にファージ型が同じであっても多様な PFGE プロファイルを示す場合、があった。それぞれの例を図 1 および図 2 に示した。

図 1 に示した PFGE プロファイルは全

体の半数近くを占め、これらのプロフィールを示した場合にはPFGEよりもむしろファージ型を疫学マーカーとして使用すべきであると考えられる。一方、図2では全て同じファージ型 PT1 であるにもかかわらず、多様なPFGEプロフィールを示した。また、図2に示したPFGEプロフィールのほとんどは図1に示したものとまったく異なるものであった。このことから、図1にあるPFGEプロフィールを示さない場合はPFGEの方が疫学マーカーとして有用であると考えられる。

昨年度において、多剤耐性STの中でもフルオロキノロン耐性ST株が散発的に分離されるようになっていたことを報告した。この株はフルオロキノロン以外にDT104と同様ACSSuTに耐性であり、なかにはさらにゲンタマイシン、トリメトプリムに耐性の株も分離されている。これらのPFGEプロフィールは非常に近縁度が高く、かつわが国を含め欧米先進諸国で蔓延しているDT104株とは異なるクローンであった。昨年度作成した多剤耐性STのPFGEデータベース内に過去の株で本菌株と類似したPFGEプロフィールを示すものを検索したところ、約300株中1株(1997年分離)が酷似したプロフ

ファイルを示していることが見出された(図3)。

D. 考察

SEにおいては図1に示したような特定のPFGEプロフィールを示すものが多数を占めるため、ファージ型のほうが疫学マーカーとして優れている場合が多いことが示された。しかしながら、それ以外のPFGEプロフィールを示した場合には、ファージ型別よりも多様性があり、PFGEの有用性があると考えられた。

一方、最近になって散発的な報告例のあるフルオロキノロン高度耐性STについて、過去にも同様のPFGEプロフィールを示す株が見られたことは、大変興味深く、本研究のようなデータベースの有用性を示唆するものと考えられる。

E. 結論

病原細菌は常に新たな能力を獲得して進化を続けており、遺伝子型のデータベースを構築しておくことで種々の疫学マーカーの有用性を把握できるとともに、新たなクローンの検出および対応が容易になると考えられる。

F. 健康危険情報

サルモネラに関し、新たな耐性を獲得したクローンの出現は非常に重要な問題である。今後も、その動向に注意が必要である。

G. 研究発表等

板垣道代、白木豊、山田万希子、所光男、河合直樹、泉谷秀昌、渡辺治雄:インターネットを利用した岐阜県下におけるサルモネラ症発生動向調査-S. Enteritidis のパルスフィールドゲル電気泳動による解析-。第 24 回日本食品微生物学会学術総会、2003年10月、岡山県岡山市。

H. 知的財産権の出願・登録状況

なし

※解析に使用した菌株を提供していた全国の地方衛生研究所、動物医薬品検査所、動物衛生研究所等の諸先生方に深謝いたします

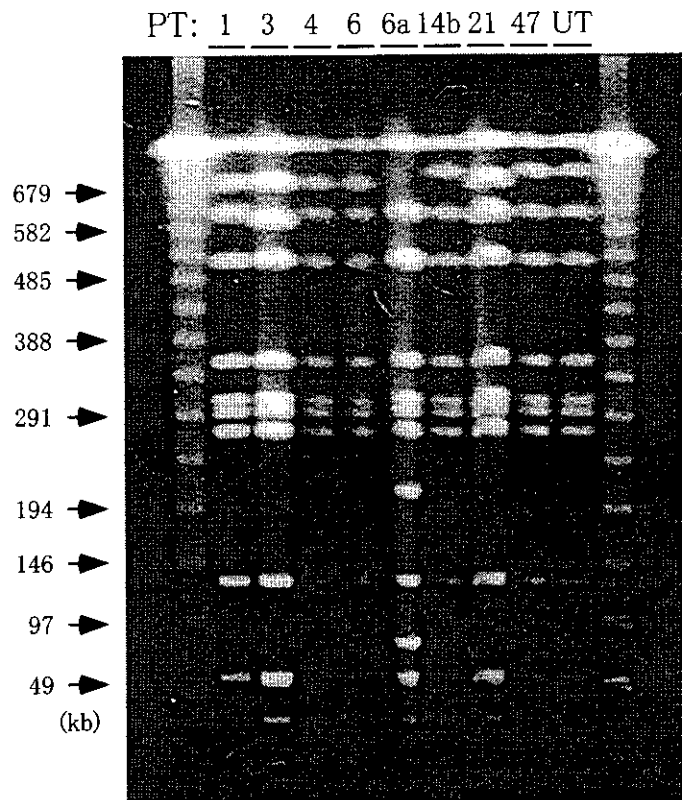


図1. *S. Enteritidis*における類似したPFGEプロファイルと異なるファージ型を示す株の代表例

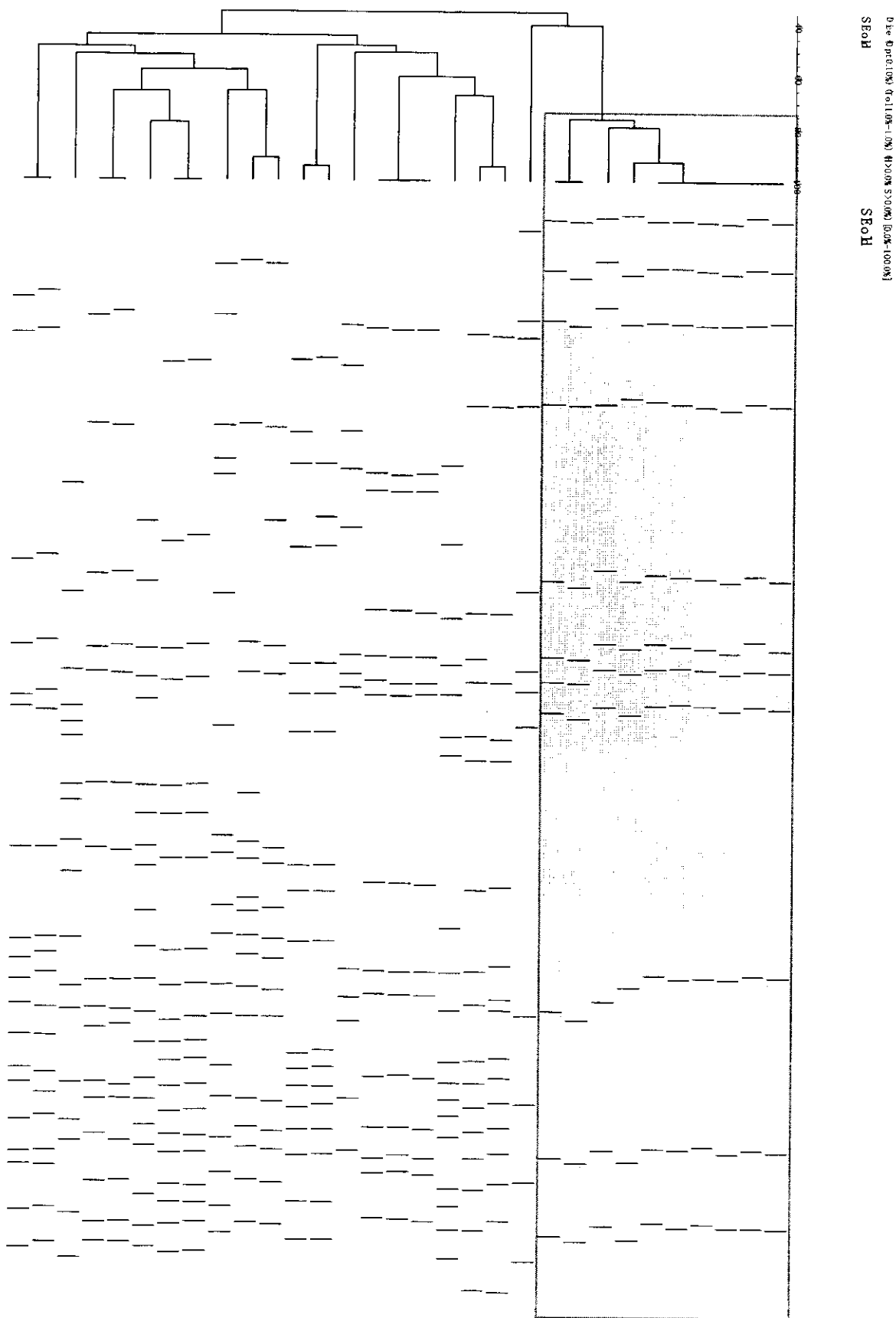


図2. *S. Enteritidis*における、同一ファージ型 (PT1) で多様なPFGEプロファイルを示す例。(囲みは図1で示したものと類似したプロファイルの部分を表す。)

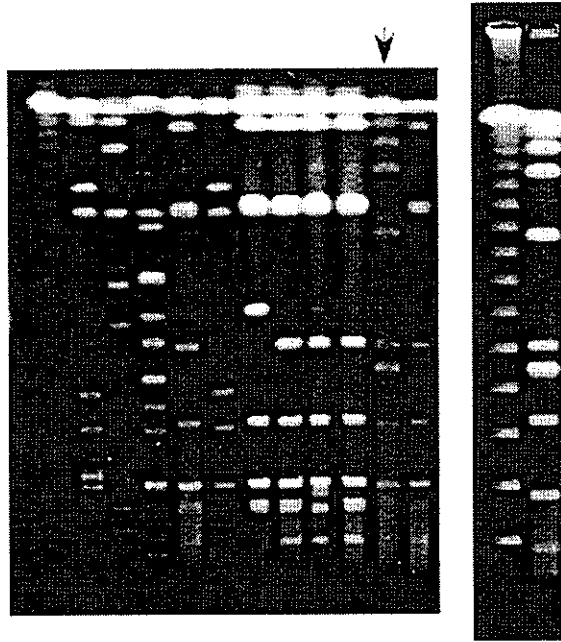


図3.フロオロキノロン高度耐性S. Typhimurium株のPFGEプロファイル(右)と類似したプロファイルを示す株(左、矢印のレーン)