

2004-0117A

厚生労働科学研究費補助金
食品の安全性高度化推進研究事業

ウシ由来腸管出血性大腸菌O157の
食品汚染制御に関する研究

平成16年度 研究報告書

主任研究者 朝倉 宏
国立医薬品食品衛生研究所 食品衛生管理部

ウシ由来腸管出血性大腸菌 O157 の食品汚染制御に関する研究

主任研究者

朝倉 宏 国立医薬品食品衛生研究所 食品衛生管理部

協力研究者

牧野壮一 帯広畜産大学 大動物特殊疾病研究センター 教授

山本茂貴 国立医薬品食品衛生研究所 食品衛生管理部 部長

五十君静信 国立医薬品食品衛生研究所 食品衛生管理部 室長

中澤宗生 独立行政法人 農業・生物系特定産業技術研究機構産業機構
動物衛生研究所 安全性研究部 ブーノーシス研究室 室長

森元賢典 神戸市食肉衛生検査所 所長

南川総子 神戸市食肉衛生検査所 検査員

目次

1. 厚生労働科学研究費補助金 総括研究報告書

ウシ由来腸管出血性大腸菌 O157 の食品汚染制御に関する研究……………1

2. 研究報告書

(1) 食肉衛生検査における O157 の検出と分子疫学的検討……………7

(2) ウシ及びヒト由来 O157 株における病原遺伝子の保有状況ならびに
志賀毒素産生とファージ関連遺伝子との相関性について……………18

(3) ウシ由来 O157 株における ETT2 遺伝子領域の分布…………… 34

厚生労働科学研究費補助金(食品の安全性高度化推進研究事業)
(総括研究報告書)

ウシ由来腸管出血性大腸菌 O157 の食品汚染制御に関する研究
主任研究者 朝倉 宏 国立医薬品食品衛生研究所 研究員

研究要旨

ヒトの腸管出血性大腸菌感染症は、主に糞便に汚染された食肉、未殺菌乳、野菜、水及びジュース等が原因となって引き起こされることから、家畜についての調査が進められ、ウシを中心とした様々な動物より多くの血清型が分離されている。実際にこうした調査により3割近いウシが EHEC を保持していることも報告されており、家畜等動物の中でも特にウシがヒトへの EHEC 感染に関与していると一般的には考えられている。ヒトと異なり、ウシは本菌に感染しても症状を呈さないため、健康保菌動物として、ヒトへの感染伝播を果たしているとは推察されているが、わが国においてウシより分離される O157 株の多くは Stx2 もしくは Stx2c 産生性であり、ヒト患者由来株における毒素型の割合とは大きく異なっている。このことは、ウシのみがヒトへの感染源であるとはいえないこと、そしてウシ由来 O157 株の全てがヒトに感染性を有するかについても明らかな証拠はないことを示している。本研究では、わが国において食肉汚染を引き起こす O157 の分布を把握し、その遺伝学的特徴をターゲットとして、ヒト由来株と比較することで、ウシの保有する O157 の全てが果たしてヒトに感染性を有し、発病へいたるかについて明らかにすることを目的とした。2004年に食肉の検査段階でウシより分離された O157 株について、PFGEによるDNA解析を行い、ある農場由来株が近接個体への汚染原因と推察された。また、ある農場のウシからは、出荷時期の違いにも係わらず相同性の高い菌株が複数回分離され、農場におけるウシの保菌状況について改めて検証する必要性が示唆された。

また、多検体のウシ由来株を収集し、病原遺伝子群の保有状況を調査したところ、代表的な病原遺伝子の保有には顕著な差異はなかったことから、その他の比較解析

の必要性が示された。そこで、遺伝子型毎に、毒素産生の比較を行うことで、ウシ由来株ではヒト由来株とは明らかに異なる分布を示すことを明らかにした。また、本毒素遺伝子の座位するファージ領域内の遺伝子群として、*Q*および*S*遺伝子の保有状況を検討したところ、*Q*遺伝子の保有は毒素産生と相関性が認められ、毒素型別およびその産生の両面から、検出段階における有用性が示唆された。

更に、ETT2領域の一部は、PCR およびサザンブロット検出によりいずれも検出されたが、その応答に差異を認めたことから、ウシ由来代表2株の約5.5Kbの同遺伝子配列を決定し、ヒト由来代表株と比較を行うことで、ウシ由来2株ではヒト由来株と1塩基の違いが共通に認められることを明らかにした。

A. 研究目的

わが国におけるヒトのEHEC O157症は、96年に全国的な流行を呈した後もその発生は絶えず、食肉製品を原因とした事例も依然として多い。食肉となる家畜は高頻度にEHEC O157を保有していることから、最も重要なヒトへの感染源として広く認識されている。したがって、こうした家畜からの汚染を制御することはヒトのO157事例が後を絶たない現状において必須である。近年の分子生物学的手法を用いた疫学研究の成果として、家畜から分離される全てのEHEC菌株が病原性を持つのではなく、ヒトに感染して発症させる株はそのうちの一部に限られていると考えられるようになってきている。現在の食品におけるEHEC O157のリスク評価はO157全体を対象としているが、本症の発症菌数の低さから考えると、問題となる病原株は非病原株に対してむしろ局在していると思われる。本研究では、ウシが保菌しているEHEC O157の中でヒトに対して病原性を有する菌株がどのような特徴を持ち、どの程度存在しているかを明らかにすることで、病原株の選択的コントロール、ひいてはヒトの健康に直結した本感染症のリスク評価システムの構築に必要な科学的根拠を得ることを目的とする。

B. 研究方法

ウシより分離されるO157は後を絶たない。そこで、食肉検査段階における汚染実態調査ならびにPFGEによる分子疫学的検討を行った。その結果、農場による高濃度持続的な保菌が推察されたことから、ランダムにウシ由来O157株を収集し、ヒト由来株と代表的な病原遺伝子群の保有状況について比較した。それらはほぼ共通に保有が認められたことから、疫学マーカーとして迅速簡便性のある手法の確立が必要と思われたので、この点について研究した。

検査段階におけるO157の確認には、毒素遺伝子ならびに毒素産生の検出が不可欠とされるが、培養法と凝集反応をベースとしているため、確定には時間を要する。そこで、毒素遺伝子型と共に、毒素産生を併せて、推測できる系を構築することにより、汚染菌の病原性について検討することができると考え、PCRによる検出法を試みた。また、ETT2領域の保有状況についてはサザンハイブリダイゼーションにより検出をおこない、ウシ由来代表株について、同領域の塩基配列を決定し、ヒト由来株との比較を行った。

(倫理面への配慮)

本研究における供試菌株は何れも大腸菌

で、何れの実験もP2施設内でバイオセーフティー規定を遵守する事で外部流出予防及び実験者の安全確保を行った。また、分離菌株の使用に際して、個人情報等の取り扱いは慎重に行った。

C. 研究結果

食肉検査の段階におけるO157汚染実態について把握するため、食肉衛生検査所での協力をいただき、分離株に関して、PFGE法をベースに分子疫学的検討を行い、これらの遺伝学的関連性について考察した。これらは同一農場由来として分離された菌株の一部は、分離時期の違いにもかかわらず、非常に高い相同性を示しており、当該農場における持続的な保菌が推察された。また、舌ふきとり検査により分離された複数の同一農場由来株と周囲の検体分離株がPFGEパターンで一致したことは、特定農場における高濃度汚染の実態と、食肉処理段階における周囲への汚染拡大を示唆している。

次に、特定ではなく、多集団をもってウシ由来株の特徴づけを行うため、全国の家畜保健所で分離されたウシ由来株計129株、食肉由来株計33株、ヒト由来株として集団感染事例由来および散発事例由来計66株を収集した。更に、食中毒事例として、患者および食品双方から菌株が分離されてい

る3事例由来計12株についても併せて収集した。

上記菌株を用いて、病原遺伝子(*stx*, *eaeA*, *espA*, *EhxA*, *katP*)の保有状況をPCR法により調査したところ、ウシ由来株に2-5株の非検出もしくは増幅サイズの違いが認められたのみで、両者間に有意な差異は認められなかった。また、O157供試株の*eaeA*型はいずれもγ型であったが、*stx*型については、ウシ由来株の*stx2c*保有率が69.8%とヒト由来株の30.3%とは大きく異なっていた。また、Stx2毒素の発現は、両由来で大きく異なっており、Stx1についてはヒト由来株ではいずれも<1:128であったのに対し、ウシおよび食肉由来株では13株中10株が1:32以下の力価を示した。また、*stx2c*保有ウシ由来株の毒素産生は、ヒト由来株に比べると概して低価を示した。更に、同一ファージ上の*Q*および*S*配列の保有状況を確認するため、Stx2およびStx2cファージ配列を元にプライマーセットを作成し、それぞれの毒素産生との比較を行うことで、相関性が認められ、病原評価への応用性が示唆された。

また、EIT2配列では、サザンハイブリダイゼーションによりC領域にウシ由来株の一部が弱い反応を示したことから、これらのDNA配列を決定し、この中の遺伝子内に1塩基多形性を示唆するデータが得られた。

D. 考察

食肉汚染による O157 症例は統計的にはそれほど多くなく、また、実際に原因と目される食品から O157 が検出された事例はそれほど多くはない。

しかしながら、ウシの感染源としての認識は未だ強く、ウシから分離される O157 全てがヒトへの感染体として誤認されている現状も否定できない。

本研究では、食肉検査段階における交差汚染の可能性について示唆するデータを得るとともに、その原因についても推察することができた。また、多数のウシおよび食肉由来株を用いてヒト由来株との比較解析の試みの一端として、病原遺伝子の保有状況について検証したが、これらには有意な差異は存在しなかった。このことは多形性として現れる、ゲノム配列の差異が、主要な病原遺伝子には現れないことを示している。一方で、ウシ由来株における高頻度の *stx2c* の存在と、ヒト由来 *stx2* 株に比して、多様な毒素産生性は、病原性を測る上で重要な指標となる。本研究では、これに関する知見を得るため、*stx2* および *stx2c* ファージ DNA 配列から、毒素遺伝子の発現に影響を及ぼす *Q* 配列を候補として、プライマー設計を行い、PCR による検出をおこなった。PCR による検出結果と *stx2(c)* 保有との

相関性はなかったが、PCR 陰性株における毒素産生は有意に低く、その多くはウシ由来株で認められ、毒素産生および毒素遺伝子型を予測するマーカーとしての有用性が示唆された。

E. 結論

1. 食肉段階での汚染状況を調査し、その汚染原因に関して分子疫学的に考察することで、交差汚染を示唆することができた。
2. ウシ、食肉およびヒト由来 O157 株を多検体収集し、病原遺伝子の保有状況について調査を行うことで、*eaeA-γ*, *espP*, *EhxA* および *katP* の共通した保有性を明らかにした。
3. 上記菌株の志賀毒素 (Stx) 産生に関して、*stx* 遺伝子型と併せて比較を行うことで、ウシ由来株における *stx2c* 株の高い保有率を明らかにするとともに、ヒト由来株に比べて低産生株が高い割合で存在することを明らかにした。
4. こうした毒素産生の差異は、毒素遺伝子の翻訳停止を抑制する *Q* 遺伝子の保有と相関していることを明らかにした。
5. ETT2 領域の DNA 配列についてウシ由来代表株を用いて決定した。ヒト由来株との相違は 1 部のみに認められ、ウ

シ、ヒト由来株における多形性解析への有用性が示唆された。

含む)

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他

なし

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

1) Asakura H., Panutdaporn N., Kawamoto K., Igimi S., Yamamoto S., and Makino S. 2004. Isolation of mini-Tn5Km2 insertion mutants of *Salmonella enterica* serovar Oranienburg sensitive to NaCl-induced osmotic stress. *Microbiol. Immunol.* 48: 981-984.

2. 学会発表

- 1) 朝倉宏、度会雅久、白幡敏一、牧野壮一. マウス通過による *Salmonella* Oranienburg の食塩感受性変化に関する遺伝学的検討. 第77回日本細菌学会学術総会. 2004年4月 大阪
- 2) 朝倉宏、五十君静信、柳忠湖、鈴木荘介、春日文子、山本茂貴、熊谷進. *Providencia alcalifaciens* 由来 LPS の病原性に及ぼす影響についての検討. 第138回日本獣医学会学術集会. 2004年9月 札幌

H. 知的財産権の出願・登録状況 (予定を

(1) ウシ由来 O157 の汚染実態に関する分子疫学的検討

研究要旨

腸管出血性大腸菌は O157 をはじめとして、家畜から高頻度に分離されていることから、食肉の検査段階における汚染状況を明らかにする目的で、食肉センター搬入後のウシ直腸内容及び解体行程における各種検体について、O157 の検出を行った。

計 481 検体(直腸内容 301 検体、肝臓ふきとり 60 検体、舌ふきとり 60 検体、第三胃ふきとり 60 検体)のうち、O157 陽性のものは、直腸内容 10.3%(31/301)、ふきとり検査では肝臓 1.7%(1/60)、舌表面 6.7%(4/60)、第三胃 5.0%(3/60)であった。O157 陽性検体のうち、最終的に分離された菌株はいずれも血清型 O157:H7 であり、毒素遺伝子型は 92.3%が *stx2c* であった。PFGE による DNA 解析の結果、5 株が同一のパターンを示していたが、このうち 3 株は R 農場のウシ由来であり、残り 2 株が検出されたウシはこれらの前後に処理されていたことから、交差汚染の可能性が示唆された。こうした O157 の食肉汚染には農場でのウシの保菌状況が大きく関与していると考えられ、飼育段階における検査の必要性が改めて認識された。

協力研究者

神戸市食肉衛生検査所 所長 森元賢典
検査員 南川総子

A 研究目的

腸管出血性大腸菌 O157 は、ウシより高頻度に分離されているが、主にウシ生体からの検出報告が多く、米国の調査では 0.2-60.4%程度の汚染が確認されている¹⁾²⁾。

一方で、食肉処理工程における検出報告は少ない³⁾⁴⁾。実際に検出された場合には、当該肉について十分な消毒を行うこととされており⁵⁾、ウシ生体における汚染実態の把握と、処理工程の精度管理を行うために、その把握は食肉衛生上、極めて重要といえる。これまでもいくつか汚染実態調査があり、汚染頻度は明らかにされてきている⁶⁾⁷⁾。今回は食肉検査の個々の段階において、検出を試みたので、報告する。

O157 陽性検体については、保有毒素遺伝子型別および毒素産生についてスクリーニング的に検査を実施するとともに、パルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)法⁸⁾を用いた DNA 解析を行うことで、それらの遺

伝学的関連性を明らかにした。感染源の特定へと結びつくこうした知見により、食肉におけるリスク評価のための基礎資料を得ることを目的とした。

B. 研究方法

1. 検査材料

2004 年 7 月から 10 月までに、神戸市食肉衛生検査所に搬入されたウシ由来の舌・肝臓および第 3 胃ふき取り各 60 検体、および直腸内容物 301 検体、合計 481 検体を使用した。また上記検体採取後には、肝臓の処理台についても併せてふき取りを実施した。検体は採材後、速やかに試料に供した。

2. O157 の検出方法

1) 試料の調整: 検体は無菌操作のもとに、ストマッカー袋に入れ、ノボビオシン加 mEC ブロスを 20ml 加え、1 分間ストマッキングしたものを試料原液とした。

2) 増菌培養: ノボビオシン加 mEC ブロスを

いれ、スタマッキングした検体について、
42°Cで20時間培養を行った。

3) O157 抗原の検出: 培養液をミニバイダス
ICE O157 検出用キット(日本ビオメリュー)
を用いて、O157 陽性検体のスクリーニング
を行った。

4) 分離培養: 分離に際しては、ミニバイダス
ICE O157 確認用キット(日本ビオメリュー)
で O157 の濃縮を行い、CT-SMAC とクロモ
アガー O157、もしくはレインボーアガー
O157 に塗抹し、37°Cで24時間培養した。

5) O157 の同定: 上記平板培地に生えた
疑わしいコロニーを釣菌して、性状試験な
らびに、大腸菌 O157:H7 テスト「ニッスイ」
(日水製薬)を用いて血清型別を行うことで、
同定した。

3. 毒素遺伝子の検出と毒素産生の評価:
stx 遺伝子は Lin らの報告しているプライマ
ーセット⁹⁾(Forward: 5'-gaacgaataatttatgt
-3', Reverse: 5'-tttgattgttacagtcacat-3')を用い

た PCR により検出を行い、増幅断片につい
て *HincII* 処理を行い、得られた切断断片パ
ターンから遺伝子型を特定した(表 2)。

4. 毒素産生試験: 志賀毒素産生試験は逆
受身ラテックス凝集反応(デンカ生検)を用
いて行った。

4. パルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)
による DNA 解析: 試料の調整は Gautom ら
の方法⁸⁾に準じて行った。*XbaI* を用いた制
限酵素処理の後、電気泳動は
CHEFF-Mapper (日本バイオラッド)を用い
て行い、得られた画像については
Fingerprinting II (日本バイオラッド)を用い
てデンドログラムを作成した。

C. 研究結果

直腸内容計 301 検体のうち、O157 が陽
性であったものは、31 検体(10.3%)であっ
た。

月別の検出状況としては、7 月が 9/83

(10.8%)、8月が12/136(8.8%)、9月が10/75(13.3%)、10月が0/8(0%)であった(表1)。また、出荷地別の内訳は、近畿が4.3%(2/46)、四国が2.7%(2/75)であったのに対し、中国27.2%(6/22)、九州13.3%(21/158)と有意に高値を示していた(表1)。このうち、農場L,N,P,Rでは異なる個体から異なる時期に複数回O157が分離されていた(表2)。

一方、ふき取り検査においては舌表面から6.7%(4/60)、肝臓表面からは1.7%(1/60)、第三胃からは5.0%(3/60)でO157が検出された。また、肝臓の処理台からは調査期間を通じてO157は検出されなかった。

分離されたO157株、計39株について、毒素遺伝子型別を行ったところ、*stx2c*が92.3%(36株)と優位を占め、その他は、*stx1*、*stx1+2c*、*stx1+2+2c*が各1株であった(表2)。また、いずれの株も毒素産生性

を有していた。

PFGE法を用いてDNA解析を行ったところ、直腸内容・ふきとりを問わず、複数回にわたって別個体からの検出を認めた農場R由来の株はいずれも同一のパターンを示しており、更に同じ日に処理を受けた別農場A,B由来株とも100%一致していた(図1)。

また、農場Pのウシからは合計3株が分離されたが、同一出荷日に分離された2菌株(#H1057,#1058)は100%の相同性を示しており、約1ヶ月の出荷時期の異なる株(#H1208)とも90.0%と高い相同性を示していた(図1)。

D.考察

わが国におけるO157のウシ汚染は、多くの研究報告により明らかにされているが、今回も直腸内容の検査により同程度の汚染があることが確認された。ただ、これらの

汚染が、ウシの飼育環境に由来するものなのか、食肉処理段階における汚染なのかについては定かではない。

対象としたウシの出荷地別の割合を比較したところ、中国および九州地方で高頻度に検出された(27.2 および 13.3%)。その原因としては、食肉センターまでの輸送時間の長いことが考えられる。これまでの研究報告の中で輸送ストレスによるウシの O157 排菌の高いことは指摘されており¹⁰⁾、輸送距離の長い九州および四国地方からの出荷牛の高い保菌率には、こうした影響が関与していたのかもしれない。

また、分離株の多くが *stx2c* であったことはこれまでの報告¹¹⁾と同様に、ウシ由来株の特徴として挙げられる。

PFGE 解析において、舌表面より分離された 3 菌株のパターンが全て一致したことは同一菌の可能性を示している。さらに、このうちの 1 株を分離した個体(#H207)からは、

肝臓表面からもやはり同一の PFGE パターンを示す株が分離されており、この個体が上記 5 株の感染源となっていたとも推察される。これらの結果は、5 株が何れも農場 R 由来であることを示唆しており、その汚染の程度は高いと推察された。

また、農場 P 由来株についても、異なる時期に分離されているにもかかわらず高い相同性を有しており、特定農場から持ち込まれた O157 が、食肉処理工程への汚染拡大の要因となることが推察された。

E. 結論

わが国の食肉処理段階におけるウシ生体ならびに処理工程中に検体を得ることで O157 の検出を行い、下記の結論を得た。

1. 481 検体より 39 検体(8.1%)で O157 陽性となった。
2. 直腸内容では 301 検体中、31 検体(10.3%)が、舌表面・肝臓表面・第三胃

- | | |
|---------------------------|-----------|
| 表面のふきとり検体では、それぞれ4 | 2. 実用新案登録 |
| (6.7%)、1(1.7%)、3(5.0%)検体が | なし |
| O157 陽性であった。 | 3. その他 |
| 3. 複数回分離された農場由来の代表株に | なし |
| ついて PFGE 解析を行い、交差汚染の | |
| 可能性および農場における持続的な保 | |
| 菌が推察された。 | |
| 以上のことから、農場における検査が | |
| 食肉検査段階への衛生向上に直接的に | |
| 寄与すると思われる。 | |

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

投稿準備中

H. 知的財産権の出願・登録状況（予定

を含む）

1. 特許取得

なし

引用文献リスト

- 1) Keen J.E., and Elder R.O. 2002. Isolation of shiga-toxigenic *Escherichia coli* O157 from hide surfaces and oral cavity of finished beef feedlot cattle. *J. Am. Vet. Med. Asso.* 220: 756-763.
- 2) Zhao T., Doyle P., Shere J., and Garber L. 1995. Prevalence of enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 in a survey of dairy herds. *Appl. Environ. Microbiol.* 61: 1290-1293.
- 3) Ezawa A., Goto F., Saito S., Tamura T, Kawata K, Takahashi K, and Kikuchi N. 2004. A three-year study of entero- hemorrhagic *Escherichia coli* O157 on a farm in Japan. *J.Vet.Med.Sci.* 66: 779-784.
- 4) Pradel N, Boukhors K, Bertin Y, Forestier C, Martin C, Livrelli V. 2001. Heterogeneity of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains isolated from hemolytic-uremic syndrome patients, cattle, and food samples in central France. *Appl. Environ. Microbiol.* 67: 2460-2468.
- 5) 厚生労働省衛食第 207 号および衛乳第 199 号
- 6) Fukushima H, Seki R. 2004. High numbers of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* found in bovine faeces collected at slaughter in Japan. *FEMS Microbiol Lett.* 238: 189-197.

- 7) Itoh Y, Hayashi N, Katoh M, Yamamoto A, Hayashi S, Maeda S, Ezaki T. 1999. The characterization of Shiga toxin-non-producing *Escherichia coli* serotype O157:H7 isolated from carcasses of cattle at a slaughter house. *Microbiol Immunol.* 43: 699-703.
- 8) Gautom RK. 1997. Rapid pulsed-field gel electrophoresis protocol for typing of *Escherichia coli* O157:H7 and other gram-negative organisms in 1 day. *J. Clin. Microbiol.* 35: 2977-2980.
- 9) Lin Z, Kurazono H, Yamasaki S, Takeda Y. 1993. Detection of various variant verotoxin genes in *Escherichia coli* by polymerase chain reaction. *Microbiol Immunol.* 37: 543-548.
- 10) Bach SJ, McAllister TA, Mears GJ, Schwartzkopf-Genswein KS. 2004. Long-haul transport and lack of preconditioning increases fecal shedding of *Escherichia coli* and *Escherichia coli* O157:H7 by calves. *J. Food Prot.* 67: 672-678.
- 11) Tsukamoto T, Yamasaki S, Makino S, Asakura H, Takeda Y. 2002. The serotype and Shiga toxin type of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from humans and various animals. *Kansenshogaku Zasshi.* 76: 167-173.

図1 ウシ由来0157代表株におけるPFGE解析

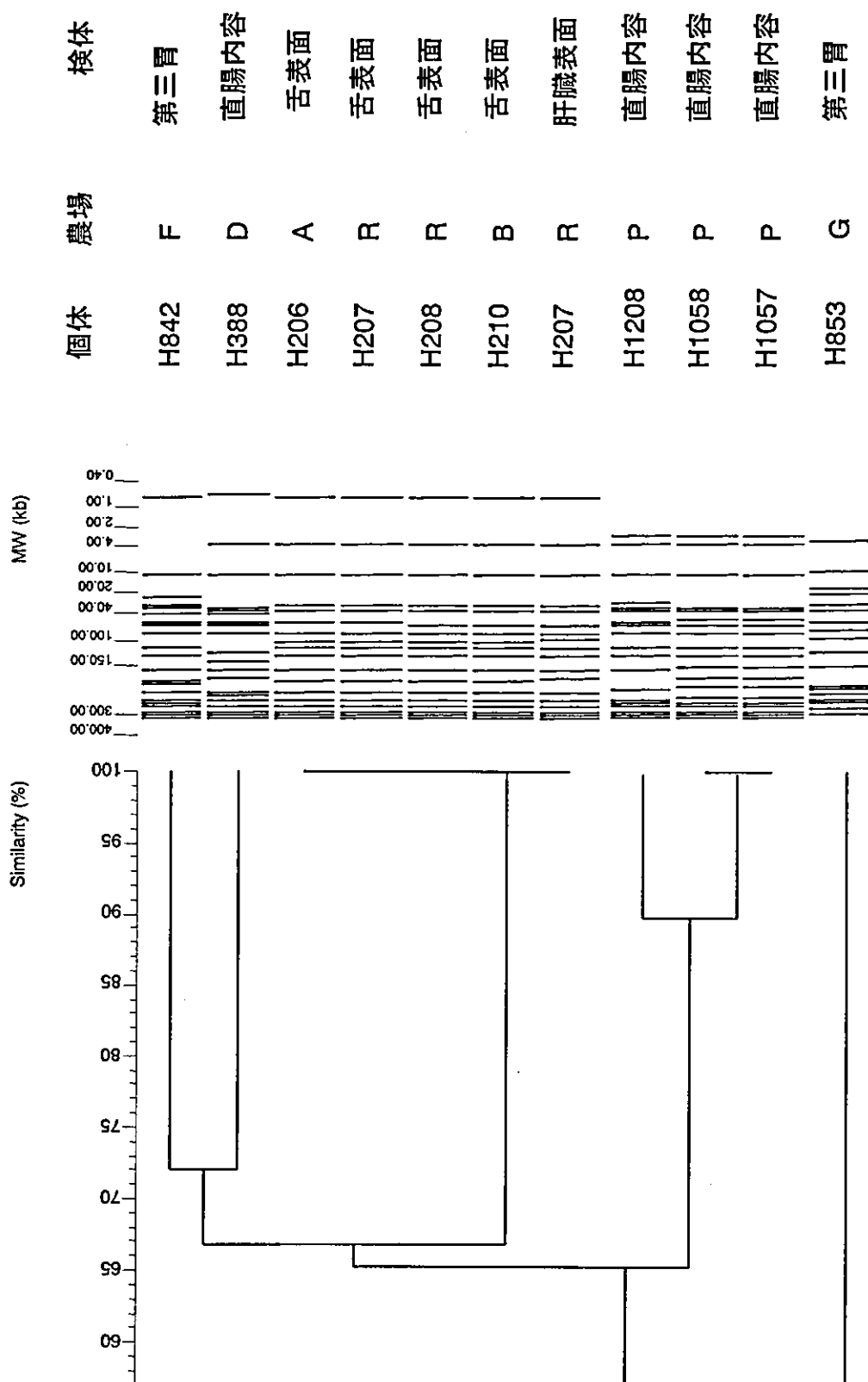


表 1 出荷地別にみた O157 株の検出状況

地方	都道府県	検査頭数	陽性数 (%)
九州	I	74	8 (10.8)
	II	32	7 (21.9)
	III	28	3 (10.7)
	IV	24	3 (12.5)
	他	0	0 (0)
四国	V	29	0 (0)
	VI	23	2 (8.7)
	VII	23	0 (0)
	他	0	0 (0)
中国	VIII	20	6 (30.0)
	他	2	0 (0)
近畿	IX	43	2 (4.7)
	他	3	0 (0)
計		301	30 10.3

表2 農場別にみた直腸内容由来 O157 株の検出状況

農場	陽性数/検体数	<i>stx</i> 遺伝子型*1
A	1/1	<i>stx2c</i> (1)
B	1/1	<i>stx2c</i> (1)
C	1/1	<i>stx2c</i> (1)
D	1/1	<i>stx2c</i> (1)
E	1/2	<i>stx2c</i> (1)
F	1/2	<i>stx2c</i> (1)
G	1/3	<i>stx2c</i> (1)
H	1/3	<i>stx2c</i> (1)
I	1/5	<i>stx2c</i> (1)
J	1/13	<i>stx1+stx2+stx2c</i> (1)
K	2/4	<i>stx2c</i> (2)
L	2/5	<i>stx1</i> (1), <i>stx1+stx2c</i> (1)
M	2/6	<i>stx2c</i> (2)
N	2/6	<i>stx2c</i> (2)
O	3/4	<i>stx2c</i> (3)
P	3/9	<i>stx2c</i> (3)
Q	3/27	<i>stx2c</i> (3)
R	3/9	<i>stx2c</i> (3)

別個体より複数回検出された農場については、太字で記した。

*1 () 内の数字は *stx* 型毎の菌株数を示している。