

*espB*, *tir* はクラスター 1、2、3 において 95%以上の保有率を示し、その他のクラスターではほとんど検出されなかった。*katP* はクラスター 1 と 2 で 95%以上の保有が見られたが、他のクラスターでは保有がほとんど見られなかった。*stcE* はクラスター 1 のみで高い確率で保有が見られたが他のクラスターではほとんど検出されなかった。*saa* はクラスター 4 および 5 で高い保有率を示し、その他のクラスターでは保有する株は見られなかった。*subA* はクラスター 4 で特に高い保有率 (90%) を示し、クラスター 1、2、3、6 に分類される株においてはいずれの株も保有していなかった。*espP* はクラスター 1、2、4、5 で高い保有率を示したがクラスター 3 では保有率が低かった (29%)。*iha* および *ehxA* はクラスター 6 では保有率が低かった (それぞれ 28%、24%) が、その他のクラスターでは高い保有率を示した。

#### D. 考察

##### 1. 各 seropathotype の病原遺伝子保有率の比較

本研究に供された 287 株の EHEC を seropathotype 別に分類し、seropathotype ごとの病原遺伝子保有率を比較した (表 4)。その結果、*stx* については *stx1* が高い病原性を示す seropathotype である seropathotype A および seropathotype B で共に高く、高病原性に関与する可能性が示唆された。*stx2* は特に病原性の高い seropathotype A において最も高い保有率を示したが、感染症発生率の低い seropathotype C において A に次ぐ保有率が示され、高病原性に関連があるとは言え

なかった。その他のバリエーションについてはいずれも高い保有率は見られず、高病原性との関与は考えられなかった。

*stx* 以外の遺伝子については、病原性の高い seropathotype A および seropathotype B でともに高く、その他の seropathotype で低い遺伝子として、*eae*, *espB*, *espD*, *tir* が検出され、これらは病原性を誘起する因子と考えられた。*eae* は付着因子として働く遺伝子であり、*tir* が *eae* 受容体として働く。*espB* および *espD* は III 型分泌装置の構成タンパクであり、接着に関与する。これらの遺伝子はいずれも、染色体上に位置する病原性遺伝子座 LEE に存在する。LEE には腸管上皮細胞への接着に関わる約 40 の遺伝子がコードされており、これらの遺伝子が高病原性への関与が示されたことで、高病原性には細胞接着が重要であることが強く示された。また、*stcE* は特に高い病原性を示す seropathotype A の株全てで保有が確認され、その他の株ではわずかに一株において保有が検出されるだけであったため、*stcE* は seropathotype A に特異的な遺伝子であると考えられた。特に高い病原性を示す場合に必要な病原遺伝子であるのかもしれない。一方で *saa* および *subA* は病原性の高い seropathotype A、B では保有する株は検出されず、病原性の低い seropathotype C および D・E において検出された。これらの遺伝子は病原性に関与するとは考えられなかった。

最後に、今回対象とした病原遺伝子の中で、*iha*, *espP*, *ehxA* は全ての seropathotype において高い保有率が検出され、高病原性との相関は見られなかった。しかし、いずれも特に病原性の高い seropathotype A で

最も高い保有率を示しており、*iha* および *exhA* については次いで seropathotype B での保有率が高いことを考えると、高病原性を発揮するときに利用されているのかもしれない。

## 2. Population structure 解析

### 1) Seropathotype と病原遺伝子保有パターンとの相関

病原遺伝子の保有パターンを指標に 287 供試菌株を population structure 解析によってクラスターに分けたところ、7つのクラスターに分けることができた。最も病原性の強い Seropathotype A の株は全てクラスター 1 に分類され、中程度の病原性を示す seropathotype B の 92 株のうち 88 株 (96%) はクラスター 2 もしくは 3 に、病原性を稀に示すもしくは示さない seropathotype C および D・E の株のうち 148 株 (89%) はクラスター 4、5、6 のいずれかに分類された (表 5)。このことから、seropathotype の分類と病原遺伝子の保有パターンは相関していることが示された。つまり、クラスター 1、2、3 に分類される病原遺伝子保有パターンは病原性を示す可能性が高く、特にクラスター 1 の保有パターンは最も強い病原性を示す可能性がある。一方でクラスター 4、5、6 に分類される病原遺伝子保有パターンは病原性を発揮する可能性が低いと考えられた。病原性の有無は病原遺伝子の有無によって決定づけられていることが示唆された。

### 2) 各クラスターの病原遺伝子保有率の比較

病原性を示す可能性の高い遺伝子保有パ

ーンであるクラスター 1、2、3 において保有率が高く、病原性を示す可能性の低い保有パターンであるその他のクラスターにおいて保有率の低い遺伝子である *eae*、*espB*、*tir* は病原性の発揮に強く関与する可能性がある (表 7)。また、クラスター 1 のみで保有率の高い遺伝子として *stcE* が挙げられ、この遺伝子は特に強い病原性を付与する主要な因子として機能している可能性が考えられた。一方で、*iha*、*exhA* および *espP* は全供試菌株の 7 割以上の株が保有しており、病原性が高いと考えられるクラスター 1、2、3 のみではなく、病原性が低いと考えられるクラスター 4、5、6 においても高い保有率を示すことから、病原性との関わりは低いと考えられた。

また、中程度の病原性を示す seropathotype B は、遺伝子保有パターンから主に二つのクラスター (クラスター 2 および 3) に分かれることが示され (図 2)、何らかの性質の違いが存在する可能性が考えられた。クラスター 2 と 3 の間で保有率の大きく異なる遺伝子は *katP* である (表 7)。*KatP* は病原性が特に強いと考えられるクラスター 1 でも高頻度に保有され、病原性が低いと考えられるクラスター 4、5、6 において保有率が低いことから、強い病原性に関わる可能性が考えられる。よって、seropathotype B の中でもクラスター 2 に属する株はクラスター 3 より病原性が高い可能性が示された。血清群別にみると、O26 の株の多くはクラスター 2 に属し、O103、O111、O121 の株の多くがクラスター 3 に属した (表 6)。血清群 O26 は O157 に次いで検出件数の多い血清型であり [2]、*katP* は感染症の発生頻度に関わっている可能性も

考えられた。今後、さらに多くの菌株について検討することにより、これらの遺伝子と病原性との関連をより強く示すことができると考えられる。

### 3) 潜在的高病原性株の可能性

先に述べたとおり病原遺伝子保有パターンによるクラスター分けと seropathotype の相関が示され、最も病原性の高い seropathotype A の株は全てクラスター1に中程度の病原性を示す seropathotype B の大部分の株はクラスター2及び3に分類された。病原性が低いもしくはないとされる seropathotype C または D・E の株のほとんどはクラスター4、5、6に分類された。しかし一方で、seropathotype C または D・E に分類される血清群の株の中に、病原性を発揮する可能性の高いクラスター1、2、3の遺伝子保有パターンを示す株が存在することが明らかになった(図2)。これらの株はこれまで病原性が低いまたはないと考えられていたが、高い病原性を有する可能性が考えられる。特に、seropathotype C において特に病原性が高いと考えられるクラスター1に属する保有パターンを持つ株が存在しており(図2)、血清群 O165 に属する株であった(表6)。これらの株は高い病原性を持つ可能性が考えられるが、実際に O165 は検出頻度は高くないものの HUS などの重症患者から分離された報告が多数ある[16,17]。また、seropathotype D・E に属する血清群の中にも中程度の病原性を示すと考えられるクラスター2や3に分類される株が存在していた(図2)。つまり、これらの株は seropathotype B に分類される血清群と同

様の遺伝子保有パターンをしており、病原性を示す可能性が考えられる。これまで病原性との関与が示されていない血清群においても高い病原性を有する菌が存在する可能性が示された。さらに、seropathotype B に分類される株の一部にも、特に病原性が高い可能性のあるクラスター1の病原遺伝子保有パターンを持つ株が存在した(図2)。これらの株は現在考えられているより高い病原性を有する可能性がある。

### E. 結論

疫学情報を基に病原性の強さにより血清群を分けた seropathotype の分類は病原遺伝子の保有パターンとよく関連しており、病原性の有無は病原遺伝子の有無によって決定づけられていることが示唆された。ヒトに対する病原性が高い EHEC を検出する指標として *eae*、*espB*、*tir* が有用であり、また *katP* および *stcE* は特に強い病原性を持つ EHEC の指標となることが示唆された。さらに、これまでヒトでの感染症発生が比較的稀な血清群にも高病原性を有する可能性のある菌が存在することが示唆された。

### F. 健康被害情報

なし

### G. 研究発表

#### 1. 論文発表

Lee, K., French, N. P., Jones, G., Hara-Kudo, Y., Iyoda, S., Kobayashi, H., Sugita-Konishi, Y. and Kumagai, S. Variation in stress-resistance patterns among stx genotypes and genetic

- lineages in Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O157. *Appl. Environ. Microbiol.* 78:3361-3368. 2012.
- Hara-Kudo, Y., Saito, S., Ohtsuka, K., Yamasaki, S., Yahiro, S., Nishio, T., Iwade, Y., Otomo, Y., Konuma, H., Tanaka, H., Nakagawa, H., Sugiyama, K., Sugita-Konishi, Y., Kumagai, S. Characteristics of a sharp decrease in *Vibrio parahaemolyticus* infections and seafood contamination in Japan. *Int. J. Food Microbio.* 157:95-101, 2012.
2. 学会発表
- 1) 長尾清香, 李 謙一, 小西良子, 工藤由起子, 志賀毒素産生性大腸菌が保有する病原因子と血清群との関連性の解析, 第33回日本食品微生物学会学術総会, 平成24年10月, 福岡
- H. 参考文献
1. 国立感染症研究所感染症情報センター (1996) <特集>腸管出血性大腸菌O157:H7の集団発生、1996病原微生物検出情報 17: 180-181.
  2. 国立感染症研究所感染症情報センター (2012) 腸管出血性大腸菌感染症2012年4月現在. 病原微生物検出情報 33: 115-116.
  3. Mainil JG, Daube G (2005) Verotoxigenic *Escherichia coli* from animals, humans and foods: who's who? *J Appl Microbiol* 98: 1332-1344.
  4. 喜多英二 (2004) 病態への志賀毒素の役割. *化学療法の領域* 20: 67-73.
  5. Frankel G, Phillips AD, Rosenshine I, Dougan G, Kaper JB, *et al.* (1998) Enteropathogenic and enterohaemorrhagic *Escherichia coli*: more subversive elements. *Mol Microbiol* 30: 911-921.
  6. Karmali MA, Mascarenhas M, Shen S, Ziebell K, Johnson S, *et al.* (2003) Association of genomic O island 122 of *Escherichia coli* EDL 933 with verocytotoxin-producing *Escherichia coli* seropathotypes that are linked to epidemic and/or serious disease. *J Clin Microbiol* 41: 4930-4940.
  7. Wang G, Clark CG, Rodgers FG (2002) Detection in *Escherichia coli* of the genes encoding the major virulence factors, the genes defining the O157:H7 serotype, and components of the type 2 Shiga toxin family by multiplex PCR. *J Clin Microbiol* 40: 3613-3619.
  8. Schmidt H, Plaschke B, Franke S, Russmann H, Schwarzkopf A, *et al.* (1994) Differentiation in virulence patterns of *Escherichia coli* possessing *eae* genes. *Med Microbiol Immunol* 183: 23-31.
  9. Jelacic JK, Damrow T, Chen GS, Jelacic S, Bielaszewska M, *et al.* (2003) Shiga toxin-producing *Escherichia coli* in Montana: bacterial genotypes and clinical profiles. *J Infect Dis* 188: 719-729.
  10. Toma C, Martinez Espinosa E, Song T, Miliwebsky E, Chinen I, *et al.*

- (2004) Distribution of putative adhesins in different seropathotypes of Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. *J Clin Microbiol* 42: 4937-4946.
11. Bustamante AV, Sanso AM, Lucchesi PM, Parma AE (2011) Multiplex PCR assay for the detection of five putative virulence genes encoded in verotoxigenic *Escherichia coli* plasmids. *Curr Microbiol* 62: 1411-1415.
  12. Kobayashi H, Shimada J, Nakazawa M, Morozumi T, Pohjanvirta T, *et al.* (2001) Prevalence and characteristics of shiga toxin-producing *Escherichia coli* from healthy cattle in Japan. *Appl Environ Microbiol* 67: 484-489.
  13. Paton AW, Srimanote P, Woodrow MC, Paton JC (2001) Characterization of Saa, a novel autoagglutinating adhesin produced by locus of enterocyte effacement-negative Shiga-toxigenic *Escherichia coli* strains that are virulent for humans. *Infect Immun* 69: 6999-7009.
  14. Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
  15. Jakobsson M, Rosenberg NA (2007) CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multi-modality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23: 1801-1806.
  16. Chart H, Perry NT (2004) The serological response to Verocytotoxigenic *Escherichia coli* in patients with haemolytic uraemic syndrome. *Lett Appl Microbiol* 38: 351-354.
  17. Seto K, Taguchi M, Kobayashi K, Kozaki S (2007) Biochemical and molecular characterization of minor serogroups of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* isolated from humans in Osaka prefecture. *J Vet Med Sci* 69: 1215-1222.

表 1. 供試菌株

| Seropathotype* | 血清群 (株数)  |           |           |
|----------------|-----------|-----------|-----------|
| A (29株)        | 0157 (29) |           |           |
| B (92株)        | 026 (39)  | 0121 (7)  | 0145 (7)  |
|                | 0103 (11) | 0111 (28) |           |
| C (23株)        | 091 (5)   | 0113 (11) |           |
|                | 0104 (3)  | 0165 (4)  |           |
| D・E (143株)     | 01 (4)    | 055 (2)   | 0136 (1)  |
|                | 02 (13)   | 063 (1)   | 0140 (1)  |
|                | 06 (3)    | 073 (1)   | 0142 (2)  |
|                | 07 (1)    | 074 (1)   | 0146 (2)  |
|                | 08 (16)   | 0100 (1)  | 0148 (1)  |
|                | 014 (1)   | 0106 (1)  | 0150 (1)  |
|                | 015 (5)   | 0116 (9)  | 0151 (1)  |
|                | 016 (1)   | 0117 (4)  | 0153 (9)  |
|                | 017 (1)   | 0119 (4)  | 0158 (1)  |
|                | 018 (1)   | 0123 (1)  | 0163 (11) |
|                | 020 (2)   | 0124 (1)  | 0168 (1)  |
|                | 022 (2)   | 0125 (2)  | 0174 (2)  |
|                | 028 (3)   | 0128 (4)  | 0179 (1)  |
|                | 038 (2)   | 0130 (3)  | OUT (16)  |
|                | 045 (2)   | 0132 (1)  |           |

\*Kalmariらが提唱する血清群による疫学的分類 (表 2 および参考文献 6 参照)

表 2. Seropathotype の分類法

| Sero-pathotype | 血清群   | 感染症発生頻度 | 重篤化への関与 (HUSなど) |
|----------------|---|---------|-----------------|
| A              | 0157:H7, 0157:NM                              | 高       | あり              |
| B              | 026:H11, 0103:H2, 111:NM,<br>0121:H19, 145:NM | 中程度     | あり              |
| C              | 091:H21, 0104:H21,<br>0113:H21, 0165:H25      | 低       | あり              |
| D・E            | その他   | 稀       | なし              |

表 3. 検出病原因子

| 病原遺伝子        | 機能             | ゲノム上の位置      | 参考文献 |
|--------------|----------------|--------------|------|
| 志賀毒素         |                |              |      |
| <i>stx1</i>  | 志賀毒素           | 染色体 (プロファージ) | 7    |
| <i>stx2</i>  | 志賀毒素           | 染色体 (プロファージ) | 7    |
| <i>stx2c</i> | 志賀毒素           | 染色体 (プロファージ) | 7    |
| <i>stx2d</i> | 志賀毒素           | 染色体 (プロファージ) | 7    |
| <i>stx2e</i> | 志賀毒素           | 染色体 (プロファージ) | 7    |
| <i>stx2f</i> | 志賀毒素           | 染色体 (プロファージ) | 7    |
| 付着因子         |                |              |      |
| <i>eae</i>   | インチミン          | 染色体 (LEE)    | 8    |
| <i>iha</i>   | 付着因子           | 染色体          | 9    |
| <i>saa</i>   | 自己凝集性付着因子      | プラスミド        | 10   |
| III型分泌装置     |                |              |      |
| <i>espB</i>  | III型分泌装置構成タンパク | 染色体 (LEE)    | 11   |
| <i>espD</i>  | III型分泌装置構成タンパク | 染色体 (LEE)    | 11   |
| <i>espP</i>  | セリンプロテアーゼ      | プラスミド        | 12   |
| <i>tir</i>   | インチミン受容体       | 染色体 (LEE)    | 11   |
| 酵素・毒素        |                |              |      |
| <i>exhA</i>  | エンテロヘモリシン      | プラスミド        | 7    |
| <i>katP</i>  | カタラーゼ・ペルオキシダーゼ | プラスミド        | 12   |
| <i>stcE</i>  | メタロプロテアーゼ      | プラスミド        | 12   |
| <i>subA</i>  | 細胞障害性毒素        | プラスミド        | 13   |



表 4. Seropathotype間での病原因子保有率の比較

| Sero-<br>pathotype | 病原遺伝子保有率 (%) |             |              |              |              |              |            |            |            |             |             |             |            |             |             |             |             |
|--------------------|--------------|-------------|--------------|--------------|--------------|--------------|------------|------------|------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|
|                    | <i>stx1</i>  | <i>stx2</i> | <i>stx2c</i> | <i>stx2d</i> | <i>stx2e</i> | <i>stx2f</i> | <i>eae</i> | <i>iha</i> | <i>saa</i> | <i>espB</i> | <i>espD</i> | <i>espP</i> | <i>tir</i> | <i>ehxA</i> | <i>katP</i> | <i>stcE</i> | <i>subA</i> |
| A (29株)            | 66           | 86          | 28           | 0            | 0            | 0            | 100        | 97         | 0          | 100         | 93          | 100         | 100        | 100         | 100         | 100         | 0           |
| B (92株)            | 82           | 38          | 4            | 2            | 0            | 0            | 95         | 87         | 0          | 92          | 68          | 58          | 99         | 92          | 47          | 0           | 0           |
| C (26株)            | 26           | 74          | 35           | 17           | 0            | 0            | 17         | 74         | 52         | 17          | 26          | 74          | 17         | 74          | 22          | 0           | 48          |
| D・E (140株)         | 43           | 52          | 24           | 42           | 1            | 1            | 10         | 59         | 48         | 10          | 6           | 74          | 8          | 60          | 8           | 1           | 33          |

表5. Population structure解析によるクラスターとseropathotypeの関係

| Sero-<br>pathotype | クラスター         |             |             |             |             |             |   | 合計  |
|--------------------|---------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|---|-----|
|                    | 1             | 2           | 3           | 4           | 5           | 6           | 7 |     |
| A                  | 29*<br>(100%) | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0 | 29  |
| B                  | 5<br>(5%)     | 38<br>(41%) | 49<br>(53%) | 0           | 0           | 0           | 0 | 92  |
| C                  | 4<br>(17%)    | 0           | 0           | 7<br>(30%)  | 12<br>(52%) | 0           | 0 | 23  |
| D・E                | 0             | 4<br>(2%)   | 10<br>(7%)  | 60<br>(42%) | 37<br>(26%) | 32<br>(22%) | 0 | 143 |
| 合計                 | 38            | 42          | 59          | 67          | 49          | 32          | 0 | 287 |

\* 分類される株数 (各Seropathotypeでの割合)

表6. 血清群別のpopulation structure解析によるクラスタリング結果

| Seropathotype | 血清群  | クラスター |    |    |    |    |    |    | 合計  |
|---------------|------|-------|----|----|----|----|----|----|-----|
|               |      | 1     | 2  | 3  | 4  | 5  | 6  | 7  |     |
| A             | 0157 | 29    |    |    |    |    |    |    | 29  |
| B             | 026  | 3     | 34 | 2  |    |    |    |    | 39  |
|               | 0103 |       | 2  | 9  |    |    |    |    | 11  |
|               | 0111 |       | 1  | 27 |    |    |    |    | 28  |
|               | 0121 |       |    | 7  |    |    |    |    | 7   |
|               | 0145 | 2     | 1  | 4  |    |    |    |    | 7   |
| C             | 091  |       |    |    | 4  | 1  |    |    | 5   |
|               | 0104 |       |    |    | 3  |    |    |    | 3   |
|               | 0113 |       |    |    |    | 11 |    |    | 11  |
|               | 0165 | 4     |    |    |    |    |    |    | 4   |
| D・E           | 01   |       |    |    | 2  | 1  | 1  |    | 4   |
|               | 02   |       |    |    | 13 |    |    |    | 13  |
|               | 06   |       |    |    | 1  | 2  |    |    | 3   |
|               | 07   |       |    |    | 1  |    |    |    | 1   |
|               | 08   |       |    |    | 4  | 2  | 10 |    | 16  |
|               | 014  |       |    | 1  |    |    |    |    | 1   |
|               | 015  |       |    |    | 5  |    |    |    | 5   |
|               | 016  |       |    | 1  |    |    |    |    | 1   |
|               | 017  |       |    |    | 1  |    |    |    | 1   |
|               | 018  |       |    |    | 1  |    |    |    | 1   |
|               | 020  |       |    |    |    |    | 2  |    | 2   |
|               | 022  |       |    |    |    |    | 2  |    | 2   |
|               | 028  |       |    |    | 1  | 2  |    |    | 3   |
|               | 038  |       |    |    | 1  |    | 1  |    | 2   |
|               | 045  |       |    | 2  |    |    |    |    | 2   |
|               | 055  |       |    |    |    |    | 2  |    | 2   |
|               | 063  |       |    | 1  |    |    |    |    | 1   |
|               | 073  |       |    |    |    |    | 1  |    | 1   |
|               | 074  |       | 1  |    |    |    |    |    | 1   |
|               | 0100 |       |    |    |    | 1  |    |    | 1   |
|               | 0106 |       |    |    |    |    | 1  |    | 1   |
|               | 0116 |       |    |    |    |    | 8  | 1  | 9   |
|               | 0117 |       |    |    |    | 4  |    |    | 4   |
|               | 0119 |       |    | 2  | 2  |    |    |    | 4   |
|               | 0123 |       |    |    |    |    |    | 1  | 1   |
|               | 0124 |       |    |    |    |    |    | 1  | 1   |
|               | 0125 |       |    |    |    |    | 1  | 1  | 2   |
|               | 0128 |       |    | 1  | 1  | 1  | 1  | 1  | 4   |
|               | 0130 |       |    |    |    | 1  | 2  |    | 3   |
|               | 0132 |       |    |    |    | 1  |    |    | 1   |
|               | 0136 |       |    |    |    |    |    | 1  | 1   |
|               | 0140 |       |    |    |    | 1  |    |    | 1   |
|               | 0142 |       |    |    |    |    |    | 2  | 2   |
| 0146          |      |       |    |    |    |    | 2  | 2  |     |
| 0148          |      |       |    |    | 1  |    |    | 1  |     |
| 0150          |      |       |    |    | 1  |    |    | 1  |     |
| 0151          |      |       |    |    | 1  |    |    | 1  |     |
| 0153          |      |       |    |    |    | 7  | 2  | 9  |     |
| 0158          |      |       |    |    | 1  |    |    | 1  |     |
| 0163          |      |       |    |    | 1  | 10 |    | 11 |     |
| 0168          |      |       |    |    | 1  |    |    | 1  |     |
| 0174          |      |       |    |    | 2  |    |    | 2  |     |
| 0179          |      |       |    |    | 1  |    |    | 1  |     |
| OUT           |      |       | 3  | 2  | 10 |    | 1  | 16 |     |
| 合計            |      | 38    | 42 | 59 | 67 | 49 | 32 | 0  | 287 |

表7. クラスタ間での病原因子保有率の比較

| クラスター   | 病原遺伝子保有率 (%) |             |              |              |              |              |            |            |            |             |             |             |            |             |             |             |             |
|---------|--------------|-------------|--------------|--------------|--------------|--------------|------------|------------|------------|-------------|-------------|-------------|------------|-------------|-------------|-------------|-------------|
|         | <i>stx1</i>  | <i>stx2</i> | <i>stx2c</i> | <i>stx2d</i> | <i>stx2e</i> | <i>stx2f</i> | <i>eae</i> | <i>iha</i> | <i>saa</i> | <i>espB</i> | <i>espD</i> | <i>espP</i> | <i>tir</i> | <i>ehxA</i> | <i>katP</i> | <i>stcE</i> | <i>subA</i> |
| 1 (38株) | 63           | 89          | 29           | 0            | 0            | 0            | 100        | 87         | 0          | 100         | 92          | 100         | 100        | 100         | 97          | 76          | 0           |
| 2 (42株) | 98           | 12          | 2            | 7            | 0            | 0            | 90         | 98         | 0          | 86          | 38          | 95          | 98         | 98          | 95          | 0           | 0           |
| 3 (59株) | 69           | 47          | 3            | 2            | 0            | 3            | 98         | 71         | 0          | 98          | 81          | 29          | 97         | 81          | 3           | 0           | 0           |
| 4 (49株) | 8            | 73          | 39           | 51           | 0            | 0            | 0          | 88         | 100        | 0           | 8           | 94          | 0          | 98          | 2           | 0           | 90          |
| 5 (32株) | 100          | 59          | 13           | 9            | 0            | 0            | 0          | 100        | 97         | 3           | 0           | 88          | 0          | 81          | 3           | 0           | 44          |
| 6 (67株) | 30           | 43          | 25           | 51           | 1            | 0            | 0          | 28         | 0          | 0           | 3           | 54          | 0          | 24          | 10          | 1           | 0           |
| 7 (0株)  | —*           | —           | —            | —            | —            | —            | —          | —          | —          | —           | —           | —           | —          | —           | —           | —           | —           |

\* クラスタ7に対する値が最大になる株は検出されなかったため算出していない。

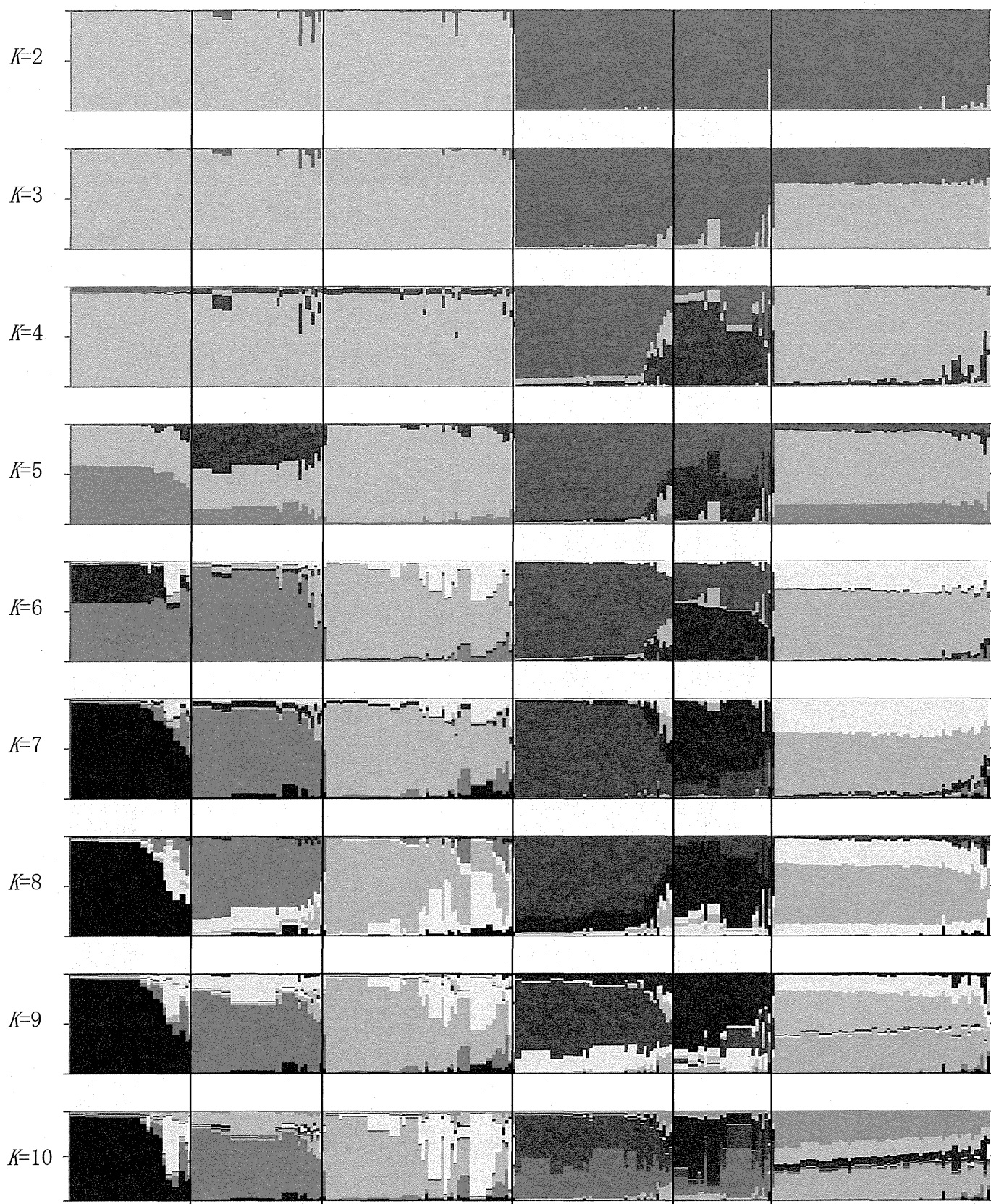


図1. Population structure解析結果

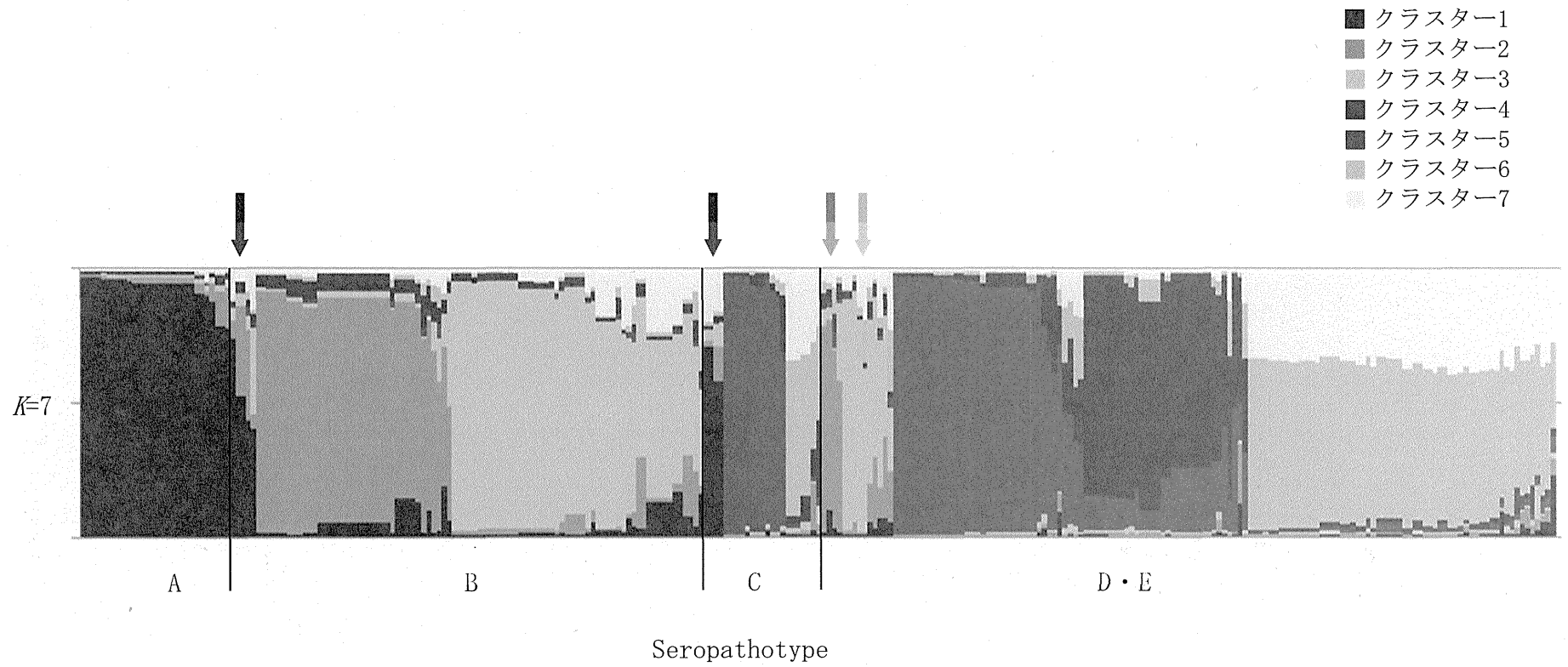


図2. Population structure解析結果 ( $K=7$ )

Population structure解析の結果を、seropathotype別に並べた。各seropathotype において典型的ではないクラスターに属する確率が最も高くなった株を矢印で示した。

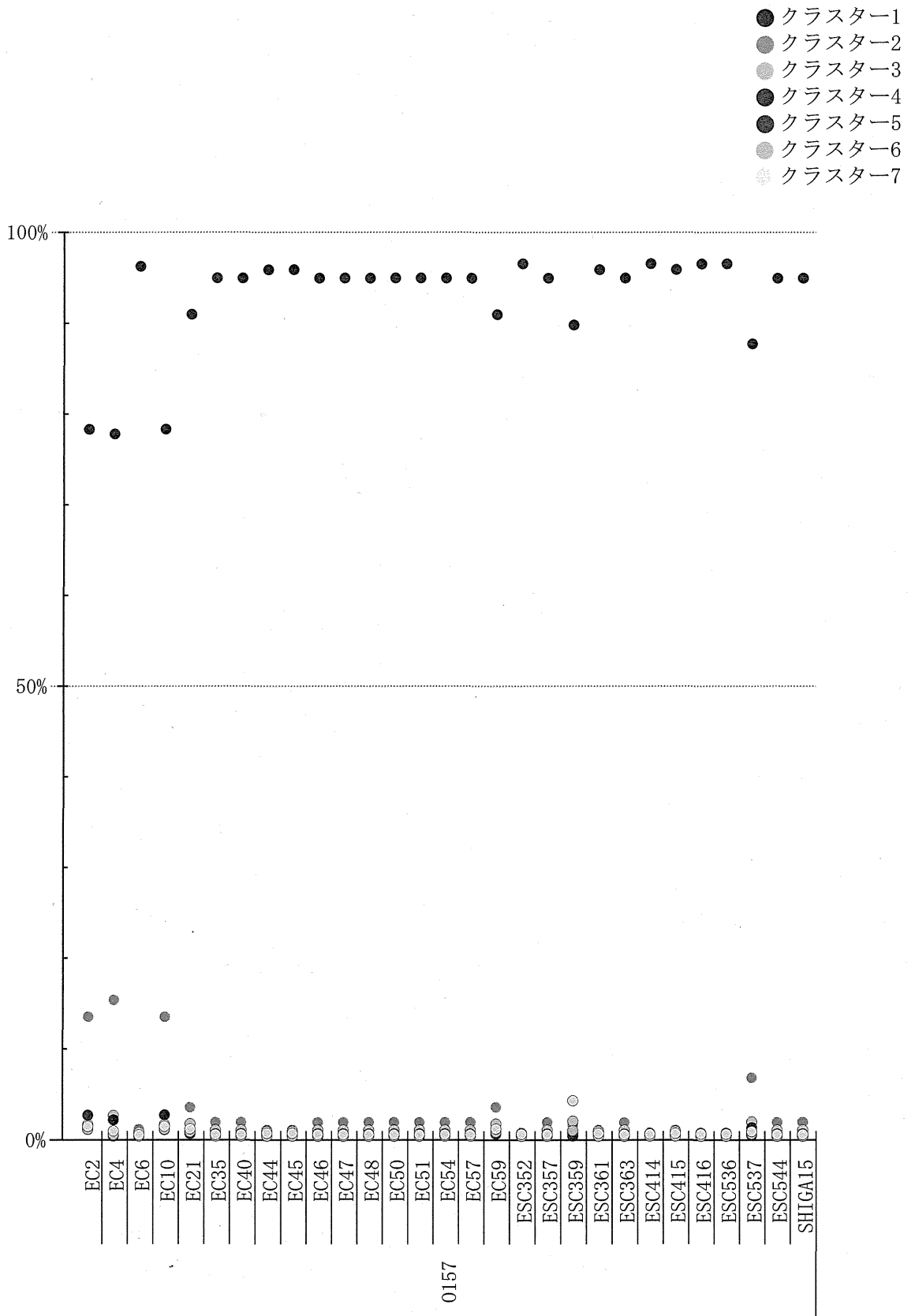


図 3. Population structure 解析結果の詳細 (Seropathotype A)

- クラスタ1
- クラスタ2
- クラスタ3
- クラスタ4
- クラスタ5
- クラスタ6
- クラスタ7

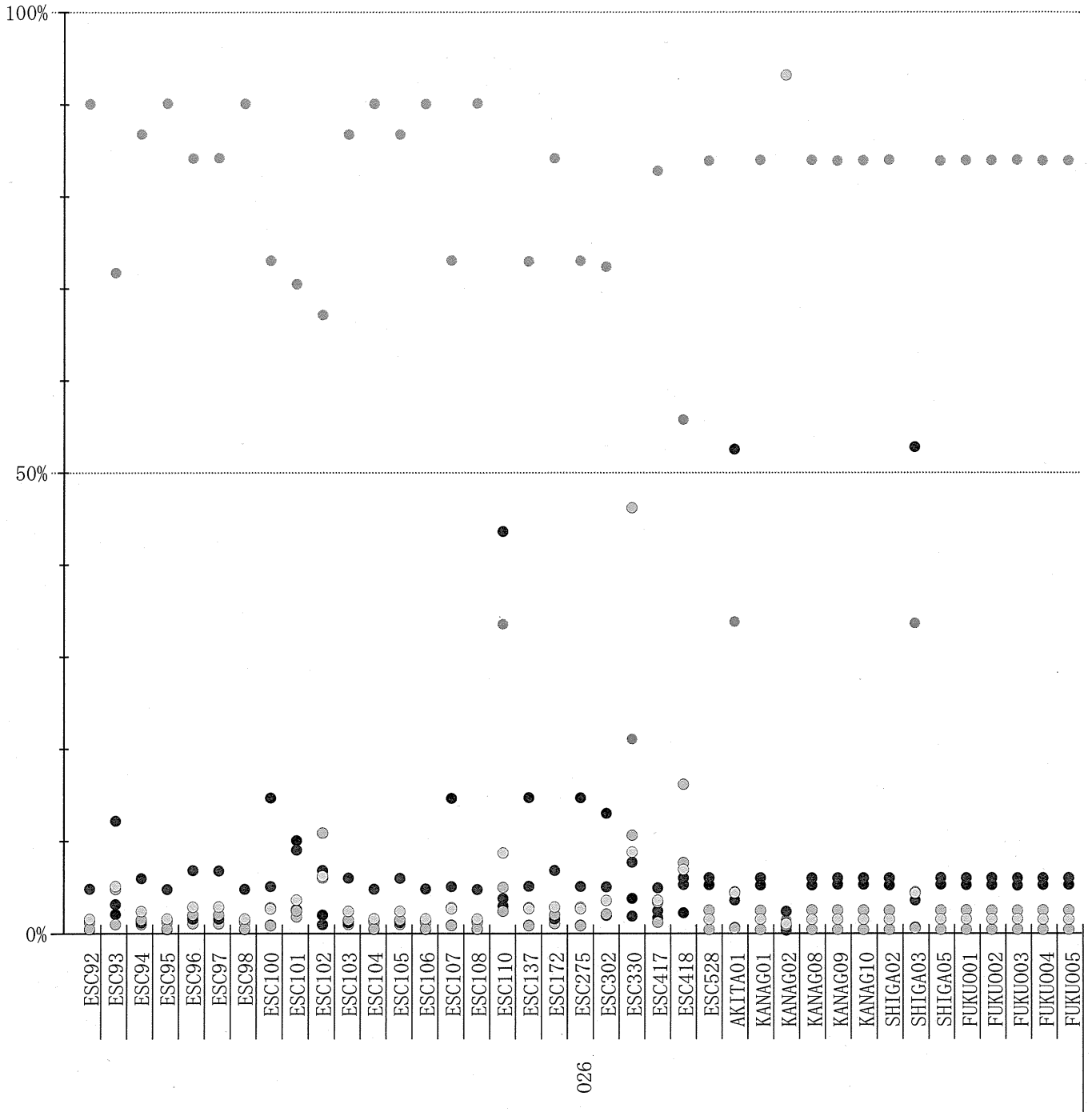


図 4-1. Population structure 解析結果の詳細 (Seropathotype B)



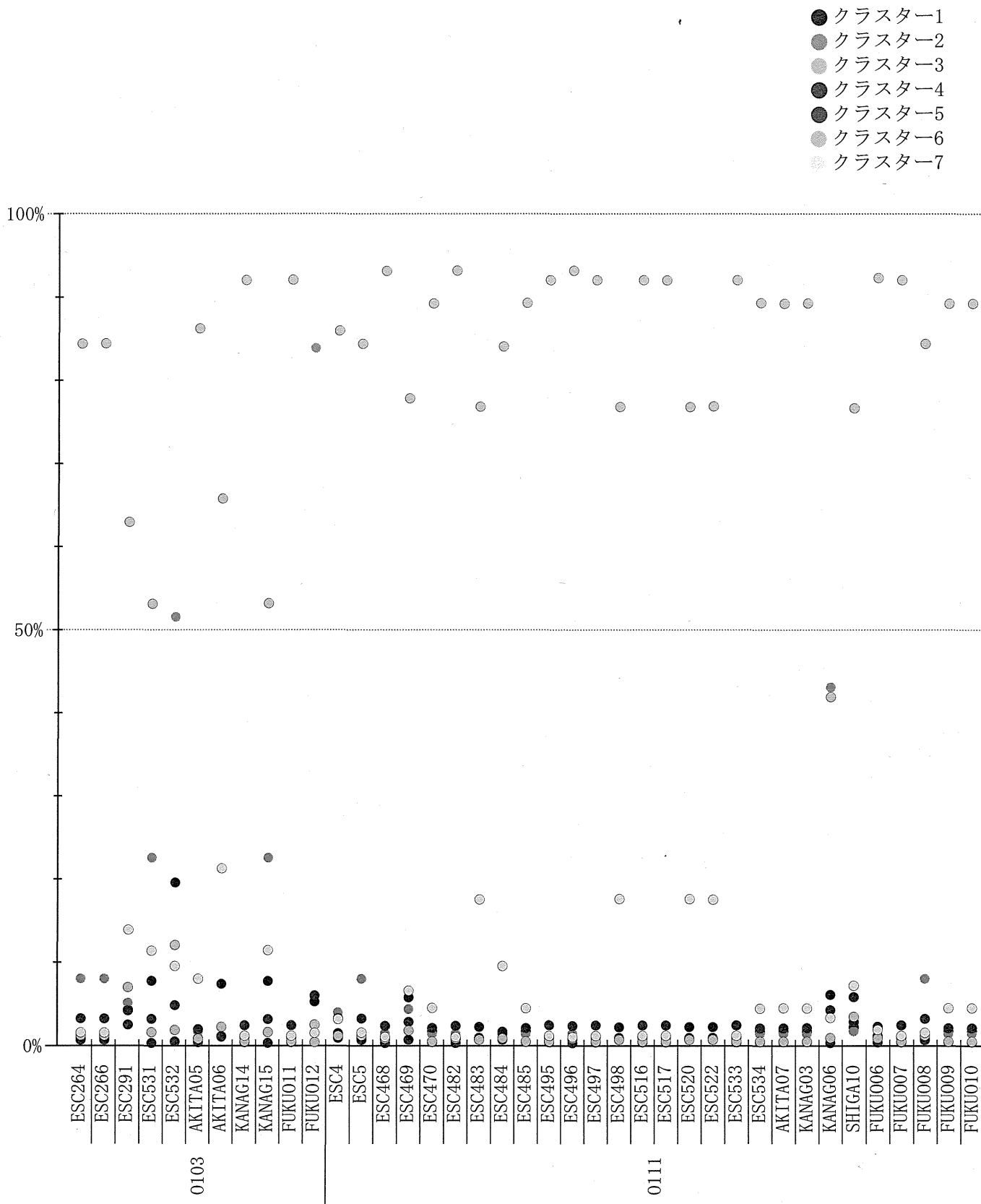


図 4-2. Population structure 解析結果の詳細 (Seropathotype B)

- クラスタ1
- クラスタ2
- クラスタ3
- クラスタ4
- クラスタ5
- クラスタ6
- クラスタ7

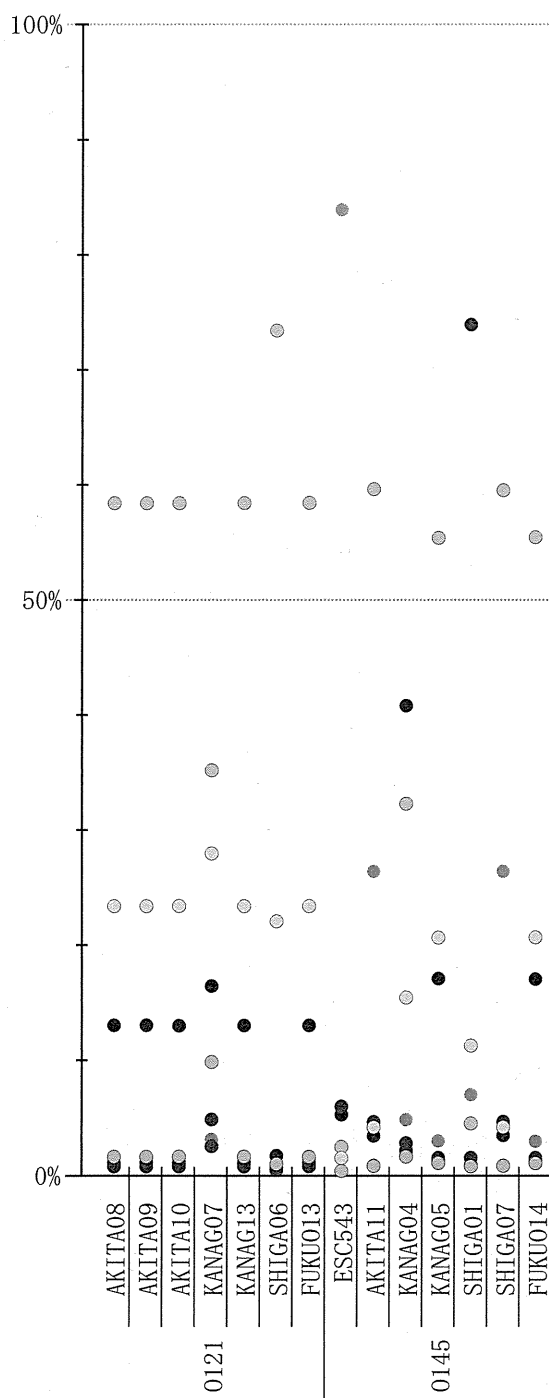


図4-3. Population structure 解析結果の詳細 (Seropathotype B)

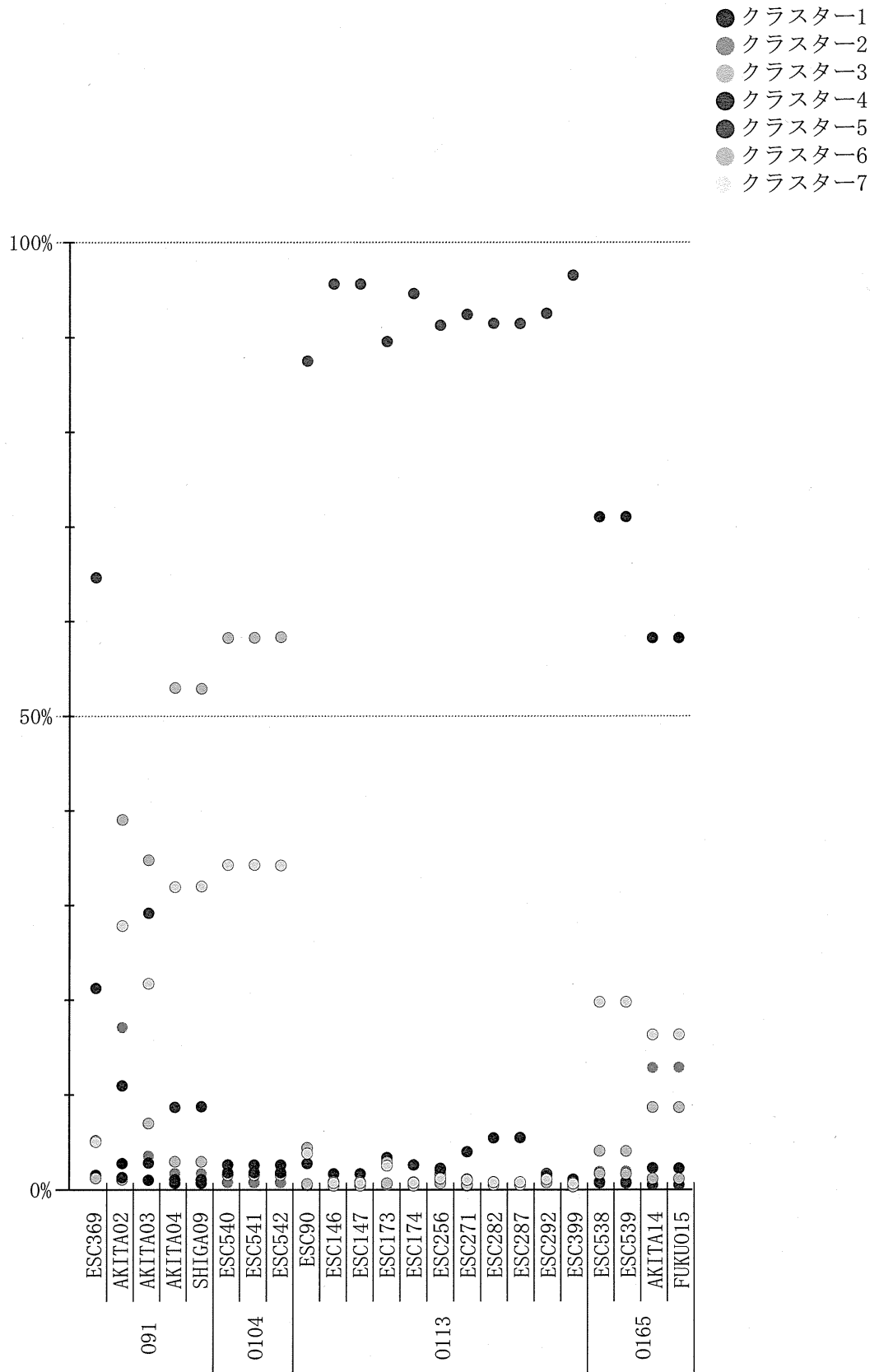


図5. Population structure 解析結果の詳細 (Seropathotype C)

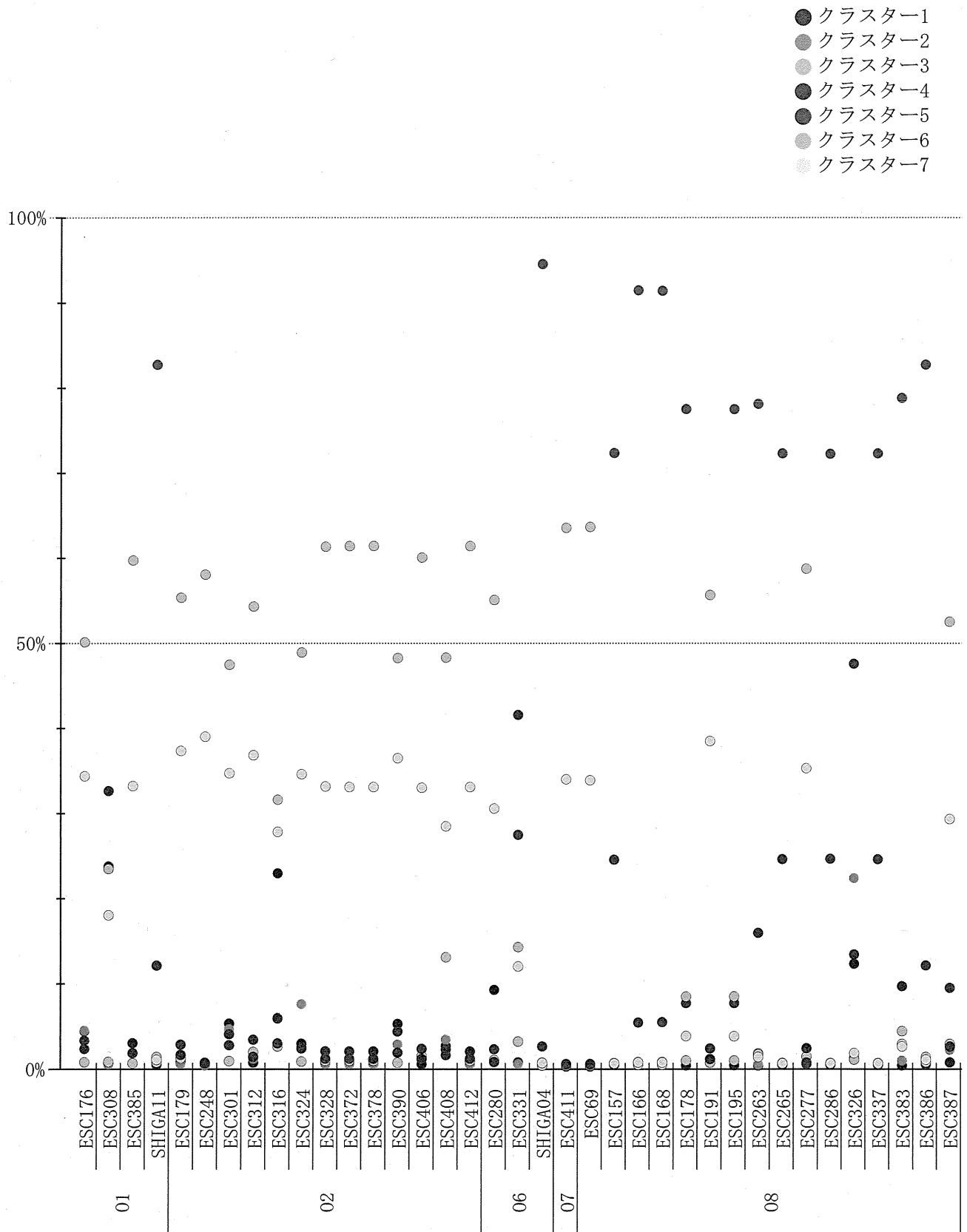


図 6-1. Population structure 解析結果の詳細 (Seropathotype D・E)