

201426046B

厚生労働科学研究費補助金  
食品の安全確保推進研究事業

流行の恐れがある病原大腸菌の遺伝学的調査と  
その食中毒予防・迅速対応に資する  
情報ネットワーク基盤構築に関する研究

平成 25 年度～ 26 年度 総合研究報告書

研究代表者 井口 純

平成 27 (2015) 年 3 月

## 目次

I. 総合研究報告	
流行の恐れがある病原大腸菌の遺伝学的調査と その食中毒予防・迅速対応に資する 情報ネットワーク基盤構築に関する研究	1
(資料 1) MP-1+ (プラス) 詳細プロトコール	
(資料 2) <i>E. coli</i> O-genotyping PCR 詳細プロトコール	
II. 研究成果の刊行に関する一覧表	38
III. 研究成果の刊行物・別刷	39

厚生労働科学研究費補助金（食品の安全確保推進研究事業）  
（総合）研究報告書

流行の恐れがある病原大腸菌の遺伝学的調査と  
その食中毒予防・迅速対応に資する情報ネットワーク基盤構築に関する研究

研究代表者 井口 純 宮崎大学農学部・准教授  
研究協力者 勢戸 和子 大阪府立公衆衛生研究所・主任研究員  
中村 寛海 大阪市立環境科学研究所・研究主任

研究要旨

稀な遺伝子型や稀な血清型の病原大腸菌による突発的な事例の発生にも対応可能な検査体制を整えておくことは、感染拡大を防ぐ為の迅速な対応を取る上で必要である。また稀なタイプの病原大腸菌の出現や侵入を含めた動向をモニタリングすることは、我が国における食の安全を確保する上で重要である。本研究では現在のところ事例発生件数は少ないものの、今後流行の恐れがある病原大腸菌に注目し、その遺伝学的特徴の解析と検査体制の整備に向けた研究を行った。地方衛生研究所などの協力により全国各地で家畜、食品、ヒトなどから分離された non-O157, O26, O111 腸管出血性大腸菌 (非典型的 EHEC)、腸管病原性大腸菌、腸管凝集付着性大腸菌 計 817 株について、O 血清群の遺伝子タイプ (O-genotype) および病原関連遺伝子の保有パターンを確認した。726 株の非典型的 EHEC から 98 種類の O-genotype が確認されたことにより、その多様性が認められた。一方で、重症者由来株と動物由来株間で同じ病原関連遺伝子保有パターンを示す 10 種類の O-genotype が確認された。これらはそれぞれ同一クローンである可能性があり、広く動物・ヒト間で分布 (伝播) している可能性が示唆された。さらに、従来の手法では O-genotype が決定しなかった非典型的 EHEC の O 抗原合成遺伝子領域の解析を行い、5 種類の新規 O-genotype を特定した。それぞれを特異的に判定する PCR 法を開発し、新規 O-genotype 株の汚染実態も明らかとなった。以上の結果は、我が国における EHEC の汚染状況や動向を把握する上での重要な基盤データになる。O-genotype の判定は、菌株間のクローン性 (系統的関連性) の推測に有効であり、上述した基盤データと分離菌株の判定結果を基に、その病原因子や分離履歴を推測・照合することが可能となる。さらに事例発生時には原因細菌の汚染源や汚染範囲を特定する為の有効な検査手法になる。本研究では検査体制の整備と継続的な情報収集を目指し、*E. coli* O-genotyping PCR などの遺伝学的検査法を広く公開し、複数機関で実施できる体制を整備した。

## A. 研究目的

2011年に腸管出血性大腸菌（EHEC）O104による大規模な集団食中毒事例がドイツを中心として発生し、旅行者を含む4,000名以上の感染者と50名以上の死者を出した。発生当時、輸入食品や海外渡航者などを介したEHEC O104の日本への侵入が懸念されたが、O104はマイナーなO血清群であることから抗血清判定試薬もごく一部の機関でしか保有しておらず、遺伝学的な検出法も確立されていなかったことから、国内検査機関の多くはO104を特定する術が無い状況であった。結果として我が国への侵入は確認されなかったが、稀なタイプの病原大腸菌による突発的な事例発生にも対応可能な体制を整えておく必要であると考えられた。

EHECの主要なO血清群はO157、O26、O111（＝典型的EHEC）である。これら典型的EHECについては、食品や臨床検体からの効果的な検出・分離法が開発・実用化されており、家畜や食品における汚染実態や分離菌株の遺伝学的特徴についても多くの研究成果が報告されている。一方で、上記以外のO血清群に属するEHEC（＝非典型的EHEC）による感染事例も数多く報告されている。重症化事例が比較的多いことから、次に注目されるO血清群としてはO103、O121、O145、O165が挙げられる。さらに上記以外にも80種類を超えるO血清群に属するEHECが我が国で確認されており、その一部は血便やHUSといった重症化事例からも分離されている。このような非典型的EHECの汚染実態やその遺伝学的特徴については研究や調査が一部では進んでいるものの情報が少ない状況にある。上述したドイツでの

集団事例の経験も踏まえ、稀なタイプのEHECであっても汚染実態や事例発生状況を正しく把握し、予防や迅速な対応を行うための検査態勢を整備しておくことは我が国における食の安全や国民の健康を守る上で必要であると考えられる。

本研究では、事例報告数は少ないものの散发事例や食品汚染が報告されている非典型的EHECに注目し、食品や家畜、ヒトなどのフードチェーンに関わる横断的なサンプルから分離された菌株について、『病原因子』と『血清型』の遺伝学的特徴を網羅的に解析し、その情報をデータベース化するとともに、検査現場で実用可能な遺伝学的検査法の整備を行った。志賀毒素産生性の獲得により重症化株への変貌が懸念される腸管病原性大腸菌（EPEC）と腸管凝集付着性大腸菌（EAEC）についても菌株を収集して同様の解析を行い、包括的な病原大腸菌の食中毒予防・迅速対応に資する情報共有ネットワーク基盤の構築を目指した。

## B. 研究方法

### 1. 供試菌株

本研究では2006年以降に国内で家畜・野生動物糞便、食品、ヒト糞便（下痢症などの有症患者および無症状保菌者を含む）から分離された非典型的EHEC（726株）、EPEC（14株）、EAEC（77株）の計817株を用いた（表1）。分与元は下記に示す。基本的に一集団事例からは代表株1株（同一集団または同一検体から異なるO-genotype株が分離されている場合は、各タイプ1株）を使用した。非典型的EHECを由来源別に見ると、ヒト由来380株、ウシ由来307株、ウシ以外の動物由来18株、食品由

来 13 株、由来源不明 8 株であった。分与元：大阪府立公衆衛生研究所、沖縄県衛生環境研究所、神奈川県衛生研究所、北九州市環境科学研究所、さいたま市健康科学研究センター、愛媛県立衛生環境研究所、横浜市衛生研究所、岡崎市保健所、岡山県環境保健センター、岩手県環境保健研究センター、岐阜県保健環境研究所、宮崎県衛生環境研究所、宮城県保健環境センター、熊本県保健環境科学研究所、熊本市環境総合センター、広島県立総合技術研究所保健環境センター、香川県環境保健研究センター、佐賀県衛生薬業センター、埼玉県衛生研究所、三重県保健環境研究所、山口県環境保健センター、滋賀県衛生科学センター、鹿児島県環境保健センター、新潟県保健環境科学研究所、新潟市衛生環境研究所、神戸市環境保健研究所、青森県環境保健センター、静岡県環境衛生科学研究所、静岡市環境保健研究所、石川県保健環境センター、仙台市衛生研究所、千葉県衛生研究所、千葉市環境保健研究所、川崎市健康安全研究所、相模原市衛生試験所、大阪市立環境科学研究所、大分県衛生環境研究センター、長崎県環境保健研究センター、長野県環境保全研究所、島根県保健環境科学研究所、東大阪市環境衛生検査センター、徳島県立保健製薬環境センター、奈良県保健研究センター、姫路市環境衛生研究所、富山県衛生研究所、福井県衛生環境研究センター、福岡県保健環境研究所、福岡市保健環境研究所、福島県衛生研究所、北海道立衛生研究所、和歌山県環境衛生研究センター、川崎市立井田病院、日本微生物研究所、以上 53 機関。

下記の遺伝学的な試験は、Wizard Genomic DNA Purification Kit (プロメガ) により精製した菌株 DNA (10ng/ $\mu$ l) を使用した。

## 2. 既知病原関連遺伝子の分布解析

全株について、大腸菌でこれまでに報告されている 21 種類の病原関連遺伝子：*stx1* (志賀毒素 1 型)、*stx2* (志賀毒素 2 型、4 種類の亜型：*stx2c*、*stx2d*、*stx2e*、*stx2f*)、*eae* (Ⅲ型分泌系接着因子インチミン)、*aggR* (凝集性付着線毛転写活性因子)、*ehxA* (EHEC ヘモリジン)、*elt* (易熱性エンテロトキシン)、*est* (耐熱性エンテロトキシン)、*cdtV* (細胞膨化致死毒素)、*subAB* (サブチラーゼ様細胞毒素)、*astA* (EAEC 耐熱性毒素)、*ipaH* (組織侵入性因子)、*bfpA* (束状線毛アドヘジン)、*saa* (STEC 自己凝集性アドヘジン)、*iha* (IrgA 類似アドヘジン)、*neuC* (K1 莢膜合成酵素)、*papC* (P 線毛)、*fimA* (I 型線毛) について、遺伝子の保有を PCR により調べた。

本研究で実施した PCR のプライマー配列および反応条件などは表 2 に示す。PCR には KAPATaq EXtra PCR キット (日本ジェネティクス) を使用した。反応液組成は表 3 に示す。

## 3. O-genotype の判定

大腸菌 O 血清群の遺伝学的な判定 (O-genotype) には、我々のグループが厚生労働科学研究費補助金 (新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業) 重症の腸管出血性大腸菌感染症の病原性因子及び診療の標準化に関する研究 (H24-26、研究代表者：大西真 国立感染症研究所 細菌第一部・部長) で開発した、ほぼ全ての O 血清群を遺伝学的に判定出来る PCR 法 (*E. coli* O-genotyping PCR システム) を用いた。本法は 162 種類のプライマーセットを含む 20 種類のマルチプレックス PCR キットからなっており (表 4-7)、デンマーク国立血清研究所由来の大腸菌全 O 血清群参考株を

用いてその妥当性と特異性が確認されている。PCR による増幅産物は QIAXCEL DNA Screening Kit (キアゲン) またはゲル電気泳動により確認した。増幅が確認された反応液については SSI 参考株を用いた陽性コントロール PCR 産物と並べて再泳動し、増幅サイズを確認した。

(倫理への配慮)

ヒト由来株については、既に連結不可能匿名化されている情報のみを用いて研究を行った。

## C. 研究結果

### 1. 非典型的 EHEC のプロファイル

#### (1) 概要

*stx1*・*stx2*・*eae* の保有パターンを表 8 に示す。ヒト由来株で主要なパターンは *stx1* 単独 (30%)、*stx2* 単独 (28%)、*stx1+eae* (23%) であるのに対し、ウシ由来株では *stx2* 単独が全体の 68% を占めた。*eae* 保有率はヒト由来株で 41% (157 株)、ウシ由来株で 30% (91 株) であった。*bfpA*、*aggR*、*elt*、*est*、*ipaH* を保有する菌株は、*elt* 保有の 1 株 (無症状保菌者由来株) を除いて認められなかった。*E. coli* O-genotyping PCR により 98 種類 O-genotype が確認された。また 145 株では O-genotype が判定出来なかった (OgUT: PCR 産物が得られなかった)。

#### (2) 重症者由来株の特徴

有症者由来 135 株から 42 種類の O-genotype が確認された (表 9)。そのうち血便または溶血性尿毒症症候群を呈した患者 (重症者) 由来 63 株からは 26 種類の O-genotype が確認された。重症者由来株と同じ O-genotype がウシ由来株から 16 種類 (O5、O28ac/O42、O45、O84、O88、O91、O103、O107/O117、O109、O113、

O115、O163、O172、O174、O177、O182)、その他の動物から 3 種類 [ブタ由来株から 1 種類 (O177)、シカ由来株から 2 種類 (O5 および O141)] 確認された (表 9)。食品由来株 (O9、O22、O130、O130、O150) から有症者由来株と共通する O-genotype は確認されなかった。

10 種類の O-genotype では、重症者由来株と同じ病原関連遺伝子保有パターンを示すウシ由来株が確認された (O103、O113、O163、O177、O182、O45、O5、O84、O88、O28ac/O42) (表 10)。そのうち 6 種類 (O103、O177、O182、O45、O5、O84) では *eae* が陽性であった。残る 4 種類 (O113、O163、O88、O28ac/O42) では *eae* が陰性である一方で *saa* が陽性であった。

### 2. EPEC および EAEC のプロファイル

EPEC では 10 種類の O-genotype (O49、O56、O108、O109、O125、O128、O145、O177、O156、O184) が確認され、OgUT は 3 株であった。一方 EAEC では 22 種類の O-genotype が確認され (O25、O39、O44、O86、O92、O99、O104、O11、O111、O114、O125、O126、O127、O128、O130、O131、O154、O175、O176、O181、O90/O127、O17/O44/O73/O77/O106)、OgUT は 6 株であった。EPEC と EAEC では *astA* がそれぞれ 4 株 (29%) と 17 株 (22%) で、*iha* がそれぞれ 3 株 (21%) と 22 株 (29%) で保有が確認された。EPEC の 3 株で *ehx* の保有が確認された。その他 *stx*、*ipaH*、*cdtV*、*subAB*、*saa*、*papC* は EPEC と EAEC の全てで陰性であった。

### 3. 検査キットの開発と実用化

#### (1) MP-1+ (プラス)

EHEC における主要 7 種類の O 血清群 (O157、O26、O111 に加え、O103、O121、O145、O165) と 3 種類の病原遺伝子 (*stx1*、*stx2*、*eae*) を 1 本のチューブで反応・検出できる PCR キットを開発した。さらに、全 O 血清群参考株および対象 O 血清群に属する野生株 (各 10 株) を用いて特異性の確認を行った。本キットは各機関で自家調整できるように、国立感染症研究所が発表している「EHEC 検査・診断マニュアル」の次回改訂版に掲載する予定である (資料 1)。さらにプライマー配列や反応液組成などを調整し、上記手法の特異性や検出感度を改良した市販 PCR キット「EHEC (O antigens) PCR Typing Kit」(タカラバイオ、RR133A) の開発に協力した。

#### (2) *E. coli* O-genotyping PCR

*E. coli* O-genotyping PCR により得られる O-genotype の同一性は、分離菌株間の系統的関連性をスクリーニングする手法として有効である。

本手法の詳細 (資料 2) については供試菌株の分与元機関と共有すると同時に、研究室ホームページでも広く公開した ([http://www.cc.miyazaki-u.ac.jp/iguchi/iguchi\\_lab/O-genotyping.html](http://www.cc.miyazaki-u.ac.jp/iguchi/iguchi_lab/O-genotyping.html))。さらに、国立感染症研究所・細菌第一部、大阪府公衆衛生研究所・感染症部、動物衛生研究所・細菌・寄生虫研究領域の 3 機関には *E. coli* O-genotyping PCR を行う為の全プライマーセットおよび全 O 血清群参考株の陽性コントロール DNA を配布し、それぞれの機関で行われている家畜や食品、ヒト患者から分離される病原大腸菌の調査・研究での試験的実用を開始した。

#### 4. 新規 O-genotype の発見と PCR 検査法の開

発

重症者から分離された非典型的 EHEC で、O-genotype が判定不能だった 5 株について、O 抗原合成遺伝子領域の塩基配列を決定して解析した。その結果、それぞれの O 血清群に対して特異性が高いとされる *wzx* (O 抗原ユニット輸送タンパク) および *wzy* (O 抗原合成タンパク) 遺伝子の塩基配列相同性が既知のものに対して 50% 以下であり、それぞれが新規の O-genotype として判断された (ON3、ON6、ON8、ON10、ON31)。新規 O-genotype を特異的に検出できる PCR 法を開発し、O-genotype が判定不能だった 145 株について確認したところ、ON3 が 11 株、ON6 が 8 株、ON8 が 28 株、ON10 が 6 株、ON31 が 4 株確認された。(新規 O-genotype の配列情報および PCR プライマー配列は未発表のため、本報告では省略する)。そのうち 4 種類の O-genotype (ON3、ON6、ON8、ON10) ではウシ糞便由来株を含んでいた。中でも ON8 はウシ由来株の中で O113 (55 株) の次に多いタイプとなった。

#### D. 考察

本研究では家畜・野生動物、食品およびヒトより分離された非典型的 EHEC、EAEC、EPEC からなる計 800 株以上の O-genotype およびその病原関連遺伝子プロファイルが明らかとなった。合計 113 種類の O-genotype が確認されたことにより、その多様性が認められた一方で、同一 O-genotype 株の分布とそれぞれが保有する病原遺伝子のパターンも明らかとなった。非典型的 EHEC においては、重症者由来株と同じ O-genotype がウシやその他動物由来株から 17 種類が確認された。さらにそれぞれの

O-genotype 内で重症者由来株と同一遺伝子プロフィールを示すウシやその他動物由来株が 10 種類の O-genotype で確認された。これらはそれぞれ同一クローンである可能性があり、広く動物-ヒト間で分布（伝播）している可能性が示唆された。重症者から分離された O-genotype 株については、その保菌動物や食品への汚染状況について特に注意する必要があると考えられた。株間の詳細な系統関係を明らかにする為には multilocus sequence typing (MLST) やパルスフィールドゲル電気泳動パターン解析が必要であると考えられた。

本研究で使用した菌株の中に 2011 年のドイツ集団事例でみられた EHEC と EAEC のハイブリッドタイプは認められなかったが、*stx2*、*eae* そして *elt* を併せ持つ EHEC と ETEC のハイブリッドタイプ株（O166：無症状保菌者由来）が確認された。

*E. coli* O-genotyping PCR の判定結果と従来の血清学的手法による判定結果との対応については現在評価を進めており、一部を除いて合致することが確認されている。判定の簡便性や迅速性そして分類能を考えると、O-genotyping による分類は病原大腸菌の追跡や調査を行う際のスクリーニング的手法として有効であると考えられた。

OgUT 株については重症者由来株を中心に O 抗原合成遺伝子領域の解析を行い、5 種類の新規 O-genotype を確認した。その配列情報を基にそれぞれの O-genotype を識別する PCR 法を開発し、その汚染実態も明らかとなった。中でも ON8 はウシ糞便や食品から広く分離されており、広く動物-ヒト間で分布（伝播）している可能性が示唆された。残る OgUT 株についても O 抗原合成遺伝子領域の解析を進め、新規

O-genotype であった場合にはその判定法を順次開発する予定である。

本研究により、非典型的 EHEC を中心とする病原大腸菌の遺伝学的特徴が明らかとなった。これら情報は我が国における EHEC の汚染状況や動向を把握する上での基盤データセットになると考えられた。

## E. 結論

家畜・野生動物、食品、ヒトより分離された病原大腸菌の遺伝学的特徴とその汚染状況を明らかにした。さらに大腸菌の O 血清群を遺伝学的に判定出来る手法（*E. coli* O-genotyping PCR など）を整備し、広く情報を公開した。以上の成果は、流行の恐れがある病原大腸菌の汚染状況を把握すると共に、事例発生時の迅速な対応をサポートする有効な手法になると考えられた。

## F. 研究発表

### 1. 論文発表

- 1) **Iguchi A**, Iyoda S, Seto K, Morita-Ishihara T, Scheutz F, Ohnishi M, and Pathogenic *E. coli* Working Group in Japan. *Escherichia coli* O-genotyping PCR: a comprehensive and practical platform for molecular O-serogrouping. *Journal of Clinical Microbiology* (in press)
- 2) **Iguchi A**, Iyoda S, Kikuchi T, Ogura Y, Katsura K, Ohnishi M, Hayashi T, Thomson NR. (2015) A complete view of the genetic diversity of the *Escherichia coli* O-antigen biosynthesis gene cluster. *DNA Research* 22(1):101-7
- 3) Mekata H, **Iguchi A**, Kawano K, Kirino Y, Kobayashi I, Misawa N. (2014) Identification of O-serotypes, -genotypes and virulotypes of Shiga



toxin-producing *Escherichia coli* isolates including non-O157 from beef cattle in Japan. *Journal of food protection* 8: 1269-1274

4) von Mentzer A, Connor T, Wieler LH, Semmler T, Iguchi A, Thomson NR, Rasko DA, Joffre E, Corander J, Pickard D, Wiklund G, Svennerholm A, Sjöling A, Dougan G. (2014) Identification of enterotoxigenic *Escherichia coli* (ETEC) clades with significant long-term global distribution. *Nature Genetics* 46(12):1321-1326

学会発表

1) 井口純、同種内の細分類に利用されるゲノム多型、第 88 回日本細菌学会総会、2015. 3. 26-28 (岐阜市)

2) 秋吉充子、井口純、*E. coli* と *Shigella* 間で見られる O 抗原合成遺伝子領域の共通性、第 88 回日本細菌学会総会、2015. 3. 26-28 (岐阜市)

3) 伊豫田淳、井口純、斉藤剛仁、勢戸和子、磯部順子、石原朋子、石島希、EHEC Working Group、大西真、血清診断法と *E. coli* O-genotyping PCR 法による HUS 患者由来 EHEC O76:H7 の分離、第 88 回日本細菌学会総会、2015. 3. 26-28 (岐阜市)

4) 石原朋子、伊豫田淳、井口純、大西真、日本における健常者由来腸管出血性大腸菌の解析、第 88 回日本細菌学会総会、2015. 3. 26-28 (岐阜市)

5) Iguchi A, A complete view of the genetic diversity of the *E. coli* O-antigen biosynthesis gene cluster. International Workshop on Emerging Approaches for Typing, Detection, and Characterization of *Escherichia coli*. 2015 3. 9-10 (アメリカ・ペンシルベニア州立

大学)

6) 井口純、細菌ゲノム研究のフロンティア、第 7 回日本暖地畜産学会、2014. 10. 26 (宮崎市)

7) 井口純、秋吉充子、吉崎美和、EHEC 検出・分類マルチプレックス PCR キットの開発と評価、第 35 回日本食品微生物学会学術総会、2014. 9. 18-19 (堺市)

8) 秋吉充子、加藤結子、中村寛海、井口純、O 血清群別に見た STEC の選択培地上での生育傾向、第 35 回日本食品微生物学会学術総会、2014. 9. 18-19 (堺市)

9) 加藤結子、大島律子、河合央博、西本清仁、佐々木麻里、成松浩志、秋吉充子、中嶋洋、緒方喜久代、伊豫田淳、石原朋子、大西真、井口純、ウシ由来 STEC の O-genotype を含めた遺伝学的特徴解析、第 35 回日本食品微生物学会学術総会、2014. 9. 18-19 (堺市)

10) 井口純、中村寛海、O 血清群別に見た STEC の選択培地上での生育傾向、第 18 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2014. 7. 15-16 (京都市)

11) 井口純 大腸菌 O 抗原コード領域を標的とした分類手法 "*E. coli* O-genotyping" 第 87 回日本細菌学会総会、2014. 3. 26-28 (東京)

12) 井口純 *in vitro* および *in silico* による大腸菌 O 血清群の遺伝学的判定法開発の試み 第 25 回日本臨床微生物学会総会、2014. 2. 1-2 (名古屋)

13) 秋吉充子、井口純、伊豫田淳、勢戸和子、大西真 "*E. coli* O-genotyping" の実用性評価 第 34 回日本食品微生物学会学術総会、2013. 10. 3-4 (東京)

14) 中村寛海、井口純、藤原敦史、伊豫田淳、長谷篤、小笠原準 ウシ由来 STEC の遺伝学的

特徴と系統的關係について 第 34 回日本食品微生物学会学術総会、2013. 10. 3-4 (東京)

15) 井口純、秋吉充子、伊豫田淳、勢戸和子、大西真 *E. coli* O-genotyping PCR により判定できなかった STEC 株の O 抗原コード領域の解析 第 34 回日本食品微生物学会学術総会、2013. 10. 3-4 (東京)

16) 井口純、伊豫田淳、勢戸和子、大西真 “*E. coli* O-genotyping PCR” の実用化に向けて 第 17 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2013. 7. 25-26 (つくば)

17) 大岡唯祐、勢戸和子、河野喜美子、小林秀樹、井口純、他 14 名 新興病原体 *Escherichia*

*albertii* のゲノム及びゲノム比較解析 第 17 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2013. 7. 25-26 (つくば)

18) Iguchi A, Iyoda S, Ohnishi M Development of a DNA-based system for the identification of almost all recognized *E. coli* O serogroups Applied Bioinformatics and Public Health Microbiology 2013, 2013. 5. 15-17 (イギリス・ケンブリッジ)

G. 知的財産権の出願  
なし

表 1. 供試菌株の種類

分離源	EHEC	EPEC	EAEC
ヒト	380	9	77
ウシ	307	4	0
ウシ以外の動物	18	1	0
食品	13	0	0
不明	8	0	0
Total	726	14	77

表 2. 大腸菌病原関連遺伝子の判定に用いたプライマー配列および反応条件

Target Gene	Primer	Sequence (5'-3')	size (bp)	PCR <sup>o</sup>	Reference
<i>stx1<sup>a</sup></i>	LP30	CAGTTAATGTGGTGGCGAAGG	348	58-30s	Cebula et al (1996) J. Clin. Microbiol. 33: 248-250
	LP31	CACCAGACAATGTAACCGCTG			
<i>stx2<sup>b</sup></i>	LP43	ATCCTATTCCCGGAGTTTACG	584	58-30s	Cebula et al (1996) J. Clin. Microbiol. 33: 248-250
	LP44	GCGTCATCGTATACACAGGAGC			
<i>stx2c</i>	<i>stx2c_F</i>	GCGGTTTTATTTGCATTAGT	124	53-30s	Osek et al (2003) J Appl Microbiol 95, 1217-1225.
	<i>stx2c_R</i>	AGTACTCTTTCCGGCCACT			
<i>stx2d</i>	<i>stx2d-F</i>	GGTAAAATTGAGTCTCTAAGTAT	175	53-30s	Osek et al (2003) J Appl Microbiol 95, 1217-1225.
	<i>stx2d-R</i>	CAGCAAATCCTGAACCTGACG			
<i>stx2e</i>	<i>stx2e_F</i>	ATGAAGAAGATGTTTATAGGG	267	53-30s	Osek et al (2003) J Appl Microbiol 95, 1217-1225.
	<i>stx2e_R</i>	TCAGTTAAACTTCACCTGGGC			
<i>stx2f</i>	<i>stx2f_F</i>	AGATTGGGCGTCATTCACTGGTTG	428	53-30s	Osek et al (2003) J Appl Microbiol 95, 1217-1225.
	<i>stx2f_R</i>	TACTTTAATGGCCGCCCTGTCTCC			
<i>ehxA</i>	<i>hlyAF</i>	GCATCATCAAGCGTACGTTCC	534	53-30s	Paton and Paton (1998) J. Clin. Microbiol. 36: 598-602
	<i>hlyAR</i>	AATGAGCCAAGCTGGTTAAGCT			
<i>eeae</i>	SK1	CCCGAATTGGCACAAGCATAAGC	881	53-30s	Oswald et al (2000) Infec. Immun. 68: 64-71
	SK2	CCCGGATCCGTCTCGCCAGTATTCG			
<i>elt (It)</i>	TW20	GGCGACAGATTATACCGTGC	450	53-30s	Stacy-Phipps et al. (1995) J. Clin. Microbiol. 33: 1054-1059
	JW11	CGGTCTCTATATTCCTGTT			
<i>est (st)</i>	JW14	ATTTTTMTTCTGTATTRTCTT	190	53-30s	Stacy-Phipps et al. (1995) J. Clin. Microbiol. 33: 1054-1059
	JW7	CACCCGGTACARGCAGGATT			
<i>cdtV</i>	<i>cdtV_F</i>	TTCATTGTTCCGCTCCTG	755	53-1m	Cergole-Novella MC et al. (2007), FEMS Microbiol. Lett. 274:329-334
	<i>cdtV_R</i>	TTTATAAGCTGGTATCCTG			
<i>subAB</i>	<i>subAB_F</i>	GTGTACAGGACTCATGG	783	55-1m	Newton HJ et al. (2009) Emerg. Infect. Dis. 15: 372-380
	<i>subAB_R</i>	ATCACCAGTCCACTCAG			
<i>astA</i>	EAST11a	CCATCAACACAGTATATCCGA	111	55-30s	Yamamoto and Echeverria. (1996). Infec. Imun. 64: 1441-1445
	EAST11b	GGTCGCGAGTGACGGCTTTGT			
<i>ipaH</i>	<i>ipaIII</i>	GTTCCCTTGACCGCTTCCGATACCGTC	600	55-30s	Sethabutr et al. (2000). Diagn. Microbiol. Infect. Dis. 37: 11-16.
	<i>ipaIV</i>	GCCGGTCAGCCACCCTCTGAGAGTAC			

<i>bfpA</i>	EP1	AATGGTGCTTGCGCTTGCTGC	326	55-30s	Gunzburg et al. (1995) J. Clin. Microbiol. 33: 1375-1377
	EP2	GCCGCTTTATCCAACCTGGTA			
<i>aggR</i>	aggR_F	CTAATTGTACAATCGATGTA	308	42-30s	Czeczulin et al. (1999). Infec. Immun. 67: 2692-2699
	aggR_R	ATGAAGTAATTCTTGAAT			
<i>saa</i>	SAAD_F	CGTGATGAACAGGCTATTGC	119	55-30s	Adrienne W. Paton et al, (2002), J. Clin. Microbiol. 40:271-274
	SAAD_R	ATGGACATGCCTGTGGCAAC			
<i>iha</i>	iha-I	CAGTTCAGTTTCGCATTACACC	1,305	55-1m	Schmidt et al (2001) IAI 69: 6863-6873
	iha-II	GTATGGCTCTGATGCGATG			
<i>neuC</i>	neu1	AGGTGAAAAGCCTGGTAGTGTG	676	60-30s	Moulin-Schouleur et al (2007) J. Clin. Microbiol. 45: 3360-3376
	neu2	GGTGGTACATCCCGGGATGTC			
<i>papC</i>	pap1	GACGGCTGTACTGCAGGGTGTGGCG	328	60-30s	Moulin-Schouleur et al (2007) J. Clin. Microbiol. 45: 3360-3376
	pap2	ATATCCTTTCTGCAGGGATGCAATA			
<i>fimA</i>	fimA1	CGGCTCTGTCCCTSAGT	500	52-30s	Moulin-Schouleur et al (2007) J. Clin. Microbiol. 45: 3360-3376
	fimA2	GTCGCATCCGCATTAGC			

<sup>a</sup> 垂型の検出範囲は *stx1a* および *stx1c* (*stx1d* は検出不可)

<sup>b</sup> 垂型の検出範囲は *stx2a*, *2b*, *2c*, *2d*, *2e*, *2g* (*stx2f* は検出不可)

<sup>c</sup> アニーリングにおける温度 (°C) と時間 (s : 秒、m : 分) を示す。PCR は (94°C-30 秒、アニーリング、72°C-1 分) を 25 サイクル行った。

表 3. 大腸菌病原関連遺伝子 PCR の反応液組成

	組成 (μl)	最終濃度
PCR grade water	7.475	
5x KAPA Extra Buffer (without Mg <sup>2+</sup> )	3	
MgCl <sub>2</sub> (25mM)	1.5	2.5mM
dNTP mix (10mM each dNTP)	0.45	0.3mM
primer F (10 μM)	0.8	0.5 μM
primer R (10 μM)	0.8	0.5 μM
KAPA Taq DNA polymerase (5U/μl)	0.075	0.4U
Template DNA	1	
total	15 μl	

表 4. *E. coli* O-genotyping PCR に用いたプライマーの配列など

O-genotype	関連する O 血清群	標的遺伝 子	プライマー名	プライマー配列 (5'-3')	サイズ (bp)	参照
Og1	O1	wzx	Og1-PCR_F	GTGAGCAAAAGTAAATAAGGAACG	1098	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og1-PCR_R	CGCTGATACGAATACCATCCTAC		
Og3	O3	wzy	Og3-PCR_F	GAATGAGTGCCACAATGGCTA	571	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og3-PCR_R	GCAGAAAGAATGGACACGCAT		
Og4	O4	wzx	Og4-PCR_F	TTGTTGCGATAATGTGCATGTTCC	664	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og4-PCR_R	AATAATTTGCTATACCCACACCCTC		
Og5	O5	wzy	Og5-PCR_F	AGGGCAATCTCCGTAATGA	566	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og5-PCR_R	CCTCTGGGCTATAAACAACC		
Og6	O6	wzy	Og6-PCR_F	GGATGACGATGTGATTTTGGCTAAC	783	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og6-PCR_R	TCTGGGTTTGTGTGTATGAGGC		
Og7	O7	wzx	Og7-PCR_F	CTATCAAATACCTCTGCTGGAATC	610	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og7-PCR_R	TGGCTTCGAGATTAACCTATTCTT		
Og8	O8	orf469	Og8-PCR_F	CCAGAGGCATAATCAGAAATAACAG	448	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og8-PCR_R	GCAGAGTTAGTCAACAAAGGTCAG		
Og9	O9	wzt	Og9-PCR_F	CGTCGGCAAGCGTATAAATA	1235	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og9-PCR_R	CCCAGAAATCCATGCTC		
Og10	O10	wzy	Og10-PCR_F	GCTGGAGTTGCAGGTGCTATA	546	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og10-PCR_R	AAGGGGCAGGAATGGAAGTA		
Og11	O11	wzy	Og11-PCR_F	ATTAATGGGGCCAGATGGAGT	509	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og11-PCR_R	ATTGCGCTGGGATGAATACA		
Og12	O12	wzy	Og12-PCR_F	CAATGGGGTTGTCGTATCAA	885	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og12-PCR_R	AAAAATGCCCATAGGACCA		
Og15	O15	wzy	Og15-PCR_F	TGGGCAATGGATTGGTATCT	608	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og15-PCR_R	AGGGAAGAACACCGCTCCTAA		
Og16	O16	wzx	Og16-PCR_F	GGTTTCAATCTCACAGCAACTCAG	302	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og16-PCR_R	GTTAGAGGATAATAGCCAAGCGG		
Og19	O19	wzy	Og19-PCR_F	ATAAGCGCGAGCTTAGCTCTT	389	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og19-PCR_R	CACAACACGGCGCTAAGTAAA		
Og21	O21	wzx	Og21-PCR_F	CTGCTGATGTCGCTATTATTGCTG	209	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og21-PCR_R	TGAAAAAAGGAAACAGAAGAGCC		
Og22	O22	wzx	Og22-PCR_F	TGTCGCCACTACTTTCCGCGTTTA	458	Fratamico PM. et al. Food Analytical Methods. 2009 2:169-179
			Og22-PCR_R	AGCCCATGACATTACTACGGCACT		
Og23	O23	wzy	Og23-PCR_F	TCGTGGTAATGGAGGAGATG	427	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og23-PCR_R	TGCCTTCTCGGCTCTGTATA		
Og24	O24	wzx	Og24-PCR_F	TGGGATTATGCGGTTGCTT	233	Iguchi A. et al. J Clin Microbiol. 2015 accepted
			Og24-PCR_R	TGCGAGAAGAGGAGTAGTCGA		
Og25	O25	wzy	Og25-PCR_F	AGAGATCCGTCTTTATTGTTGCG	230	Li D. et al. J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
			Og25-PCR_R	GTTCTGGATACCTAACGAATACCC		

Og26	O26	wzx	Og26-PCR_F	GGGGTGGGTACTATATTGG	241	Paddack Z. et al.
			Og26-PCR_R	AGCGCCTATTTTCAGCAAAGA		Vet Microbiol. 2012 156:381-8
Og27	O27	wzy	Og27-PCR_F	AACCCTATGGGAAGCTCTGGA	382	Iguchi A. et al.
			Og27-PCR_R	ACACACAGGGCAACAACATCGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og28ab	O28ab	wzy	Og28ab-PCR_F	AAGCGCAGTGGATCTCGTT	446	Iguchi A. et al.
			Og28ab-PCR_R	ACCACCCATGCGCATAGTAAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og29	O29	wzy	Og29-PCR_F	TGCTCCCTGCTGGTGTATA	260	Iguchi A. et al.
			Og29-PCR_R	TACGTCAAGCCTGGTGCTAAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og30	O30	wzy	Og30-PCR_F	GAATGGGAGGGATATCAGAA	894	Iguchi A. et al.
			Og30-PCR_R	TTGCGCTACCCTGAATAGCAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og32	O32	wzy	Og32-PCR_F	TCCCAACCCGTGTGCTTAA	452	Iguchi A. et al.
			Og32-PCR_R	CAGCCAGACCAAGTAGAGGAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og33	O33	wzy	Og33-PCR_F	GGGGCGTGGTGTATTAT	783	Iguchi A. et al.
			Og33-PCR_R	TCACCTACGACCAATGCAGAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og34	O34	wzy	Og34-PCR_F	TGCTTCTGTGGGGAGTTTA	247	Iguchi A. et al.
			Og34-PCR_R	AATGGCATATTCGTGCCATC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og35	O35	wzy	Og35-PCR_F	TGCAGGTGCTCAATTGGTT	303	Iguchi A. et al.
			Og35-PCR_R	CCATCCAAATACGGAGCAATT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og36	O36	wzy	Og36-PCR_F	AATCCCAGGATGGTATCA	292	Iguchi A. et al.
			Og36-PCR_R	TATAGAGAATGGCACACGCTG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og37	O37	wzy	Og37-PCR_F	TTCGCCCTGAAGGAGAATT	683	Iguchi A. et al.
			Og37-PCR_R	TTATGCGCTCCCATTCCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og38	O38	wzy	Og38-PCR_F	TCGCCATTGTTACCCAGT	822	Iguchi A. et al.
			Og38-PCR_R	ATTCGAAAGTGCTGGGAAAG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og39	O39	wzy	Og39-PCR_F	GGATGGAGCGAATACTGATT	667	Iguchi A. et al.
			Og39-PCR_R	CAAACCAACCGGCATAATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og40	O40	wzy	Og40-PCR_F	ACGGGTAATAGCTTAGGGCAA	1082	Iguchi A. et al.
			Og40-PCR_R	CGAGCTACCCAATATGCTGCT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og41	O41	wzx	Og41-PCR_F	TGGATCGCTCGTTATTTGG	942	Iguchi A. et al.
			Og41-PCR_R	CGCCACCCCTTGGTATATAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og43	O43	wzy	Og43-PCR_F	TTTTGGTGCAATACTTGCAT	1041	Iguchi A. et al.
			Og43-PCR_R	GCTTTACCCATTGTAGCGAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og45	O45	wzy	Og45-PCR_F	GTCCCCAGGGTTGTGTATG	916	Iguchi A. et al.
			Og45-PCR_R	AATAAGGGAGCCCGCAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og48	O48	wzy	Og48-PCR_F	TATGGTGTGCTTTCTCCAA	793	Iguchi A. et al.
			Og48-PCR_R	AGGAATTGCAGTTGTTCCGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og49	O49	wzy	Og49-PCR_F	AGTTGCCTTTTCTGGGTGA	789	Iguchi A. et al.
			Og49-PCR_R	TCGTATCCAATTAAGCCAGCC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og51	O51	wzy	Og51-PCR_F	CCATGAGGGGAAACAATGTTG	583	Iguchi A. et al.
			Og51-PCR_R	TTTTCCCTTGTCTCGATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og52	O52	wzm	Og52-PCR_F	TTTGGTCGACGTTAGT	543	Feng L. et al.

			Og52-PCR_R	CAACTCGTGGGGAAGATGA		J Bacteriol. 2004 186:4510-9.
Og53	O53	wzy	Og53-PCR_F	AAGCTCAAGGGGCATGTTTT	806	Iguchi A. et al.
			Og53-PCR_R	TCCCCCTAACCCCTGCACTAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og54	O54	wzy	Og54-PCR_F	TGGCAATATATGCGTTTGTGA	351	Iguchi A. et al.
			Og54-PCR_R	TGTGGACCACGTCCAACCTC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og55	O55	wzy	Og55-PCR_F	TCCTTATTTGTGTCGGGGG	207	Iguchi A. et al.
			Og55-PCR_R	CCAGGAAAGCTGCCAATTATC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og56	O56	wzx	Og56-PCR_F	CTTGGGGTTTGAAGTTGGAT	250	Iguchi A. et al.
			Og56-PCR_R	TGCTAATAACAATGCGCCTG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og58	O58	wzy	Og58-PCR_F	TAGGTGCAAGTCCTATGTGGG	1046	Iguchi A. et al.
			Og58-PCR_R	TAGCCTGGCAGCACAGATTT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og59	O59	wzy	Og59-PCR_F	TGATCCAGCGGGTGAATATT	783	Iguchi A. et al.
			Og59-PCR_R	ACACCTGGGTTGAACTCTCCA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og60	O60	wzm	Og60-PCR_F	TAGGTGCGGCATGGCTAATAT	443	Iguchi A. et al.
			Og60-PCR_R	GAATTGCCAACATCACGAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og61	O61	wzy	Og61-PCR_F	ATCTCAGACCGTCCGGATATT	487	Iguchi A. et al.
			Og61-PCR_R	GCATCGAACCAGGGGCTATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og63	O63	wzy	Og63-PCR_F	ATTCGGTGCTGCTGGAATTA	995	Iguchi A. et al.
			Og63-PCR_R	TGAACATTATGCCACCGATG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og64	O64	wzy	Og64-PCR_F	TGGGCAATACAAGTCTGATGC	727	Iguchi A. et al.
			Og64-PCR_R	AGGGCGTTACCGGATAGAAAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og65	O65	wzy	Og65-PCR_F	TGTTGGCGCTGGTTTTATGTT	381	Iguchi A. et al.
			Og65-PCR_R	CCCATAATTGCACCGCATAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og66	O66	wzy	Og66-PCR_F	CGAGCAAATTAATCCAC	301	Cheng J. et al.
			Og66-PCR_R	TCAACACTAAACGAAACG		J Microbiol. 2007 45:69-74.
Og69	O69	wzy	Og69-PCR_F	ACCTGGCTTTGGAGTTGATGA	653	Iguchi A. et al.
			Og69-PCR_R	TAGCCAATGGTAGTCGACCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og70	O70	wzy	Og70-PCR_F	CTTGGCAAAGGCACAAATCT	393	Iguchi A. et al.
			Og70-PCR_R	CCTTCCTGCTGCCAATAAAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og71	O71	wzx	Og71-PCR_F	GCATTATTAGCCACTCAA	344	Hu B. et al.
			Og71-PCR_R	AGCCGTATCATTAGAGCAGA		FEMS Immunol Med Microbiol. 2010 59:161-9
Og74	O74	wzy	Og74-PCR_F	TCCAAAGGTGATATGTTGGCA	289	Iguchi A. et al.
			Og74-PCR_R	TATGCGCAGGAAAGTCAATG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og75	O75	wzy	Og75-PCR_F	GAGATATACATGGGGAGGTAGGCT	511	Li D. et al.
			Og75-PCR_R	ACCCGATAATCATATTCTCCAAC		J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
Og76	O76	wzy	Og76-PCR_F	TGGCTTTTATGGCGATATGTG	457	Iguchi A. et al.
			Og76-PCR_R	TTGTGAGTATAAGCCCCCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og78	O78	wzx	Og78-PCR_F	GGTATGGGTTTGGTGGTA	992	Liu B. et al.
			Og78-PCR_R	AGAATCACAACCTCTCGGCA		Vet Microbiol. 2010 142:373-8
Og79	O79	wzy	Og79-PCR_F	AAATGGTCGTGACGCGAAA	333	Iguchi A. et al.
			Og79-PCR_R	TTGTCTGTACGCCCTGAAAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted

Og80	O80	wzy	Og80-PCR_F	TGGTGTGATTCCACTAGCGT	285	Iguchi A. et al.
			Og80-PCR_R	CGAGAGTACCTGGTTCCCAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og81	O81	wzy	Og81-PCR_F	TGGTAGGTTTGGTGGTGAAT	329	Iguchi A. et al.
			Og81-PCR_R	GGACGGATGACAAAATGCGATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og82	O82	wzx	Og82-PCR_F	TCCCTATTTAACCAGGGTCT	538	Iguchi A. et al.
			Og82-PCR_R	TGAATCCCTAAAACCTCGGCTT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og83	O83	wzx	Og83-PCR_F	GTACACCAGGCAAACCTCGAAAG	362	Li D. et al.
			Og83-PCR_R	TTCTGTAAGCTAATGAATAGGCACC		J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
Og84	O84	wzx	Og84-PCR_F	GTTGGCATATCAATTGGGGTT	775	Iguchi A. et al.
			Og84-PCR_R	CGTTCCAAGAAGCACTCCAGT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og85	O85	wzy	Og85-PCR_F	TTCGGAGGAGATCTCGATGT	388	Iguchi A. et al.
			Og85-PCR_R	TTCCATCATTCCCAGCTTGT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og86	O86	wzy	Og86-PCR_F	GAGTTATTTGGTCCACCCTT	731	Liu B. et al.
			Og86-PCR_R	TAGCCCACCTATGAATAGAGC		Vet Microbiol. 2010 142:373-8
Og87	O87	wzy	Og87-PCR_F	GGATGAATGGGAAAAGCAA	167	Iguchi A. et al.
			Og87-PCR_R	TCACGCGTAAATCTTCAATCC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og88	O88	wzy	Og88-PCR_F	CTGCGCTTGGAGCATTCTAT	781	Iguchi A. et al.
			Og88-PCR_R	GGCGCGAAACTTTCATATGC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og91	O91	wzy	Og91-PCR_F	GCCTGCGATACCAGTATCCTT	953	Iguchi A. et al.
			Og91-PCR_R	CCCCATAATTGGGATCATAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og92	O92	wzi	Og92-PCR_F	TATTCGCGTGAATGCTCTT	233	Iguchi A. et al.
			Og92-PCR_R	CAACGGGCTCTTCCATAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og93	O93	wzy	Og93-PCR_F	AAAGTGCCCGATATGCGAA	229	Iguchi A. et al.
			Og93-PCR_R	CCACATAAGCTTGAGTTGCGT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og95	O95	wzi	Og95-PCR_F	ATGGCTCCATTTCTGTCTGC	272	Iguchi A. et al.
			Og95-PCR_R	AACAGCCAAAGCTTCGTCGAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og96	O96	wzy	Og96-PCR_F	TTAGGAGGTTTCAAAGGCGG	938	Iguchi A. et al.
			Og96-PCR_R	TGGTATCGGAATGCATTGCT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og97	O97	wzi	Og97-PCR_F	AGGAGATCGTCCACAGTCA	184	Iguchi A. et al.
			Og97-PCR_R	ACAGGATAAATGCCAGCCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og98	O98	wzy	Og98-PCR_F	TCCAGGCAAATGCAGTGCTT	1139	Iguchi A. et al.
			Og98-PCR_R	TGCTGTTGTGCTTGGAGGATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og99	O99	wzi	Og99-PCR_F	TATCGTCCCGCATTCTTA	226	Iguchi A. et al.
			Og99-PCR_R	ATAGCGCGATCTAAAGGGAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og100	O100	wzy	Og100-PCR_F	TATGGGGGGCAATTAGGTAT	1006	Iguchi A. et al.
			Og100-PCR_R	ACCTGCCAGGACGAAAGAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og102	O102	wzy	Og102-PCR_F	TCCGGTAAGTATCTTACGGCA	1025	Iguchi A. et al.
			Og102-PCR_R	GCACCAAATAGCGAAATACCA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og103	O103	wzx	Og103-PCR_F	TAAGTACGGGGTGCTTTTT	716	Paddack Z. et al.
			Og103-PCR_R	AAGCTCCCAGACAGTATAA		Vet Microbiol. 2012 156:381-8
Og104	O104	wzx	Og104-PCR_F	AAGGCAGTAGCACGTTAGCC	993	Iguchi A. et al.



			Og104-PCR_R	AATAGCTGCGCCTAAAGCTGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og105	O105	wzy	Og105-PCR_F	GCTGTGGTATTGCTTTTTGG	246	Iguchi A. et al.
			Og105-PCR_R	TGCGCTGCCACTTAAATCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og108	O108	wzy	Og108-PCR_F	AGCTTCCCTGTCTACGGTTGA	647	Iguchi A. et al.
			Og108-PCR_R	CCATCCCATCACCAAATTGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og109	O109	wzy	Og109-PCR_F	GGATAATGGGGTGGTTTT	409	Iguchi A. et al.
			Og109-PCR_R	GCTTCCCATCCTTGAGATAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og110	O110	wzy	Og110-PCR_F	CCTGGATAGGAGCGTTTAT	493	Iguchi A. et al.
			Og110-PCR_R	ACAACCAAGCCCGTTATCA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og111	O111	wzx	Og111-PCR_F	CAAGAGTGCTCTGGCTTCT	451	Paddock Z. et al.
			Og111-PCR_R	AACGCAAGACAAGGCAAAAC		Vet Microbiol. 2012 156:381-8
Og112ab	O112ab	wzy	Og112ab-PCR_F	CGGGTTAACAGCCATTTTT	241	Iguchi A. et al.
			Og112ab-PCR_R	CAGCCCCATTTACCAGTAAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og112ac	O112ac	wzx	Og112ac-PCR_F	CTGTCTTTTGCGGAATTA	1180	Iguchi A. et al.
			Og112ac-PCR_R	AAATCCCAGAGCAAGGTAGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og113	O113	wzy	Og113-PCR_F	GCATGATGATGCATAGCTTCGCC	419	DebRoy C. et al.
			Og113-PCR_R	TGATATCGTTCGCTAACCCCA		Appl Environ Microbiol. 2004 70:1830-2
Og114	O114	wzy	Og114-PCR_F	TCCAAGCCATTATATTTGG	553	Iguchi A. et al.
			Og114-PCR_R	TCTGATGCTGGCATCACACTC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og115	O115	wzy	Og115-PCR_F	CGTCGTGATGTGCATTGTTT	327	Wang Q. et al.
			Og115-PCR_R	GCAACACTAAACGCTCTTT		Mol Cell Probes. 2010 24:286-90.
Og116	O116	wzx	Og116-PCR_F	TCCTGCAATGACTGACGAA	156	Iguchi A. et al.
			Og116-PCR_R	ATAATCCCAATACCGCCAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og119	O119	wzx	Og119-PCR_F	GTTAAACATCAGCTCGATAAAC	650	Liu B. et al.
			Og119-PCR_R	TTTGCAAGTAAACACCCTAAAC		Vet Microbiol. 2010 142:373-8
Og120	O120	wzx	Og120-PCR_F	TATGGGAGTGGGGTTATGCA	329	Iguchi A. et al.
			Og120-PCR_R	ATGGCGTCCAAGAGGATAGAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og121	O121	wzy	Og121-PCR_F	CAATGGGCGTTAATACAGCC	193	Iguchi A. et al.
			Og121-PCR_R	TTCCACCATCCAACCTCTAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og125	O125	wzy	Og125-PCR_F	TGAATGCTTTGGGGAAAGT	210	Iguchi A. et al.
			Og125-PCR_R	CTCGTCTTGAACCTACCAGCA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og126	O126	wzy	Og126-PCR_F	ATGGACCTGATAAAGCATCG	645	Wang Q. et al.
			Og126-PCR_R	AACTTAATACGACCGGAAA		Mol Cell Probes. 2010 24:286-90.
Og128	O128	wzy	Og128-PCR_F	ATGATTTCTTACGGAGTGC	782	Li Y. et al.
			Og128-PCR_R	CTCTAACCTAATCCCTCCC		J Clin Microbiol. 2006 44:4376-83.
Og130	O130	wzy	Og130-PCR_F	TAGCCCGTCAATCCAACCTTA	944	Iguchi A. et al.
			Og130-PCR_R	CGCCAACAAATATAGGAACCC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og131	O131	wzy	Og131-PCR_F	AAATTGGATTGCCTGCCCT	238	Iguchi A. et al.
			Og131-PCR_R	AAAGATGCAACCGCCTGTC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og132	O132	wzy	Og132-PCR_F	GGCGTGAGAACCACTTCAATA	215	Iguchi A. et al.
			Og132-PCR_R	AAACCAGTCCACCCAACAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted

Og133	O133	wzy	Og133-PCR_F	TCTGCGTTATGGCAACTGTCA	1017	Iguchi A. et al.
			Og133-PCR_R	CACTCGCAAACGCTCACATT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og136	O136	wzy	Og136-PCR_F	TGTTGAAGGTGGCGTAATAGC	210	Iguchi A. et al.
			Og136-PCR_R	AAATACACGCCCATCAATG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og138	O138	wzy	Og138-PCR_F	CTGCATGGTTCCTTTCTGTCA	267	Iguchi A. et al.
			Og138-PCR_R	CGGACAAAATGGCCAATACG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og139	O139	wzy	Og139-PCR_F	TACGCATTCGTGAACGAGGAT	287	Iguchi A. et al.
			Og139-PCR_R	CATCCCACCATAAAAGAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og140	O140	wzy	Og140-PCR_F	CTGCGCATGCAATTTCTTTG	409	Iguchi A. et al.
			Og140-PCR_R	AAACCGATCCTAGCCGGAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og141	O141	wzy	Og141-PCR_F	TTCGGGTGCTTATAGTTGGG	745	Iguchi A. et al.
			Og141-PCR_R	CGAAAATCGGTAAGCTATGGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og142	O142	wzy	Og142-PCR_F	TGGGCCTGCATCATTTTTTC	538	Iguchi A. et al.
			Og142-PCR_R	GGGCACGTTGACGTAATCTAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og143	O143	wzy	Og143-PCR_F	TGGCCTGCATGCTCTTTTT	500	Iguchi A. et al.
			Og143-PCR_R	ATATACCCCTCCGAGGACAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og144	O144	wzx	Og144-PCR_F	CGATGCAGATTAATTCAGCCT	406	Iguchi A. et al.
			Og144-PCR_R	AACTGTGGCTCATGCCAATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og145	O145	wzy	Og145-PCR_F	TTCGCGCACAGCATGGTTAT	132	Iguchi A. et al.
			Og145-PCR_R	TACAATGCACCCGAAACAGT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og146	O146	wzx	Og146-PCR_F	CGCCACAATTACCATGGGA	801	Iguchi A. et al.
			Og146-PCR_R	CCCCTCCAGGCAAATTACA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og147	O147	wzy	Og147-PCR_F	TGGAATGCTCTCATTCCATTTGCCT	399	DebRoy et al.
			Og147-PCR_R	GATGACATTACCCAAACCAGAACC		Foodborne Pathog Dis. 2010 7:1407-1414
Og148	O148	wzx	Og148-PCR_F	TGGCAACCATTGTCTTGCA	865	Iguchi A. et al.
			Og148-PCR_R	CCCCAAGCCCATAATAGTAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og149	O149	wzy	Og149-PCR_F	TTTGGTGCGAGACTCAGA	709	Han W. et al.
			Og149-PCR_R	GAACAATAGATGCGATACAA		Appl Environ Microbiol. 2007 73:4082-8
Og150	O150	wzx	Og150-PCR_F	ACCACCGGATATGAACATGA	1089	Iguchi A. et al.
			Og150-PCR_R	AGTCCAAGCAACCAACCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og152	O152	wzy	Og152-PCR_F	AGGCGCTGATTACTCCGATA	568	Iguchi A. et al.
			Og152-PCR_R	ACCTACCCACTTCCGATTTT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og154	O154	wzx	Og154-PCR_F	TCCGACACAGTTAGGTGCGTA	299	Iguchi A. et al.
			Og154-PCR_R	TAATCACCCCGACAATAAGCC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og155	O155	wzy	Og155-PCR_F	ATGCCATAGGGCAATTTGATT	671	Iguchi A. et al.
			Og155-PCR_R	GAGCATCGTGCGACCTGATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og156	O156	wzy	Og156-PCR_F	GGAAAATGGAACATTTAGCGG	236	Iguchi A. et al.
			Og156-PCR_R	TCGGAGTGCCAACCAAATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og157	O157	<i>rfbE</i>	Og157-PCR_F	CAGGTGAAGGTGGAATGGTTGTC	296	Bertrand R. and Roig B.
			Og157-PCR_R	TTAGAATTGAGACCATCCAATAAG		Water Res. 2007 41:1280-6
Og158	O158	wzy	Og158-PCR_F	CTGCGGTATTACCCAGAACAA	693	Iguchi A. et al.

			Og158-PCR_R	ACGCATTGCGATGCATTCCT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og159	O159	wzy	Og159-PCR_F	TGTGTATGTTAGGCGGGGTAA	298	Iguchi A. et al.
			Og159-PCR_R	AGTCGGTTCATTGTTGCA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og160	O160	wzx	Og160-PCR_F	TGTTTCAGGGGCTGAAAAG	333	Iguchi A. et al.
			Og160-PCR_R	CAACTTGATACGTTGTCCCA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og161	O161	wzx	Og161-PCR_F	TATGTTGGCGGATATTCGGT	349	Iguchi A. et al.
			Og161-PCR_R	AGGCAACGGATGGAATTGAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og163	O163	wzy	Og163-PCR_F	GCAATCTTGAAGCCAGAACCT	342	Iguchi A. et al.
			Og163-PCR_R	AAGATGTTCCACTCCCTGCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og165	O165	wzx	Og165-PCR_F	GCGGTAATAAAAATATGGGGG	1042	Iguchi A. et al.
			Og165-PCR_R	GCCCTCTAACAAACGAATTGT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og166	O166	wzy	Og166-PCR_F	TTCATAGCTGGCCTCCTTGT	462	Iguchi A. et al.
			Og166-PCR_R	TCTATTCGCCGAATCCTTTCT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og167	O167	wzy	Og167-PCR_F	TCAGGGGCAATTACAATCCTT	403	Iguchi A. et al.
			Og167-PCR_R	TCGCGCATAGAATAGCATGTC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og168	O168	wzy	Og168-PCR_F	AGTGAGCTGCTGCATTATGT	282	Iguchi A. et al.
			Og168-PCR_R	ACGCTGCTGGATACTATCCGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og169	O169	wzx	Og169-PCR_F	GCCGGTCAACAATCGTAAT	221	Iguchi A. et al.
			Og169-PCR_R	GCCGCTTTAACAATTGCTTTC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og170	O170	wzy	Og170-PCR_F	TTGCGTTCGGAATTGTTACTC	271	Iguchi A. et al.
			Og170-PCR_R	AATCCAACACCCGATTTTG		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og171	O171	wzy	Og171-PCR_F	AGCGGTGTGGTCTGTCTTTT	212	Iguchi A. et al.
			Og171-PCR_R	TGAATCCGAGGGGTATCAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og172	O172	wzx	Og172-PCR_F	TGGGGGTGTGGTATGTTTTT	1108	Iguchi A. et al.
			Og172-PCR_R	AATGCTCCCTTGAATCCTGTT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og173	O173	wzy	Og173-PCR_F	TTCAAAGTGCTCTGGAGGGA	606	Wang Q. et al.
			Og173-PCR_R	TGGCTGAGACTTGACTATTTT		Mol Cell Probes. 2010 24:286-90.
Og174	O174	wzy	Og174-PCR_F	CGGAAGTCGGACTGCTATTTT	541	Iguchi A. et al.
			Og174-PCR_R	TATGTGACCTAGCACACCCAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og175	O175	wzy	Og175-PCR_F	TTCGCAAGCTACCTGCTTT	690	Iguchi A. et al.
			Og175-PCR_R	TGTATCCCCCAAACCATCAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og176	O176	wzy	Og176-PCR_F	TTGGCGTGCCAGGTATATATC	809	Iguchi A. et al.
			Og176-PCR_R	TGACAGAGCTATCCACTTGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og177	O177	wzy	Og177-PCR_F	CCGATACACCGGATGGATTAT	427	Iguchi A. et al.
			Og177-PCR_R	AAGCCAGTACCCAGAACAGGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og179	O179	wzy	Og179-PCR_F	ACGGGCTGATTATTTGTCTCT	608	Iguchi A. et al.
			Og179-PCR_R	AAACAAGACCCCTTGCCATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og180	O180	wzy	Og180-PCR_F	TGGCATCAACGAATGATGCA	744	Iguchi A. et al.
			Og180-PCR_R	TTGCCATGCTTCACCAATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og181	O181	wzy	Og181-PCR_F	AGGACTCCGATTTACTACCGC	261	Iguchi A. et al.
			Og181-PCR_R	ACAGCGAATGCAACAATTGG		J Clin Microbiol. 2015 accepted

Og182	O182	wzy	Og182-PCR_F	CGGTGATGGTTCTATTCTTGG	510	Iguchi A. et al.
			Og182-PCR_R	TGCTTGACCAACTGTGTTA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og183	O183	wzx	Og183-PCR_F	CGTGGTAACCAATTCGCAA	666	Iguchi A. et al.
			Og183-PCR_R	GGGAATAACGAACGGTTTACA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og184	O184	wzy	Og184-PCR_F	TTCTGGTCACCAGAGCTTGAT	964	Iguchi A. et al.
			Og184-PCR_R	TCCTGCCCTCACAATGGATAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og185	O185	wzy	Og185-PCR_F	TGGTCGGTTCCTTGTTTTT	254	Iguchi A. et al.
			Og185-PCR_R	CTGACCGATAAAAGCCAACA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
Og187	O187	wzy	Og187-PCR_F	CTTCTGTTGGCTCCTTTGT	828	Iguchi A. et al.
			Og187-PCR_R	AAAATGAACCGTCTCGCTA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp1	O20, O137	wzy	Og137-PCR_F	GGGATAGGTTTATTGTTGCA	1007	Wang Q. et al.
			Og137-PCR_R	GTTAGCCATCCACCAAGGTA		Mol Cell Probes. 2010 24:286-90.
OgGp2	O28ac, O42	wzx	Og28ac-PCR_F	GGTAATACACTTGCTGTGGTGGGT	218	Fratamico PM. et al.
			Og28ac-PCR_R	ATGATTGACCATCCCAGGCCGTAT		Can J Microbiol. 2010 56:308-16
OgGp3	O118, O151	wzy	Og118-PCR_F	GTGGGAGTCTGAATCAAGTTGCGA	344	Liu Y et al.
			Og118-PCR_R	AGCAACCTTACCAATCCTAAGGG		Foodborne Pathog Dis. 2008 5:449-457
OgGp4	O90, O127	wzy	Og127-PCR_F	TTCATCTCCGCTGGGAATACA	451	Iguchi A. et al.
			Og127-PCR_R	AATTGGTGACGCTGGAATGA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp5	O123, O186	wzy	Og186-PCR_F	TTTCAACAGTTTCAATGCC	362	Iguchi A. et al.
			Og186-PCR_R	CCCACCAATACCACTGGAATA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp6	O46, O134	wzy	Og46-PCR_F	TTAACTGGTTCAAGGACGGG	445	Iguchi A. et al.
			Og46-PCR_R	TGACCGTTATTGCAAGCGAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp7	O2, O50	wzx	Og2-PCR_F	TGGCCTTGTTCGATATACTGCGGA	813	Fratamico PM. et al.
			Og2-PCR_R	TCACGAGCTGAGCGAAACTGTTCA		Can J Microbiol. 2010 56:308-16
OgGp8	O107, O117	wzy	Og117-PCR_F	TGTCTCCACTGCGATCATAGGT	518	Liu Y et al.
			Og117-PCR_R	ACATAGAGTACCCGACACCATCAC		Mol Cell Probes. 2007 21:295-302.
OgGp9	O17, O44, O73, O77, O106	wzy	Og44-PCR_F	GAGGGCGGATACATTTGTA	849	Iguchi A. et al.
			Og44-PCR_R	ATACCACAGCGGGATGAAGTT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp10	O13, O129, O135	wzy	Og13-PCR_F	TGGTGGTGGGAAGATTACTGGA	774	Iguchi A. et al.
			Og13-PCR_R	CCAACAAGAACGTCGCTAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp11	O153, O178	wzy	Og153-PCR_F	TCGGTAACGGCTTTGCATTA	703	Iguchi A. et al.
			Og153-PCR_R	AACCCAGCCAATAGCAAAA		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp12	O18ab, O18ac	wzx	Og18ab-PCR_F	GTTCCGGTGGTTGGATTACAGTTAG	551	Li D. et al.
			Og18ab-PCR_R	CTACTATCATCTCACTGACCACG		J Microbiol Methods. 2010 82:71-7
OgGp13	O124, O164	wzx	Og124-PCR_F	AGTCACCGCATGAATGATT	270	Iguchi A. et al.
			Og124-PCR_R	GCATTAAGTGCGCTCTGAATT		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp14	O62, O68	wzy	Og62-PCR_F	TCATGGTGGTCATCAAGCTTT	548	Iguchi A. et al.
			Og62-PCR_R	ACAATGCTGGATGAAATGCC		J Clin Microbiol. 2015 accepted
OgGp15	O89, O101, O162	wzt	Og89-PCR_F	TCTGTTGGACATCGCTCTAGG	198	Iguchi A. et al.
			Og89-PCR_R	AATGCTAATCTCACGCGCAT		J Clin Microbiol. 2015 accepted