総説

新興下痢症原因菌 *Escherichia albertii*

Emerging Enteropathogen, *Escherichia albertii*

大岡 唯 祐

(鹿児島大学大学院医歯学総合研究科 感染症学講座 微生物学分野)

Tadasuke OOKA

(Department of Microbiology, Graduate School of Medical and Dental Sciences, Kagoshima University, Sakuragaoka, Kagoshima 890-8544)

1. はじめに

*Escherichia albertii*は大腸菌(*Escherichia coli*)の近縁菌種として、2003年に新たに命名された新興下痢症原因菌の一つである。国内において、近年、本菌による患者数100名を超える集団感染事例が数件発生し、また、志賀毒素産生株による溶血性尿毒症症候群の発症事例も報告された。これを受けて、平成28年11月、厚生労働省から各都道府県などの衛生主管部局へ、本菌についての情報提供を依頼する通知が出されている²⁰⁾。本稿では、近年、注目されつつある*E. albertii*について、細菌学的特徴やゲノム特性、疫学、臨床症状など、最新の知見で明らかになってきた本菌の特徴を紹介する。

2. *Escherichia albertii*の歴史的背景

*E. albertii*は、腸内細菌科*Escherichia*属に属するグラム陰性通性嫌気性桿菌である。本菌は1991年にバングラデシュにおいて小児下痢症患者から初めて分離され、当初API20Eシステムで*Hafnia alvei*として同定された²⁾。その後、腸管病原性大腸菌(enteropathogenic *E. coli*; EPEC)および腸管出血性大腸菌(enterohemorrhagic *E. coli*; EHEC)の主要病原因子であるインチミン(*eae*遺伝子にコードされる)を保有し腸管粘膜上皮に台座構造を形成して強固に接着すること、遺伝学的解析や性状解析により*H. alvei*でなく*Escherichia*属に近いが、既知の*Escherichia*属菌とは明らかに異なることなどが示され、2003年に*Escherichia*属の新菌種*E. albertii*として正式に命名された^{3, 15, 19)}。それ以降、本菌の野鳥や家禽における分布は報告されていたものの²⁹⁾、ヒト病原菌としての位置づけは十分になされていなかったが、*eae*遺伝子保有大腸菌(EPECおよびEHEC)としてヒト下痢症患者などから分離されていた株の中に一定の割

合で本菌が誤同定されていること、また、集団感染の原因菌として同定されたことにより、ヒト下痢症原因菌として認知されるようになった^{31, 32)}。その後、下痢症患者由来株のさかのぼり調査などから、いくつかの感染事例が明らかとなり、分離株について生化学的・遺伝学的解析も進められてきた。現在では、大腸菌との鑑別指標となりうるいくつかの生化学的性状も示され、種特異的配列を標的としたPCRやハウスキーピング遺伝子による配列を基準にした系統解析¹⁶⁾などとの組み合わせによって、本菌の分離同定がある程度可能となっている。また、*Shigella boydii* 13は当初、赤痢菌と考えられてきたが、その後のDNA-DNAハイブリダイゼーション解析や生化学性状解析、系統解析などの結果を踏まえ¹⁶⁾、現在では*E. albertii* (biogroup 2)として再分類されている⁸⁾。

3. 細菌学的特徴

本菌の生化学性状について調べた報告のまとめを表1に示す。*E. albertii*は、通常の培養条件下では運動性を示さない。硫化水素非産生であり、大腸菌との鑑別指標になりうる生化学的性状として、乳糖、キシロース、ラフィノース、ラムノース非分解の株が大部分を占める。ただし、注意すべき点は、これまでに同定されている株は、大腸菌の基本性状あるいはEPEC/EHECの指標である*eae*遺伝子を基準に、非典型的大腸菌として偶発的に分離されたものがほとんどであり、実際には*eae*遺伝子を保有しない株(低病原性もしくは非病原性)が存在する可能性もある。今後、下記の“検出法”の項で述べるような手法を組み合わせ、動物や環境などから幅広く分離し、性状を調べることによって、本菌の性状をより一般化していく必要がある。

本菌のO抗原型別は確立されていないが、分離株の中には、①大腸菌O抗原型と遺伝的に同一(同一のO抗原合成遺伝子群を保有)あるいは類似し、血清学的検査に

表1. *Escherichia albertii*の性状に関する主な報告

引用文献 分離もしくは報告された年	文献32 2012	文献4 2014	文献1 2003	文献35 2005	文献29 2010	文献28 2013	<i>E. albertii</i> (biogroup 1)	<i>E. albertii</i> (biogroup 2)	<i>E. coli</i>
解析株数	26	18	5	21	23	48	5	10	—
由来生物種	ヒト, 鳥, ネコ	ヒト	ヒト	ヒト	鳥	ヒト	NI	NI	NI
Indole production	96.2	100	0	10	100	35.4	0	100	98
H ₂ S production	0	NT	0	0	NT	0	NI	NI	NI
Motility (35°C)	0	0	0	0	0	0	0	0	95
MUG (β-D-Glucuronidase production)	0	0	0	0	NT	16.7	NI	NI	NI
Lysine decarboxylase	100	100	100	100	100	89.3	100	0	90
Acetate utilization	92.3	100	100	100	NT	71.4	40	0	90
Acid from									
Arabinose	100	100	100	100	100	96.4	100	100	99
Dulcitol	0	0	0	0	NT	29.2	0	0	60
Lactose	3.9	0	0	?	0 ^{*2}	0	0	0	95
Sucrose	19.2	0	0	0	0	18.8	0	0	50
Raffinose	0 ^{*1}	0	0	0	NT	16.7	0	0	50
L-Rhamnose	0	0	0	0	0	10.4	0	0	80
D-Sorbitol	57.7	66.7	0	0	V ^{*3}	46.8	100	0	94
D-Xylose	0	0	0	0	0	18.8	0	0	95

*¹ ゲノム配列情報から同定*² 乳糖非分解株を対象とした研究*³ 菌株により表現型が異なる

NI: 情報なし, NT: 未解析.

においても交差凝集性を示すもの、②大腸菌や赤痢菌のO抗原型と遺伝的には類似しないが交差凝集性を示すもの、③遺伝的にも血清学的にも新規と考えられるものなど、あわせて計20種類が現在までに同定されている（投稿準備中）。既に報告済みの*E. albertii*のO抗原型としてはO1, O3, O4, O6, O7の5種類がある^{27, 40)}。今後、分離株が増えるに従って、新規O抗原型も増えることが予想され、血清型別・遺伝子型別手法を開発する必要性が生じる可能性もある。なお、血清型別において、これまでに既知の大腸菌などのO血清型との交差凝集性が示されているのは、大腸菌のO63, O85 (O140とも交差凝集性を示す)、O86, O103, O111, O115, O168, O180, O181と、*Shigella dysenteriae* 4の10種類であり^{9, 11, 14, 15, 28, 30, 34)}、その中で大腸菌O181と交差凝集性を示す*E. albertii* O3は、大腸菌と同一のO抗原合成遺伝子群を保有していることが明らかとなっている²⁷⁾。

4. ゲノム特性とゲノムから見た進化系統

本菌については現在までに4株の全ゲノム配列と約30株のドラフトゲノム配列がデータベース上に登録されている^{10, 23, 33)}。ゲノムサイズは平均4.8 Mb (4.5~5.1 Mbp)であり、そのサイズは大腸菌と比べて小さく、*E. fergusonii*とは類似している。他の*Escherichia*属菌との全ゲノムレベルでの平均塩基相同性 average nucleotide identity (ANI; 解析株の全ゲノム配列を約1,000塩基程度に切断し、各断片と比較対象株のゲノム配列との配列類似度の平均値を算出する。従来のDNA-DNA ハイブリダイゼー

ションで同一菌種に定義された70%以上の類似度は、ANIでは95~96%に相当する。)は90%程度であり、明らかに異なる菌種である。本菌のコアゲノム（全株が共通して保存する遺伝子）は3,250個からなり、そのうちの約2,500個、1,345個が大腸菌と*Escherichia*属菌にそれぞれ共通である³³⁾。全ゲノム配列が決定された4株間の比較から、染色体上に存在する各株特異的な配列の多くはプロファージもしくはintegrative elementであり、ゲノム構造および配列の多様性は当該領域に顕著に見られる。また、他の*Escherichia*属菌種と比べ、*E. albertii*には遺伝子不活化を含むゲノム多様性に関わる挿入配列 (IS) の数が極端に少なく (4~11個、大腸菌では42~224個)、結果として、偽遺伝子の少なさ (41~45個、大腸菌では45~254個) に影響していると考えられる。

生化学的性状の項で示した大腸菌との鑑別指標になりうる乳糖、キシロース、ラフィノースの代謝およびβ-グルクロニダーゼ産生にかかわる*lacAYI*, *xylBAFGHR*, *melRAB*, *uidCBAR*の各遺伝子群は、すべての*E. albertii*株において共通して欠落しており、*E. albertii*系統で保存された表現型となっている。なお、トリ由来のNIAH_Bird_23株のように、乳糖遅発酵性を示す株も存在するが、この株も同様に*lacAYI*遺伝子を欠落していることから、この株では別の機構で乳糖発酵を行っていると考えられる。

また、本菌は、通常の培養条件下では運動性を示さないが、運動性にかかわる鞭毛合成系関連遺伝子群は多くの株で完全に保存されており、この遺伝子群の中で、

図1. 全ゲノムレベルでの *Escherichia* 属菌および *E. albertii* の進化系統樹
文献33, Fig. 2より改変.

fliC 遺伝子（フラジェリン [主要鞭毛サブユニット：H 抗原] をコードする）が高い配列多様性を示すことから、少なくとも鞭毛（様構造）が菌体表面に発現し、免疫学的な選択を受けていることが考えられる。加えて、*E. albertii* において、大腸菌が共通して保存する走化性関連遺伝子群が完全に欠失している点も、本菌における鞭毛の役割（特殊な条件下での運動性あるいは運動性以外の働き）を考えるうえで非常に興味深い点である。

E. albertii 34株とほかの *Escherichia* 属菌（*E. coli* 44株、*E. fergusonii* 5株、ほかの *Escherichia* クレードに属する15株）について全ゲノムレベルでの系統解析から、*E. albertii* はほかの *Escherichia* 属菌とは明らかに異なる系統に属し、さらに、*E. albertii* 内で大きく五つのグループ（G1～G5）を形成することがわかっている（図1）。また、現在までの分離株数が少なくデータが十分ではない可能性があるものの、菌種内での系統樹の枝の拡がりが大腸菌と比べて明らかに小さいことから、*E. albertii* が限られたニッチの中で進化を遂げてきた可能性も考えられる。

5. 病原性と病原因子

E. albertii の病原機構についてはまだ未解明な部分が多いが、病原因子としては以下のようなものが同定されている。

1) Locus of enterocyte effacement (LEE) 領域にコードされるIII型分泌系 (LEE-T3SS) およびエフェクター蛋白質群

染色体上にLEE領域と呼ばれる約35 kbからなる pathogenicity island があり、この領域にはLEE-T3SS、転写調節因子、分子シャペロン、接着因子であるインチミン、そしてLEE-T3SSにより宿主細胞へ注入されるエフェクター蛋白質群などがコードされている。これらはEPECやEHECと共通の主要病原因子であり、なかでもインチミンとエフェクター蛋白質の一つであるTir (translocated intimin receptor; エフェクター蛋白質として宿主細胞内へ注入された後、宿主細胞表面へ突出してインチミンと結合する) を介した台座構造の形成は、腸管粘膜上皮への強固な結合に必須である。加えて、

LEE領域あるいはLEE領域以外の外来性領域（特にプロファージゲノム上）には、EPECやEHECで同定されているエフェクター蛋白質群のホモログが多数コードされていることがわかっており、個々の機能解析は進んでいないものの、EPECやEHECと同様、注入されたエフェクター蛋白質群が宿主細胞のさまざまな機能障害（細胞骨格の再編成・微小管の破壊、アポトーシスなど）を引き起こすと考えられる。また、インチミンには約40種類のサブタイプが同定されているが、*E. albertii*で見られるサブタイプにはEPECやEHECに見られないマイナーなタイプを保有する株が多い³¹⁾。

2) 細胞膨化致死毒素(cytolethal distending toxin: CDT)

細胞を伸長・膨化させ、その後致死させることがわかっており、病原性大腸菌では配列レベルでII/III/VとI/IVの2グループに分かれるI～Vの五つのバリエーションが同定されている。*E. albertii*では、ほとんどの株でII/III/Vのグループに属するバリエーションを保有しており、まれにI/IVグループのバリエーションまたは両方を保有する株も存在する。

3) その他の病原関連因子

EHECの主要病原因子である志賀毒素を産生する株が同定されており、EHEC感染症と同様、溶血性尿毒症症候群など重篤な合併症を引き起こす要因となっている。本菌が保有する志賀毒素のサブタイプは主に病原性の比較的弱いStx2fであるが^{14, 25, 31)}、病原性の強いStx2aを保有する株も存在する⁷⁾。また、本菌にはサルモネラの細胞侵入にかかわるIII型分泌系をコードするSPI-1領域

に類似する*Escherichia coli* type III secretion system II (ETT2)領域の完全な遺伝子セットが存在する³³⁾。今後、詳細な解析が必要であるものの、*E. albertii*が細胞侵入性を示すという報告もある³⁸⁾ことから、ETT2領域にコードされたT3SSが細胞侵入性などの病原性に与する可能性も示唆される。

6. 検出法

上記のように、生化学的性状を基準に*E. albertii*と大腸菌（および赤痢菌）を鑑別あるいは検出する指標は限られており、また、分離株が少なく情報もまだ十分とは言えないことから、ポジティブセレクションによる選択培地の開発には至っていない。現在、*E. albertii*を同定する方法としては、本菌に特異的な遺伝子領域を標的としたPCR法^{16, 22, 33)}やハウスキーピング遺伝子を用いたmulti-locus sequence (MLS)解析による系統解析等の配列決定法^{16, 21, 25)}が用いられている。この中で分離株の種同定に最も汎用されている手法はHymaら¹⁶⁾の3遺伝子(*clpX*, *lysP*, *mdh*)を対象としたPCR法¹⁶⁾である。また、筆者らが作成した*E. albertii*特異的な遺伝子領域を標的としたnested-PCR法は、*E. albertii*の含有菌数が少ない糞便からの直接検出にも対応できることから、疫学調査などにも利用可能である³³⁾。

7. ヒトにおける感染事例の発生状況と臨床症状

*E. albertii*による感染事例は、1992年にバングラデシュで最初に報告があって以降、ドイツ、アメリカ、アフリ

表2. *E. albertii*による国内での集団感染事例

発生時期	発生地	発症率	臨床症状およびその割合				食中毒・感染症の例	原因食品等	平均潜伏期間	病原因子	文献および学会報告
			下痢	腹痛	発熱	その他					
2003年	福岡県	64.5% (20/31)	? %	? %	? % (>38.1℃)	—	食中毒	弁当 (推定)	?	<i>eae</i>	文献4
2005年	福岡県、 大分県	43.0% (176/409)	? %	? %	? % (36.5～39.5℃)	嘔吐(? %)	食中毒	湧き水 (推定)	?	<i>eae</i>	松田ら、第34回食品微生物学会、2013
2011年5月	熊本県	51.1% (48/94)	83%	69%	44% (平均37.2℃)	吐き気(29%)	食中毒	井戸水 (推定)	19時間	<i>eae</i> , <i>cdt</i>	文献32
2013年4月	熊本県	53.3% (70/132)	80%	84%	—	—	食中毒	生野菜	?	<i>eae</i> , <i>cdt</i>	古川ら、第34回食品微生物学会、2013
2015年11月	広島県	52.4% (44/84)	82%	68%	34% (37～39℃)	—	感染症 (推定)	不明	?	<i>eae</i>	文献12
2016年5月	沖縄県	57.7% (217/376)	64%	56%	14%	倦怠感(40%) 吐き気(8%) 嘔吐(1%) 頭痛(38%)	食中毒	ニガナの 白和え	32.8時間	<i>eae</i> , <i>cdt</i>	文献37
2016年7月	静岡県	38.5% (154/400)	98.7% (水様性 91.6%, 血便5.2%)	84.40%	77.9% (平均38.4℃)	倦怠感(63.0%) 脱力感(51.9%) 吐き気(48.7%) 嘔吐(35.1%) 頭痛(47.4%) 悪寒(37.0%)	食中毒	食事 (未特定)	?	<i>eae</i>	文献26

表3. 志賀毒素産生株による感染事例

発生時期	発生地	患者	臨床経過および症状	志賀毒素遺伝子 サブタイプ	その他の 病原関連遺伝子	引用文献
2008年8月	岡山県	1歳3カ月児	下痢	<i>stx2f</i>	<i>eae, cdt</i>	文献14
2008年10月	福岡県	23歳男性	発熱(37.7℃), 頭痛, 腹痛, 下痢〔潜伏 期間約13時間〕	<i>stx2f</i>	<i>eae, cdt</i>	文献9
2016年8月	埼玉県	1歳女児	発熱(2日で解熱), 溶血性尿毒症症候群 ※下痢, 血便はなし.	<i>stx2f</i>	<i>eae</i>	文献18
不明	ノルウェー	48歳男性	血便	<i>stx2a</i>	<i>eae, cdt</i>	文献7

表4. 種々の生物における *E. albertii* の汚染頻度に関する報告のまとめ

国	種類	汚染頻度 (陽性検体数/全検体数 [%])	文献
中国	アヒル	腸 (6/28 [21.4%]), 肉 (2/21 [9.5%])	文献39
	ニワトリ	腸 (17/189 [9.0%]), 肉 (3/53 [5.7%])	
	ヒツジ	肉 (1/22 [4.6%])	
	ブタ	肉 (1/41 [2.4%])	
	ウシ	肉 (0/92 [0%])	
日本	ニワトリ	レバー (1/114 [0.9%]), 肉 (2/106 [1.9%])	文献5
	ニワトリ	肉 (1/54 [1.9%]), 内臓 (2/50 [4.0%])	文献24
韓国	野鳥 (58種)	総排泄腔のスワブ (9/1,204 [0.7%])	文献30
オーストラリア	魚類 (6種)	0/138 [0%]	文献13
	カエル類 (20種)	0/106 [0%]	
	ワニ類 (2種)	0/33 [0%]	
	トカゲ類 (87種)	0/314 [0%]	
	ヘビ類 (18種)	0/44 [0%]	
	カメ類 (5種)	0/56 [0%]	
	鳥類 (113種)	9/634 [1.4%]	
	哺乳類 (92種)	0/1063 [0%]	

カ, そして日本において報告されている^{10, 14, 29, 31)}. 集団感染に関して, これまで海外での報告はない. 一方, 国内では, 表2に示したように, 非典型的EPECを原因とした集団感染事例のさかのぼり調査によって明らかとなった2003年の集団感染事例が最初であるが, ここ数年だけを見ても, 有症者100人を超える集団感染事例が2事例報告されている. また, 感染症法において三類感染症原因菌とされる志賀毒素産生株 (*Stx2f*産生株) による感染事例も4事例 (国内3事例, 海外1事例) 報告されている (表3).

本菌による臨床症状は, (水様性) 下痢や腹痛といった消化器症状が中心であるが, 発熱を伴うこともある. 表2より, 集団感染事例における主症状の出現頻度は, 下痢 (64~99%; まれに血便), 腹痛 (56~84%), 発熱 (14~78%) であり, 事例によっては, 倦怠感や嘔気, 頭痛などを伴うことがある. 菌血症についても1例報告されている¹⁷⁾. また, 志賀毒素産生株 (*Stx2f*産生株) による感染では, 溶血性尿毒症症候群を発症した事例報告もある¹⁸⁾. 潜伏期は16~54時間と比較的長い. 患者の年齢は1歳児から48歳まで幅広いが, 集団感染事例に見られるように比較的健常な成人においても感染が見られることも特徴である.

8. 保菌動物

種々の生物における *E. albertii* の汚染頻度に関する報告を表4にまとめた. 頻度が示されていないものも含め, 野生動物 (生物) としては, 1998年に“死んでいる”あるいは“無症候性に保菌している”野鳥から分離されて以降, 種々の野鳥に対する保菌調査が実施され, 鳥類における宿主域が非常に広いこと, また, 検出地域もカナダ, スコットランド, オーストラリア, 韓国, 日本と多岐にわたることが示されている^{11, 13, 29, 30, 31)}. また, 病原性は明らかにされていないが, 哺乳類では, ネコやブタ, コウモリなどから菌分離の報告がある^{13, 31)}. 家畜 (および食肉) については, ニワトリ, アヒル, ブタ, ウシに関して調査報告があり, 鳥 (アヒルおよびニワトリ) での汚染頻度が高く, また, 検体数が少ないもののヒツジとブタでの保菌が確認されている³⁹⁾.

9. おわりに

E. albertii は2003年に新菌種として同定されたが, 新興下痢症原因菌として注目され始めたのはここ数年である. そのため, 分離株の数も限られており, 共通する細菌学的特徴やゲノム特性など, 本菌の基本性状として示

すにはまだ情報として不十分な点も多い。また、感染経路や保菌宿主、病原機構などについても解明には至っていない。厚生労働省からの通知があったことで、今後、各種検査機関から分離株の情報収集が進むことが期待されるが、それと並行して、感染経路の同定に必要な保菌宿主を含む自然界における浸淫状況等、基礎的な疫学調査による情報蓄積を進める必要がある。また、収集された株についてゲノム特性の情報も加え、検出系の構築や効果的な選択培地の開発、病原因子の同定・機能解析を行うことにより、*E. albertii*の生態がより詳しく解明されていくと思われる。

文 献

- Abbott, S. L., O'Connor, J., Robin, T., Zimmer, B. L. and Janda, J. M.: Biochemical properties of a newly described *Escherichia* species, *Escherichia albertii*. J. Clin. Microbiol., **41**, 4852-4854 (2003).
- Albert, M. J., Alam, K., Islam, M., Montanaro, J., Rahman, A. S., Haider, K., Hossain, M. A., Kibriya, A. K. and Tzipori, S.: *Hafnia alvei*, a probable cause of diarrhea in humans. Infect. Immun., **59**, 1507-1513 (1991).
- Albert, M. J., Faruque, S. M., Ansaruzzaman, M., Islam, M. M., Haider, K., Alam, K., Kabir, I. and Robins-Browne, R.: Sharing of virulence-associated properties at the phenotypic and genetic levels between enteropathogenic *Escherichia coli* and *Hafnia alvei*. J. Med. Microbiol., **37**, 310-314 (1992).
- Asoshima, N., Matsuda, M., Shigemura, K., Honda, M., Yoshida, H., Hiwaki, H., Ogata, K. and Oda, T.: Identification of *Escherichia albertii* as a causative agent of a food-borne outbreak occurred in 2003. Jpn. J. Infect. Dis., **67**, 139-140 (2014).
- Asoshima, N., Matsuda, M., Shigemura, K., Honda, M., Yoshida, H., Oda, T. and Hiwaki, H.: Isolation of *Escherichia albertii* from Raw Chicken Liver in Fukuoka City, Japan. Jpn. J. Infect. Dis., **68**, 248-250 (2015).
- 馬場 愛, 瓜生佳世, 樋脇 弘, 武田 昭: 福岡市における下痢原性大腸菌による食中毒2事例について. 福岡市保健環境衛生研究所報, **29**, 154-157 (2003).
- Brandal, L. T., Tunsjo, H. S., Ranheim, T. E., Lobersli, I., Lange, H. and Wester, A. L.: Shiga toxin 2a in *Escherichia albertii*. J. Clin. Microbiol., **53**, 1454-1455 (2015).
- Centers for Disease Control and Prevention (CDC). National *Shigella* Surveillance Overview. Atlanta, Georgia: US Department of Health and Human Services, CDC, U.S.A. (2011).
- Etoh, Y., Murakami, K., Ichihara, S., Sera, N., Hamasaki, M., et al.: Isolation of Shiga toxin 2f-producing *Escherichia coli* (O115:HNM) from an adult symptomatic patient in Fukuoka Prefecture, Japan. Jpn. J. Infect. Dis., **62**, 315-317 (2009).
- Fiedoruk, K., Daniluk, T., Swiecicka, I., Murawska, E., Sciepuk, M. and Leszczynska, K.: First Complete Genome Sequence of *Escherichia albertii* Strain KF1, a New Potential Human Enteric Pathogen. Genome Announc., **2** (2014).
- Foster, G., Ross, H. M., Pennycott, T. W., Hopkins, G. F. and McLaren, I. M.: Isolation of *Escherichia coli* O86:K61 producing cytolethal distending toxin from wild birds of the finch family. Lett. Appl. Microbiol., **26**, 395-398 (1998).
- 深田真美, 福原亜美, 立脇邦雄, 住川博紀, 田組善雄ら: 集団感染事例から検出された *Escherichia albertii* について—広島県. 病原微生物情報 (IASR), **37**, 100-101 (2016).
- Gordon, D. M.: Reservoirs of Infection: The Epidemiological Characteristics of an Emerging Pathogen, *Escherichia albertii*. Department of Agriculture, Fisheries and Forestry. Division of Ecology, Evolution and Genetics; Research School of Biology; The Australian National University Canberra (2011).
- Hinenoya, A., Yasuda, N., Hibino, T., Shima, A., Nagita, A., Tsukamoto, T. and Yamasaki, S.: Isolation and characterization of an *Escherichia albertii* strain producing three different toxins from a child with diarrhea. Jpn. J. Infect. Dis., **70**, 252-257 (2017).
- Huys, G., Cnockaert, M., Janda, J. M. and Swings, J.: *Escherichia albertii* sp. nov., a diarrhoeagenic species isolated from stool specimens of Bangladeshi children. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., **53**, 807-810 (2003).
- Hyma, K. E., Lacher, D. W., Nelson, A. M., Bumbaugh, A. C., Janda, J. M., Strockbine, N. A., Young, V. B. and Whittam, T. S.: Evolutionary genetics of a new pathogenic *Escherichia* species: *Escherichia albertii* and related *Shigella boydii* strains. J. Bacteriol., **187**, 619-628 (2005).
- Inglis, T. J., Merritt, A. J., Bzdyl, N., Lansley, S. and Urosevic, M. N.: First bacteraemic human infection with *Escherichia albertii*. New Microbes New Infect., **8**, 171-173 (2015).
- 伊豫田 淳, 石嶋 希, 李 謙一, 石原朋子, 大西 真ら: HUS患者から分離された *stx2*陽性の *Escherichia albertii* について. 病原微生物情報 (IASR), **37**, 255 (2016).
- Janda, J. M., Abbott, S. L. and Albert, M. J.: Prototypal diarrheagenic strains of *Hafnia alvei* are actually members of the genus *Escherichia*. J. Clin. Microbiol., **37**, 2399-2401 (1999).
- 厚生労働省健康局結核感染症課長: *Escherichia albertii* に係る報告について. 平成28年11月9日, 健感発1109第2号 (2016).
- Lindsey, R. L., Fedorka-Cray, P. J., Abley, M., Turpin, J. B. and Meinersmann, R. J.: Evaluating the occurrence of *Escherichia albertii* in chicken carcass rinses by PCR, Vitek analysis, and sequencing of the *rpoB* gene. Appl. Environ. Microbiol., **81**, 1727-1734 (2015).
- Lindsey, R. L., Garcia-Toledo, L., Fasulo, D., Gladney, L. M. and Strockbine, N.: Multiplex polymerase chain reaction for identification of *Escherichia coli*, *Escherichia albertii* and *Escherichia fergusonii*. J. Microbiol. Methods, **140**, 1-4 (2017).
- Luo, C., Walk, S. T., Gordon, D. M., Feldgarden, M., Tiedje, J. M. and Konstantinidis, K. T.: Genome sequencing of environmental *Escherichia coli* expands understanding of the ecology and speciation of the model bacterial species. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.,

- 108, 7200–7205 (2011).
- 24) Maeda, E., Murakami, K., Sera, N., Ito, K. and Fujimoto, S.: Detection of *Escherichia albertii* from chicken meat and giblets. *J. Vet. Med. Sci.* doi:10.1292/jvms.14-0640 (2015).
 - 25) Murakami, K., Etoh, Y., Tanaka, E., Ichihara, S., Horikawa, K., Kawano, K., Ooka, T., Kawamura, Y. and Ito, K.: Shiga toxin 2f-producing *Escherichia albertii* from a symptomatic human. *Jpn. J. Infect. Dis.*, **67**, 204–208 (2014).
 - 26) 長岡宏美, 鈴木 秀, 村田学博, 森主博貴, 松橋平太ら: 静岡県で発生した *Escherichia albertii* による食中毒事例について—特定までの経緯. *病原微生物情報 (IASR)*, **37**, 254–255 (2016).
 - 27) Naumenko, O. I., Zheng, H., Senchenkova, S. N., Wang, H., Li, Q., Shashkov, A. S., Wang, J., Knirel, Y. A. and Xiong, Y.: Structures and gene clusters of the O-antigens of *Escherichia albertii* O3, O4, O6, and O7. *Carbohydr. Res.*, **449**, 17–22 (2017).
 - 28) Nimri, L. F.: *Escherichia albertii*, a newly emerging enteric pathogen with poorly defined properties. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* **77**, 91–95 (2013).
 - 29) Oaks, J. L., Besser, T. E., Walk, S. T., Gordon, D. M., Beckmen, K. B., et al.: *Escherichia albertii* in wild and domestic birds. *Emerg. Infect. Dis.*, **16**, 638–646 (2010).
 - 30) Oh, J. Y., Kang, M. S., Hwang, H. T., An, B. K., Kwon, J. H. and Kwon, Y. K.: Epidemiological investigation of *eaeA*-positive *Escherichia coli* and *Escherichia albertii* strains isolated from healthy wild birds. *J. Microbiol.*, **49**, 747–752 (2011).
 - 31) Ooka, T., Seto, K., Kawano, K., Kobayashi, H., Etoh, Y., et al.: Clinical significance of *Escherichia albertii*. *Emerg. Infect. Dis.*, **18**, 488–492 (2012).
 - 32) Ooka, T., Tokuoka, E., Furukawa, M., Nagamura, T., Ogura, Y., Arisawa, K., Harada, S. and Hayashi, T.: Human gastroenteritis outbreak associated with *Escherichia albertii*, Japan. *Emerg. Infect. Dis.*, **19**, 144–146 (2013).
 - 33) Ooka, T., Ogura, Y., Katsura, K., Seto, K., Kobayashi, H., et al.: Defining the genome features of *Escherichia albertii*, an emerging enteropathogen closely related to *Escherichia coli*. *Genome Biol. Evol.*, **7**, 3170–3179 (2015).
 - 34) Rahman, M. Z., Akter, S., Azmuda, N., Sultana, M., Weill, F. X., Khan, S. I., Grimont, P. A. and Birkeland, N. K.: Serological cross-reaction between O-antigens of *Shigella dysenteriae* type 4 and an environmental *Escherichia albertii* isolate. *Curr. Microbiol.*, **67**, 590–595 (2013).
 - 35) Stock, I., Rahman, M., Sherwood, K. J. and Wiedemann, B.: Natural antimicrobial susceptibility patterns and biochemical identification of *Escherichia albertii* and *Hafnia alvei* strains. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.*, **51**, 151–163 (2005).
 - 36) Strockbine, N. A., Bopp, C. A., Fields, P. I., Kaper, J. B. and Nataro, J. P.: *Escherichia*, *Shigella*, and *Salmonella*. *Manual of Clinical Microbiology*, 11th edition. Jorgensen, H., Pfaller, M. A., Carroll, K. C., Funke, G., Landry, M. L., Richter, A. A. and Warnock, D. W. (eds.), p. 685–713, ASM Press. Washington, D.C. (2015).
 - 37) 高良武俊, 仲間絵理, 喜屋武向子, 柿田徹也, 久場由真仁ら: ニガナの白和えを原因食品とする *Escherichia albertii* による集団食中毒事例—沖縄県. *病原微生物情報 (IASR)*, **37**, 252–253 (2016).
 - 38) Yamamoto, D., Hernandez, R. T., Liberatore, A. M., Abe, C. M., Souza, R. B., Romao, F. T., Sperandio, V., Koh, I. H. and Gomes, T. A.: *Escherichia albertii*, a novel human enteropathogen, colonizes rat enterocytes and translocates to extra-intestinal sites. *PLOS ONE*, **12**, e0171385 (2017).
 - 39) Wang, H., Li, Q., Bai, X., Xu, Y., Zhao, A., et al.: Prevalence of *eae*-positive, lactose non-fermenting *Escherichia albertii* from retail raw meat in China. *Epidemiol. Infect.*, **144**, 45–52 (2016).
 - 40) Zheng, H., Shashkov, A. S., Xiong, Y., Naumenko, O. I., Wang, H., Senchenkova, S. N., Wang, J. and Knirel, Y. A.: Structure and gene cluster of the O-antigen of *Escherichia albertii* O1 resembling the O-antigen of *Pseudomonas aeruginosa* O5. *Carbohydr. Res.*, **446–447**, 28–31 (2017).