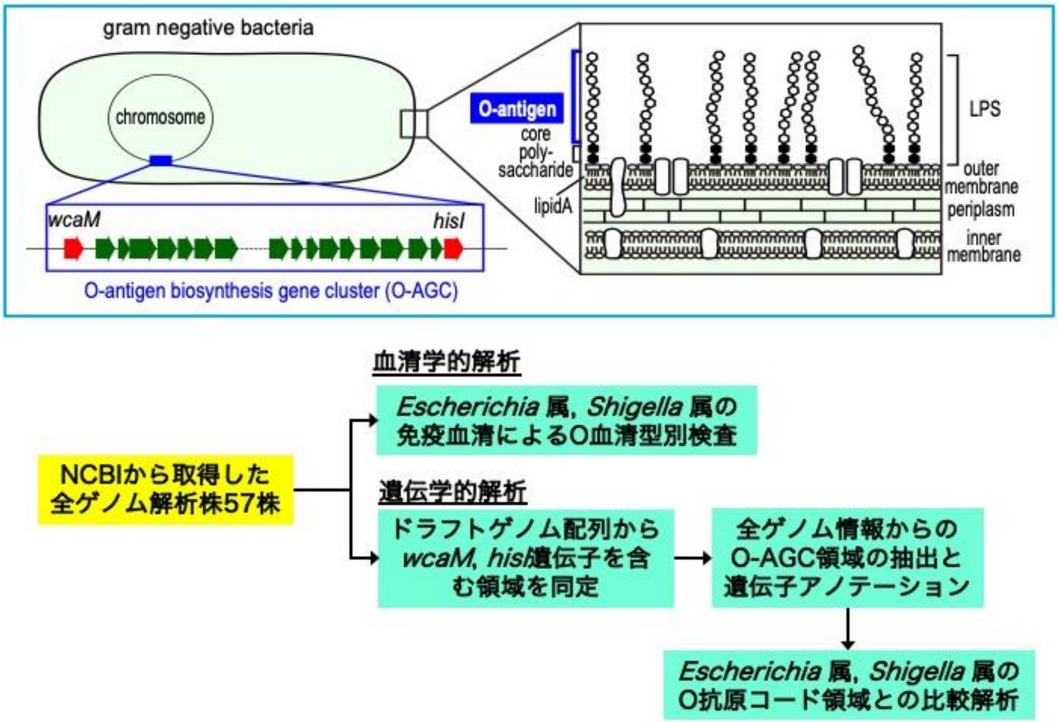


図１　Ｏ抗原コード領域解析のフローチャート

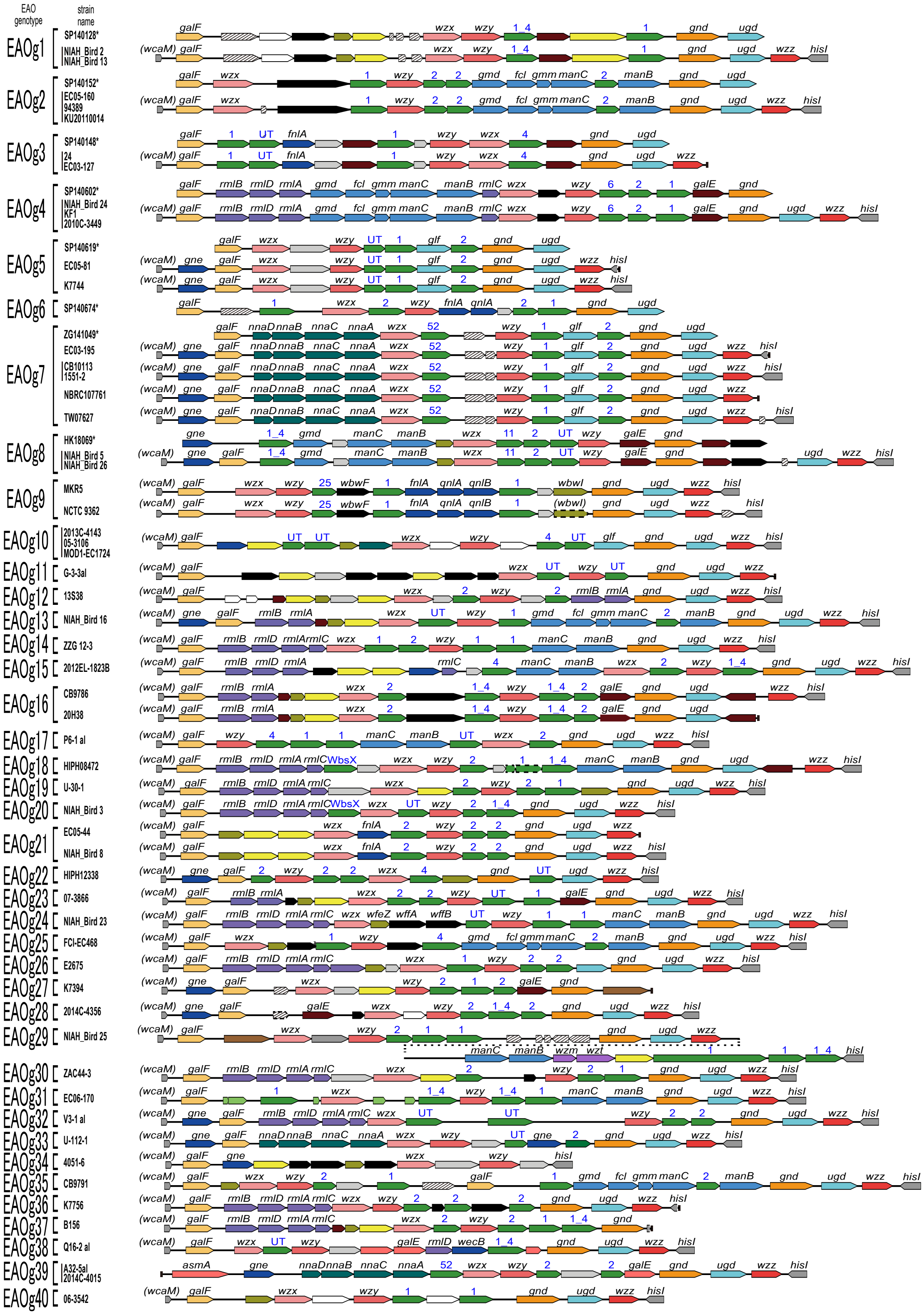
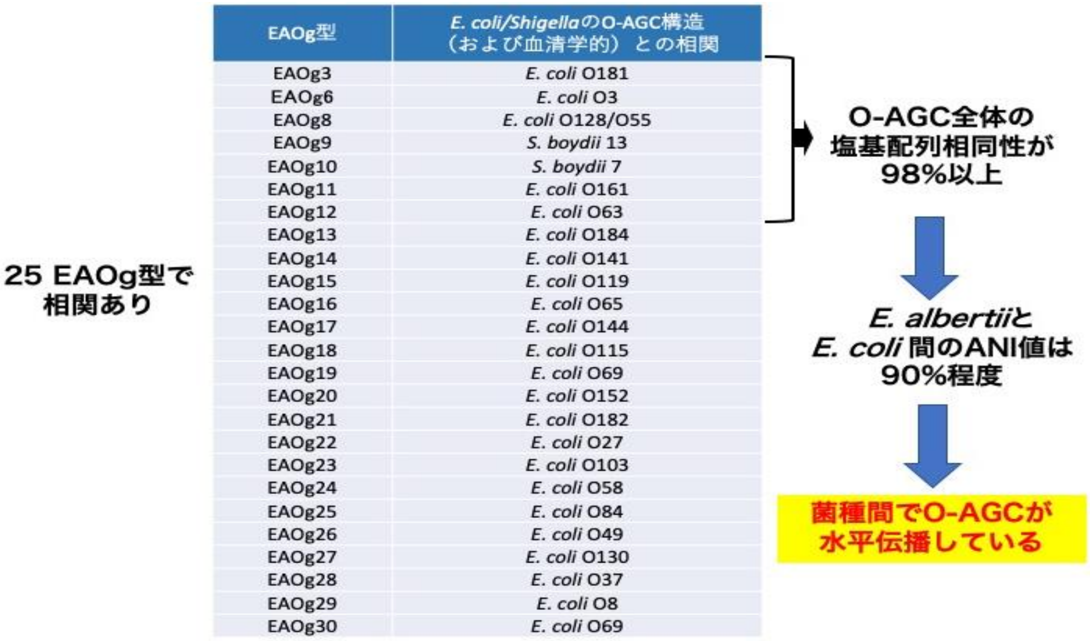


図 2　全ゲノム配列解析 57 株の解析から同定された *E. albertii* の O 抗原型（EAOg1-40）
（Ooka T. , et al., Microbial Genomics 5(11). doi: 10.1099/mgen.0.000314, 2019. Fig. 1 を改変）



25 EAOg型で
相関あり

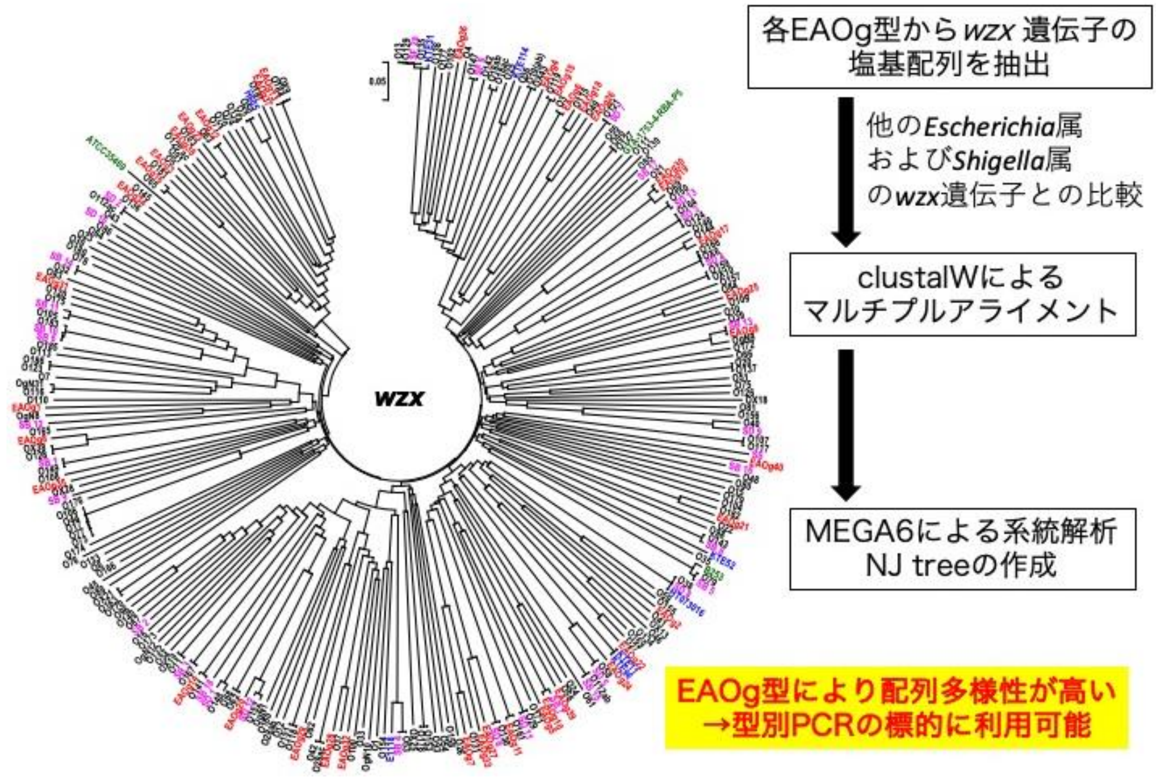
EAOg型	*E. coli/Shigella*のO-AGC構造（および血清学的）との相関
EAOg3	*E. coli* O181
EAOg6	*E. coli* O3
EAOg8	*E. coli* O128/O55
EAOg9	*S. boydii* 13
EAOg10	*S. boydii* 7
EAOg11	*E. coli* O161
EAOg12	*E. coli* O63
EAOg13	*E. coli* O184
EAOg14	*E. coli* O141
EAOg15	*E. coli* O119
EAOg16	*E. coli* O65
EAOg17	*E. coli* O144
EAOg18	*E. coli* O115
EAOg19	*E. coli* O69
EAOg20	*E. coli* O152
EAOg21	*E. coli* O182
EAOg22	*E. coli* O27
EAOg23	*E. coli* O103
EAOg24	*E. coli* O58
EAOg25	*E. coli* O84
EAOg26	*E. coli* O49
EAOg27	*E. coli* O130
EAOg28	*E. coli* O37
EAOg29	*E. coli* O8
EAOg30	*E. coli* O69

O-AGC全体の
塩基配列相同性が
98%以上

***E. albertii*と**
***E. coli* 間のANI値は**
90%程度

菌種間でO-AGCが
水平伝播している

図 3　*E. albertii* の O 抗原型(EAOg)と *Escherichia/Shigella* 属の O 抗原型との比較



各EAOg型から*wzx* 遺伝子の塩基配列を抽出

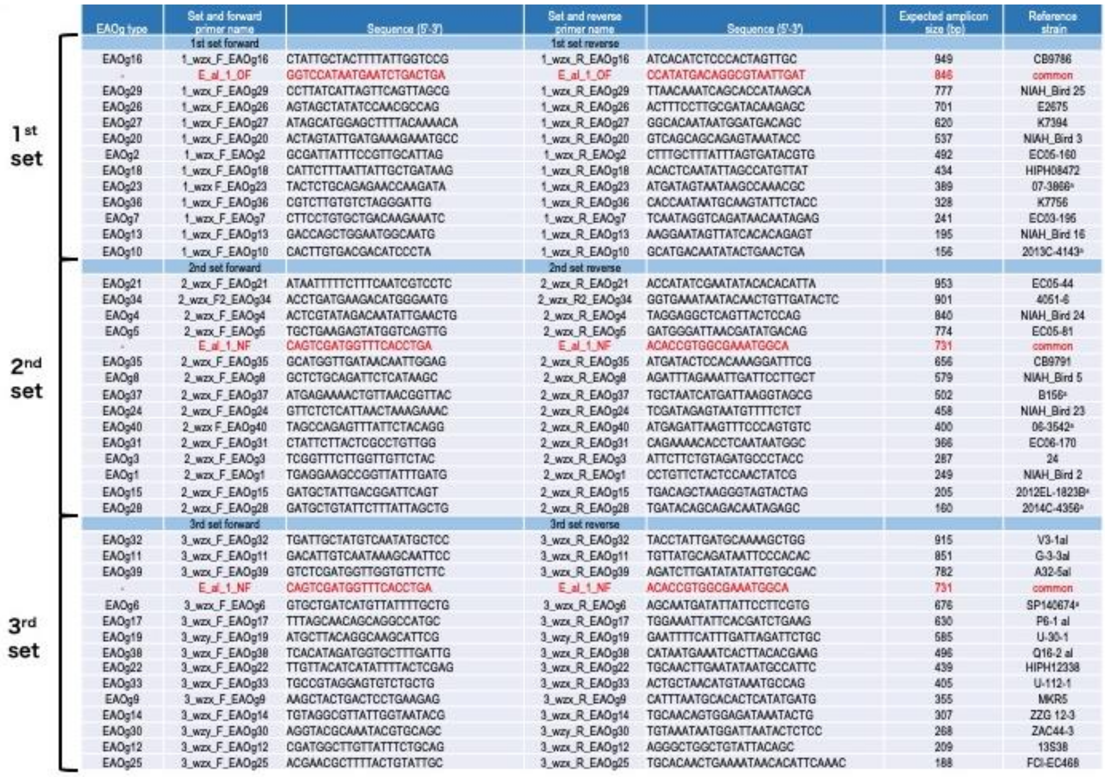
他の*Escherichia*属および*Shigella*属の*wzx*遺伝子との比較

clustalWによるマルチプルアライメント

MEGA6による系統解析
NJ treeの作成

EAOg型により配列多様性が高い
→型別PCRの標的に利用可能

図４　*E. albertii* と *Escherichia/Shigella* 属の *wzx* 遺伝子の系統解析
（Ooka T. , et al., Microbial Genomics 5(11). doi: 10.1099/mgen.0.000314, 2019. Fig. 3 を改変）



	EAOg type	Set and forward primer name	Sequence (5'-3')	Set and reverse primer name	Sequence (5'-3')	Expected amplicon size (bp)	Reference strain
1st set		1st set forward		1st set reverse			
	EAOg16	1_wzx_F_EAOg16	CTATTGCTACTTTTATTGGTCCG	1_wzx_R_EAOg16	ATCACATCTCCCACTAGTTGC	949	CB9786
	-	E_al_1_OF	GGTCCATAATGAATCTGACTGA	E_al_1_OF	CCATATGACAGGCGTAATTGAT	846	common
	EAOg29	1_wzx_F_EAOg29	CCTTATCATTAGTTCAGTTAGCG	1_wzx_R_EAOg29	TTAACAAATCAGCACCATAAGCA	777	NIAH_Bird 25
	EAOg26	1_wzx_F_EAOg26	AGTAGCTATATCCAACGCCAG	1_wzx_R_EAOg26	ACTTTCCTTGCGATACAAGAGC	701	E2675
	EAOg27	1_wzx_F_EAOg27	ATAGCATGGAGCTTTTACAAAACA	1_wzx_R_EAOg27	GGCACAATAATGGATGACAGC	620	K7394
	EAOg20	1_wzx_F_EAOg20	ACTAGTATTGATGAAAGAAATGCC	1_wzx_R_EAOg20	GTCAGCAGCAGAGTAAATACC	537	NIAH_Bird 3
	EAOg2	1_wzx_F_EAOg2	GCGATTATTTCCGTTGCATTAG	1_wzx_R_EAOg2	CTTTGCTTTATTTAGTGATACGTG	492	EC06-160
	EAOg18	1_wzx_F_EAOg18	CATTCTTTAATTATTGCTGATAAG	1_wzx_R_EAOg18	ACACTCAATATTAGCCATGTTAT	434	HIPH08472
	EAOg23	1_wzx F_EAOg23	TACTCTGCAGAGAACCAAGATA	1_wzx_R_EAOg23	ATGATAGTAATAAGCCAAACGC	389	07-3866[a]
	EAOg36	1_wzx_F_EAOg36	CGTCTTGTGTCTAGGGATTG	1_wzx_R_EAOg36	CACCAATAATGCAAGTATTCTACC	328	K7756
	EAOg7	1_wzx_F_EAOg7	CTTCCTGTGCTGACAAGAAATC	1_wzx_R_EAOg7	TCAATAGGTCAGATAACAATAGAG	241	EC03-195
	EAOg13	1_wzx_F_EAOg13	GACCAGCTGGAATGGCAATG	1_wzx_R_EAOg13	AAGGAATAGTTATCACACAGAGT	195	NIAH_Bird 16
	EAOg10	1_wzx_F_EAOg10	CACTTGTGACGACATCCCTA	1_wzx_R_EAOg10	GCATGACAATATACTGAACTGA	156	2013C-4143[a]
2nd set		2nd set forward		2nd set reverse			
	EAOg21	2_wzx_F_EAOg21	ATAATTTTTCTTTCAATCGTCCTC	2_wzx_R_EAOg21	ACCATATCGAATATACACACATTA	953	EC05-44
	EAOg34	2_wzx_F2_EAOg34	ACCTGATGAAGACATGGGAATG	2_wzx_R2_EAOg34	GGTGAAATAATACAACTGTTGATACTC	901	4051-6
	EAOg4	2_wzx_F_EAOg4	ACTCGTATAGACAATATTGAACTG	2_wzx_R_EAOg4	TAGGAGGCTCAGTTACTCCAG	840	NIAH_Bird 24
	EAOg5	2_wzx_F_EAOg5	TGCTGAAGAGTATGGTCAGTTG	2_wzx_R_EAOg5	GATGGGATTAACGATATGACAG	774	EC05-81
	-	E_al_1_NF	CAGTCGATGGTTTCACCTGA	E_al_1_NF	ACACCGTGGCGAAATGGCA	731	common
	EAOg35	2_wzx_F_EAOg35	GCATGGTTGATAACAATTGGAG	2_wzx_R_EAOg35	ATGATACTCCACAAAGGATTTCG	656	CB9791
	EAOg8	2_wzx_F_EAOg8	GCTCTGCAGATTCTCATAAGC	2_wzx_R_EAOg8	AGATTTAGAAATTGATTCCTTGCT	579	NIAH_Bird 5
	EAOg37	2_wzx_F_EAOg37	ATGAGAAAACTGTTAACGGTTAC	2_wzx_R_EAOg37	TGCTAATCATGATTAAGGTAGCG	502	B156[a]
	EAOg24	2_wzx_F_EAOg24	GTTCTCTCATTAACTAAAGAAAC	2_wzx_R_EAOg24	TCGATAGAGTAATGTTTTCTCT	458	NIAH_Bird 23
	EAOg40	2_wzx F_EAOg40	TAGCCAGAGTTTATTCTACAGG	2_wzx_R_EAOg40	ATGAGATTAAGTTTCCCAGTGTC	400	06-3542[a]
	EAOg31	2_wzx_F_EAOg31	CTATTCTTACTCGCCTGTTGG	2_wzx_R_EAOg31	CAGAAAACACCTCAATAATGGC	366	EC06-170
	EAOg3	2_wzx_F_EAOg3	TCGGTTTCTTGGTTGTTCTAC	2_wzx_R_EAOg3	ATTCTTCTGTAGATGCCCTACC	287	24
	EAOg1	2_wzx_F_EAOg1	TGAGGAAGCCGGTTATTTGATG	2_wzx_R_EAOg1	CCTGTTCTACTCCAACTATCG	249	NIAH_Bird 2
	EAOg15	2_wzx_F_EAOg15	GATGCTATTGACGGATTCAGT	2_wzx_R_EAOg15	TGACAGCTAAGGGTAGTACTAG	205	2012EL-1823B[a]
	EAOg28	2_wzx_F_EAOg28	GATGCTGTATTCTTTATTAGCTG	2_wzx_R_EAOg28	TGATACAGCAGACAATAGAGC	160	2014C-4356[a]
3rd set		3rd set forward		3rd set reverse			
	EAOg32	3_wzx_F_EAOg32	TGATTGCTATGTCAATATGCTCC	3_wzx_R_EAOg32	TACCTATTGATGCAAAAGCTGG	915	V3-1al
	EAOg11	3_wzx_F_EAOg11	GACATTGTCAATAAAGCAATTCC	3_wzx_R_EAOg11	TGTTATGCAGATAATTCCCACAC	851	G-3-3al
	EAOg39	3_wzx_F_EAOg39	GTCTCGATGGTTGGTGTTCTTC	3_wzx_R_EAOg39	AGATCTTGATATATATTGTGCGAC	782	A32-5al
	-	E_al_1_NF	CAGTCGATGGTTTCACCTGA	E_al_1_NF	ACACCGTGGCGAAATGGCA	731	common
	EAOg6	3_wzx_F_EAOg6	GTGCTGATCATGTTATTTTGCTG	3_wzx_R_EAOg6	AGCAATGATATTATTCCTTCGTG	676	SP140674[a]
	EAOg17	3_wzx_F_EAOg17	TTTAGCAACAGCAGGCCATGC	3_wzx_R_EAOg17	TGGAAATTATTCACGATCTGAAG	630	P6-1 al
	EAOg19	3_wzy_F_EAOg19	ATGCTTACAGGCAAGCATTCG	3_wzy_R_EAOg19	GAATTTTCATTTGATTAGATTCTGC	585	U-30-1
	EAOg38	3_wzx_F_EAOg38	TCACATAGATGGTGCTTTGATTG	3_wzx_R_EAOg38	CATAATGAAATCACTTACACGAAG	496	Q16-2 al
	EAOg22	3_wzx_F_EAOg22	TTGTTACATCATATTTTACTCGAG	3_wzx_R_EAOg22	TGCAACTTGAATATAATGCCATTC	439	HIPH12338
	EAOg33	3_wzx_F_EAOg33	TGCCGTAGGAGTGTCTGCTG	3_wzx_R_EAOg33	ACTGCTAACATGTAAATGCCAG	405	U-112-1
	EAOg9	3_wzx_F_EAOg9	AAGCTACTGACTCCTGAAGAG	3_wzx_R_EAOg9	CATTTAATGCACACTCATATGATG	355	MKR5
	EAOg14	3_wzx_F_EAOg14	TGTAGGCGTTATTGGTAATACG	3_wzx_R_EAOg14	TGCAACAGTGGAGATAAATACTG	307	ZZG 12-3
	EAOg30	3_wzy_F_EAOg30	AGGTACGCAAATACGTGCAGC	3_wzy_R_EAOg30	TGTAAATAATGGATTAATACTCTCC	268	ZAC44-3
	EAOg12	3_wzx_F_EAOg12	CGATGGCTTGTTATTTCTGCAG	3_wzx_R_EAOg12	AGGGCTGGCTGTATTACAGC	209	13S38
	EAOg25	3_wzx_F_EAOg25	ACGAACGCTTTTACTGTATTGC	3_wzx_R_EAOg25	TGCACAACTGAAAATAACACATTCAAAC	188	FCI-EC468

図 5　EAO-genotyping PCR のプライマー情報（3 プライマーセット）
E_al_1_OF/OR および E_al_1_NF/NR：*E. albertii* 検出プライマー2 セット

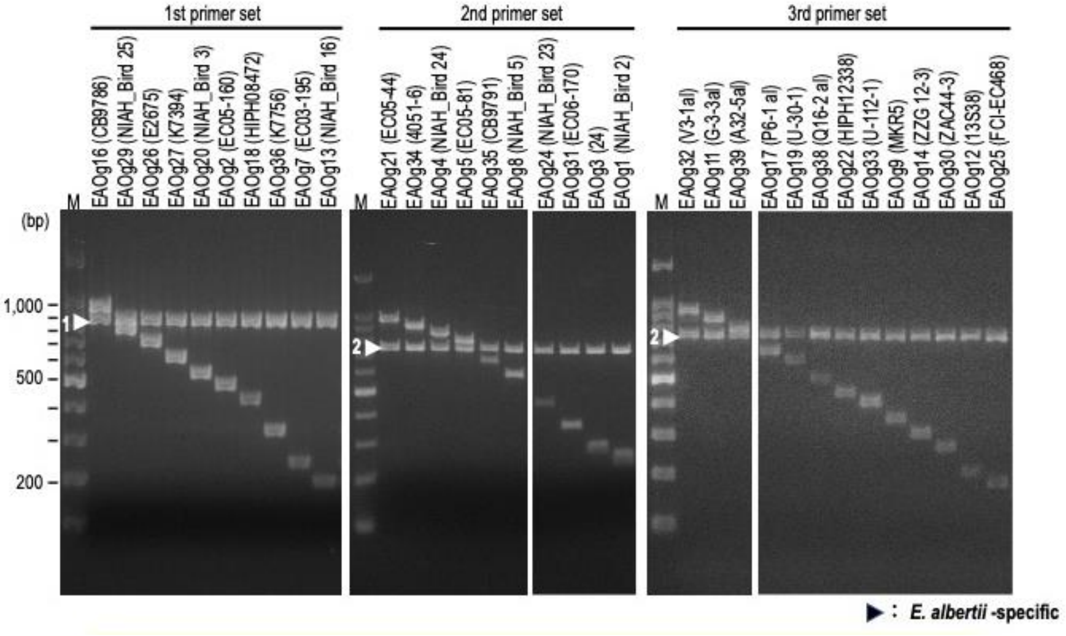


図 6　EAO-genotyping PCR による各 EAOg 型参照株の PCR・泳動結果
（Ooka T. , et al., Microbial Genomics 5(11). doi: 10.1099/mgen.0.000314, 2019. Fig. 4 を改変）
△1, △2：*E. albertii* 検出プライマーによるバンド

EAOgタイプ	E.coli/Shigellaとの相関	国内株 [PCR]	海外株 [in silico]	EAOgタイプ	E.coli/Shigellaとの相関	国内株 [PCR]	海外株 [in silico]
EAOg1	–	4	13	EAOg22	O27	1	0
EAOg2	–	1	4	EAOg23	O103	2	0
EAOg3	O181	5	5	EAOg24	O58	2	0
EAOg4	–	1	37	EAOg25	O84	1	0
EAOg5	–	6	4	EAOg26	O49	2	1
EAOg6	–	0	3	EAOg27	O130	1	5
EAOg7	–	6	7	EAOg28	O37	0	0
EAOg8	O128/O55	1	5	EAOg29	O8	4	3
EAOg9	SB13	0	26	EAOg30	O69	17	2
EAOg10	SB7	0	11	EAOg31	–	0	0
EAOg11	O161	1	0	EAOg32	–	0	2
EAOg12	O63	3	3	EAOg33	–	1	0
EAOg13	O184	1	1	EAOg34	–	1	0
EAOg14	O141	0	0	EAOg35	–	4	2
EAOg15	O119	0	3	EAOg36	–	1	0
EAOg16	O65	2	1	EAOg37	–	0	0
EAOg17	O144	0	0	EAOg38	–	1	2
EAOg18	O115	2	7	EAOg39	–	0	4
EAOg19	O69	1	0	EAOg40	–	2	1
EAOg20	O152	1	0	未同定	–	16 (17.4%)	33 (17.7%)
EAOg21	O182	1	1	計		92	186

図 7　EAO-genotyping PCR 系を用いた 278 株の EAO 型の同定結果

図 8　225 株の *E. albertii* 全ゲノム高精度進化系統樹および主要病原因子の分布