=原 著=

秋田県内の環境水からの *Escherichia albertii* の検出と分離株の性状

高橋志保・今野貴之[†]・檜尾拓子・鈴木純恵・熊谷優子

(秋田県健康環境センター)

(受付: 令和元年12月22日)

(受理: 令和2年4月16日)

Isolation and Characterization of *Escherichia albertii* from Environmental Water in Akita Prefecture, Japan

Shiho TAKAHASHI, Takayuki KONNO[†], Hiroko KASHIO, Sumie SUZUKI and Yuko KUMAGAI

(Akita Prefectural Research Center for Public Health and Environment, Senshukubota-machi, Akita 010-0874; [†]Corresponding author)

Escherichia albertii is a newly emerging food-borne pathogen. However, infection routes to patients remain unclear. In the present study, we aimed to isolate and characterize *E. albertii* from environmental water in Akita Prefecture of Japan. *E. albertii* was detected in 16 of 52 samples by real-time polymerase chain reaction analysis, and a total of 13 *E. albertii* strains were isolated from 9 samples. None of isolates showed the properties of biogroup 1 or 2 described previously on indole production and lysine decarboxylase activity. Susceptibility testing against 11 antimicrobial agents showed that one isolate was resistant only to ampicillin (7.7%). All isolates were positive for *eae* and *cdt* as virulence genes, but were negative for *stx*, including *stx2f*. Pulsed-field gel electrophoresis analysis showed that *E. albertii* isolates were genetically heterogeneous, but two isolates from environmental water had the similarity of >80% to some *E. albertii* strains from humans. These results suggest that *E. albertii* derived from environmental water has the potential to infect humans.

Key words: *Escherichia albertii*, environmental water, real-time PCR

緒 言

Escherichia albertii は、2003年に新種として発表された新規の食中毒原因菌である⁴⁾。*E. albertii* は、病原因子として腸管病原性大腸菌や大部分の腸管出血性大腸菌が持つインチミン(*eae*)と細胞膨化致死毒素(*cdt*)を持ち、まれに腸管出血性大腸菌が持つ志賀毒素(*stx*)の垂型を保有する場合がある^{2, 14, 20)}。近年、国内では同菌による集団食中毒事例が散見されており、公衆衛生上の新たな問題となっている¹⁹⁾。

E. albertii によるヒトへの健康被害の発生が注目され

ているが、原因食品やその汚染経路はいまだ十分に解明されていない。*E. albertii* は、動物ではネコやブタに由来する菌株も報告されているが、鳥類から比較的多く分離されており、鳥類は自然界での重要な保菌動物と考えられる^{18, 20, 25)}。トリ肉からも *E. albertii* が検出されているが^{1, 10)}、過去の集団食中毒事例においては、さまざまな食品が原因として推定されている¹⁹⁾。一方、Maheuxら¹¹⁾は河川等の環境水中にも *E. albertii* が存在することを示している。食中毒における原因食品等の汚染がどのように起こっているのかについては不明であるが、環境水は *E. albertii* の感染経路の一つとして注目される。

秋田県では、2011年に食中毒疑い事例の検査の過程で初めて *E. albertii* を確認した後も⁸⁾、大腸菌として保管されていた菌株の再同定などによって散発下痢症患者に由来する *E. albertii* の菌株が複数確認されている^{3, 7)}。

[†]連絡先

☎010-0874 秋田県秋田市千秋久保田町6-6

Tel: +81-18-832-5005; Fax: +81-18-832-5938

E-mail: konno-takayuki@pref.akita.lg.jp

このことは、以前から継続して *E. albertii* による健康被害が秋田県で発生していたことを示唆しており、*E. albertii* の感染経路の究明が求められている。そこで、本研究では秋田県内の環境水における *E. albertii* の汚染実態を明らかにするため、2018年5月から2019年6月までの期間に秋田県内の河川等の環境水からの *E. albertii* の検出を行った。さらに、環境水由来の *E. albertii* の特徴を明らかにするため、分離株について生化学的性状、薬剤感受性、病原因子の確認および pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) による系統解析を実施した。

材料および方法

1. 材 料

環境水52検体（河川16地点45検体、湖沼3地点4検体、公園の堀1検体、湧水2検体）を供試した。

2. 増菌培養

検体500 mLを孔径0.45 μm のセルロースメンブレンフィルターで吸引ろ過し、フィルターを15 mLのノボバイオシン加mEC培地（栄研化学）で42℃ 18～24時間培養した。

3. Real-time PCR

DNA抽出のため、増菌培養液200 μL を遠心後

(14,000 rpm, 1分, 4℃), 沈殿に滅菌蒸留水500 μL を加え、洗浄のため再び遠心した (14,000 rpm, 1 min, 4℃)。沈殿からアルカリ熱抽出法によりDNAを抽出し、最終的に200 μL のDNA抽出液とした。

DNA抽出液2 μL について、Maedaら⁹⁾ が報告した *E. albertii* に特異的なプライマー EA0134-283F (5'-TTG CGT ACT AAC GCA GGA TG-3') および EA0134-446R (5'-TGT GAC TGT TGG GCT ATT GG-3') と、その内部に設計したプローブ EA0134-P (5'-6FAM-CGT CAG CGT GTT ACT TTA TAA TGA AAT GG-TAMRA3') を用いて、real-time PCRを行った。機器は7300 real-time PCR system (Applied Biosystems), 反応試薬にはTaqMan Universal PCR Master Mix (Applied Biosystems) を使用した。反応条件は、50℃ 2分, 95℃ 10 sec の後, 95℃ 15 sec および 60℃ 1 min を40サイクルで行った。

4. 分離培養

Real-time PCRにて *E. albertii* の遺伝子が検出された検体について、増菌培養液をクロモアガー ECC（関東化学）に画線塗抹し、36℃一晩培養した。クロモアガー ECC上の白色集落を、1%キシロースを添加したマッコンキー基礎培地（日本BD）に接種し、37℃一晩培養し

Table 1. Distribution of *Escherichia albertii* detected in environmental water in Akita Prefecture during 2018-2019

Sampling points		Sampling times	The number of positive for <i>E. albertii</i> by real-time PCR, sampling date		Ct values	Results of isolation	Strain number
River	A	7	1	May 14, 2019	27.2	+	EC17393, EC17394, EC17395
	B	7	3	May 9, 2018	33.6	+	
				Jul 3, 2018	30.3	−	
				May 14, 2019	28.2	−	
	C	7	2	Jul 3, 2018	33.7	−	EC17263, EC17264
				May 14, 2019	35.7	−	
	D	3	0				
	E1	5	2	Jul 3, 2018	30.6	−	
				Sep 19, 2018	28.2	+	
	E2*	5	2	Jul 3, 2018	27.4	+	EC17120
				Sep 19, 2018	29.0	+	EC17265
	F	1	0				
	G	2	0				
	H	1	1	Nov 4, 2018	27.5	+	EC17341
	I	1	0				
	J	1	1	May 20, 2019			
K	1	0					
L	1	0					
M	1	1	Jun 11, 2019	27.7	+	EC17396	
N	1	1	Jun 19, 2019	25.1	+	EC17397, EC17398	
O	1	1	Jun 24, 2019	34.0	−		
Lake	P	1	0				
	Q	2	0				
	R	1	0				
Spring water	S	1	0				
	T	1	0				
Moats	U	1	1	Nov 26, 2018	25.1	+	EC17292
Total number		52	16			9	13

*E2: a point of upper reaches from E1 of the same river

Fig. 1. Selection of *E. albertii* strains by RAPD PCR
Lanes: 1-2, the representative strains from point E1 on September 19, 2018 (strain No. EC17263 and EC17264); 3, the representative strain from point E2 on September 19, 2018 (EC17265); 4, the representative strain from point H on November 4, 2018 (EC17341); 5-7, the representative strains from point A on May 14, 2019 (EC17393, EC17394, and EC17395); 8, the representative strain from point M on June 11, 2019 (EC17396); 9-10, the representative strains from point N on June 19, 2019 (EC17397 and EC17398); M, O'RangeRuler 100 bp DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific). Gel electrophoresis analysis was performed on 12.2-cm-long 2% agarose gels in $0.5 \times$ TBE (Tris-borate-EDTA) buffer at 100 V for 150 min.

た。キシロース非分解の白色集落について、*clpX*, *lysP*, および *mdh* を標的とした Hyma⁵⁾ の PCR により *E. albertii* の同定を行った。ただし、*clpX* の PCR については配列の訂正されたプライマーを使用した¹⁸⁾。

同一検体から *E. albertii* の集落が複数分離された場合は、プライマー 1283 (5'-GCG ATC CCC A-3') を用いた random amplified polymorphic DNA (RAPD) PCR により、菌株の選別を行った¹⁶⁾。

5. 生化学的性状、薬剤感受性試験および病原因子の確認

生化学的性状は、API 20E (bioMérieux) および TSI 培地 (栄研化学)、LIM 培地 (日水)、OF 培地 (栄研化学) を用いて、製品の使用法に従い確認した。

薬剤感受性試験は、10 μ g アンピシリン (ABPC), 30 μ g セフトジジム (CAZ), 30 μ g セフトキシム (CTX), 30 μ g セフメタゾール (CMZ), 10 μ g イミペネム (IPM), 30 μ g カナマイシン (KM), 10 μ g ストレプトマイシン (SM), 30 μ g ナリジクス酸 (NA), 10 μ g ノルフロキサシン (NFLX), 50 μ g ホスホマイシン (FOM), および 30 μ g テトラサイクリン (TC) の 11 種類の BD センシ・ディスク (日本 BD)

Table 2. Biochemical properties and virulence genes of *E. albertii* strains from environmental water

Strain No	Biochemical properties															Virulence genes			
	Motility (35°C)	ONPG	Arginine dihydrolase	Ornithine decarboxylase	Lysine decarboxylase	Indole	H ₂ S	D-glucose,		Acid from		Lactose	D-Xylose	eae	cdt	(type)	stx		
								acid	gas	D-Mannitol	Inositol							D-Sorbitol	L-Rhamnose
EC17393	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(I, II, V)	-		
EC17394	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	(I, II, V)	-		
EC17395	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	(II, V)	-		
EC17073	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	(I, II, V)	-		
EC17263	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	(I, II, V)	-		
EC17264	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(II, V)	-		
EC17120	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	(II, V)	-		
EC17265	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(II, V)	-		
EC17341	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(III, V)	-		
EC17396	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	-	+	+	(I, II, V)	-		
EC17397	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(II, V)	-		
EC17398	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(III, V)	-		
EC17292	-	+	-	+	+	+	-	+	+	+	-	+	-	+	+	(II, V)	-		
Total	0%	69.2%	0%	100%	100%	100%	0%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	92.3%	100%		0%

Fig. 2. *Xba*I-generated PFGE and cluster analysis of *E. albertii* strains used in this study
The clustering was based on a cutoff of 80% similarity in PFGE patterns.

を用いて、添付文書に従い行った。

病原因子として、*stx*, *eae*および*cdt*を既報に従い確認した^{8, 24)}。ただし、*stx*のうち*stx2f*の検出はScheutzら²²⁾の報告したPCRにより行った。また、*cdt*については垂型の確認を既報に従い行った^{6, 8)}。

6. 分子疫学解析

個々の菌株について、PFGEにより分子疫学解析を行った。比較対象として、既報^{3, 7, 8)}のヒト糞便由来の*E. albertii* 28株を併せて供試した。制限酵素は*Xba*I (東洋紡)を、機器はCHEF-DR II (Bio-Rad)を用いた。泳動は、パルス時間2.2から54.2 secで21時間行った。系統樹は、Fingerprinting II (Bio-Rad)を用いて、Oaksら¹⁸⁾の方法に準じ、平均距離法(UPGMA)により

作成した。

結 果

1. *E. albertii*の検出状況

環境水52検体中real-time PCRで陽性となったのは16検体で、その内9検体から*E. albertii*が分離された(Table 1)。2018年9月19日採水のE1地点とその上流に位置するE2地点、2018年11月4日採水のH地点、2019年5月14日採水のA地点、2019年6月11日採水のM地点、2019年6月19日採水のN地点の検体からは、それぞれ10集落、4集落、8集落、9集落、7集落、10集落が*E. albertii*に同定された。これらの集落は、RAPD PCRでそれぞれ2種類、1種類、1種類、3種類、1種類、2種

類のバンドパターンを示したことから、各バンドパターンの代表1株を分離株とした(Fig. 1).

2. 生化学的性状、薬剤感受性および病原因子の保有状況

本研究で分離された *E. albertii* 13株の生化学的性状は、いずれもリシン脱炭酸(+), インドール産生(+)で既定の *E. albertii* の生物型¹⁵⁾ には該当しない生物型^{3¹³⁾}であった。また、糖の分解性については、ソルビトール、スクロース、アラビノースが菌株によって違いがみられた(Table 2)。本研究では、選択分離の際に非大腸菌群でキシロース非分解のものを *E. albertii* 疑いとして釣菌しているため、分離された菌株はいずれもラクトース分解(-), キシロース分解(-)であった。

11薬剤に対する感受性試験では、菌株No. EC17264の1株のみABPCに耐性を示した。

病原因子については、いずれの菌株も *eae* (+), *cdt* (+)であり、ヒト由来株が持っている病原因子が環境水由来の菌株からも検出された。ただし、*stx*は*stx2f*を含めいずれの菌株からも検出されなかった。*cdt*の亜型は、I/II/V型4株、II/V型7株、III/V型2株であり、IV型は検出されなかった(Table 2)。

3. PFGEによる分子疫学解析

PFGEによる分子疫学解析の結果をFig. 2に示す。環境水由来株はヒト由来株とともに多様なPFGEパターンを示した。相似係数80%以上では、6組のクラスターが形成された。環境水由来株の内、ヒト由来株とクラスターを形成したのは、菌株No. EC17263(クラスターIII)とEC17264(クラスターIV)の2株で、相似係数はそれぞれ83.3と81.7%であった。

考 察

本研究では、環境水9検体から *E. albertii* 13株を分離し、*E. albertii* が秋田県内の環境水中に広く生息していることを示した。一部の検体については、real-time PCRで *E. albertii* 遺伝子が検出されたものの、菌分離ができなかった(Table 1)。その理由としては、増菌液中の *E. albertii* の菌数が少ないことやそれ以外の菌が多数存在するために、分離培養で単一の集落を形成できなかったことが考えられる。また、ラクトースなどの糖分解性については、非典型的な性状の菌株の存在も指摘されており^{17, 21)}、今後はより *E. albertii* の選択性を高めた培地の開発や非典型的な性状の菌株の分離も可能な培養法¹²⁾ の検討が必要と考えられる。

これまでも環境水からの *E. albertii* の分離報告はあったが¹¹⁾、ヒト由来株との比較はほとんどなされていない。本研究で環境水から検出した菌株は、いずれも Nataro¹⁵⁾ が提唱した生物型には合致しなかったが、ヒトから分離された菌株の多くはこれらの生物型に合致しないことが報告されている¹³⁾。薬剤感受性においては、1株のみABPCに耐性を示した。秋田県内のヒト由来の

*E. albertii*における薬剤耐性率は10%程度で、ABPCの単剤耐性も確認されている⁷⁾。また、大腸菌では、人為的な汚染の少ない環境水由来の菌株の薬剤耐性プロファイルは単純で、耐性菌であってもABPCやTCの単剤耐性であることが多いとされており²³⁾、*E. albertii*も同様の傾向を示した。*E. albertii*の主要な病原因子である *eae* と *cdt* については、鳥由来株では高い割合で保有されているのに対して^{13, 18)}、Maheuxらが報告¹¹⁾した環境水由来株からは *eae* が確認されておらず、これまで環境水由来株がヒトへ感染性を有するのかどうかは不明であった。本研究で分離した菌株はいずれも病原因子として *cdt* に加えて *eae* を保有していた。これらの結果から、環境水由来株の生化学的性状、薬剤感受性および病原因子の保有状況はヒト由来株と相違がなく、環境水由来株は鳥由来株と同様にヒトへの感染性を有することが示唆された。

PFGEによる分子疫学解析では、*E. albertii* のPFGEパターンは多様であったが、一部の環境水由来株にヒト由来株と近縁な菌が存在することを示した(Fig. 2)。過去には湧水や井戸水が原因と推定される食中毒事例も確認されていることから¹⁹⁾、環境水中の *E. albertii* は直接あるいは食品等を介して間接的にヒトに感染する可能性がある。また、鳥由来株の一部においても、ヒト由来株とPFGEパターンが類似していることが報告されており¹⁸⁾、環境水の汚染源としては野鳥等が想定される。しかしながら、分子疫学解析で示された環境水由来の *E. albertii* の遺伝的多様性から、様々な汚染源が存在することも考えられる。今後、ヒトへの感染経路の解明のためには、環境水由来株と野鳥などの野生動物や食品に由来する菌株との比較も必要と考えられる。

要 約

河川等の環境水から新規の食中毒原因菌である *E. albertii* を検出した。環境水由来の *E. albertii* もヒト由来株と同様に病原因子を保有し、その性状の類似性や分子疫学解析から、ヒト由来株との関連が示唆された。これにより、環境水が *E. albertii* のヒトへの感染経路の一端を担っている可能性が示された。

文 献

- 1) 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).
- 2) Brandal, L. T., Tunsjø, H. S., Ranheim, T. E., Løbersli, I., Lange, H., Wester, A. L.: Shiga toxin 2a in *Escherichia albertii*. J. Clin. Microbiol., **53**, 1454-1455 (2015).
- 3) Hinenoya, A., Ichimura, H., Awasthi, S. P., Yasuda, N., Yatsuyanagi, J. and Yamasaki, S.: Phenotypic and molecular characterization of *Escherichia albertii*: Further surrogates to avoid potential laboratory misidentification.

- tion. *Int. J. Med. Microbiol.*, **309**, 108–115 (2019).
- 4) 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).
 - 5) 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).
 - 6) Kim, J.H., Kim, J.C., Choo, Y.A., Jang, H. C., Choi, Y. H., Chung, J. K., Cho, S. H., Park, M. S. and Lee, B. K.: Detection of cytolethal distending toxin and other virulence characteristics of enteropathogenic *Escherichia coli* isolates from diarrheal patients in Republic of Korea. *J. Microbiol. Biotechnol.*, **19**, 525–529 (2009).
 - 7) Konno, T., Kashio, H., Takahashi, S., Suzuki, S. and Kumagai, Y.: Detection of a quinolone resistance mutation in *gyrA* in *Escherichia albertii*, *Jpn. J. Infect. Dis.*, **73**, 83–84 (2020).
 - 8) Konno, T., Yatsuyanagi, J., Takahashi, S., Kumagai, Y., Wada, E., Chiba, M. and Saito, S.: Isolation and identification of *Escherichia albertii* from a patient in an outbreak of gastroenteritis. *Jpn. J. Infect. Dis.*, **65**, 203–207 (2012).
 - 9) Maeda, E., Murakami, K., Okamoto, F., Etoh, Y., Sera, N., Ito, K. and Fujimoto, S.: Nonspecificity of primers for *Escherichia albertii* detection. *Jpn. J. Infect. Dis.*, **67**, 503–505 (2014).
 - 10) 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).
 - 11) Maheux, A. F., Boudreau, D. K., Bergeron, M. G. and Rodriguez, M. J.: Characterization of *Escherichia fergusonii* and *Escherichia albertii* isolated from water. *J. Appl. Microbiol.*, **117**, 597–609 (2014).
 - 12) Maheux, A. F., Brodeur, S., Bérubé, È., Boudreau, D. K., Abed, J. Y., Boissinot, M., Bissonnette, L. and Bergeron, M. G.: Method for isolation of both lactose-fermenting and - non-fermenting *Escherichia albertii* strains from stool samples. *J. Microbiol. Methods*, **154**, 134–140 (2018).
 - 13) Murakami, K., Maeda-Mitani, E., Kimura, H., Honda, M., Ikeda, T., et al.: Non-biogroup 1 or 2 strains of the emerging zoonotic pathogen *Escherichia albertii*, their proposed assignment to biogroup 3, and their commonly detected characteristics. *Front. Microbiol.*, **10**, article 1543 (2019).
 - 14) 村上光一, 大石和徳, 伊豫田 淳, 大西 真, 深田真美ら: Vero毒素産生株が散見される新興感染症原因菌 *Escherichia albertii* について. *病原微生物検出情報*, **37**, 98–100 (2016).
 - 15) Nataro, J. P., Bopp, C. A., Fields, P. I., Kaper, J. B. and Nancy A.: *Escherichia, Shigella, and Salmonella*: Manual of clinical microbiology 9th edition. Murray P. R. and Baron, E. J. (eds.), p. 670–687, ASM Press, Washington D. C. (2007).
 - 16) Nielsen, K. L., Godfrey, P. A., Stegger, M., Andersen, P. S., Feldgarden, M. and Frimodt-Møller, N.: Selection of unique *Escherichia coli* clones by random amplified polymorphic DNA (RAPD): Evaluation by whole genome sequencing. *J. Microbiol. Methods*, **103**, 101–103 (2014).
 - 17) Nimri, L. F.: *Escherichia albertii*, a newly emerging enteric pathogen with poorly defined properties. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.*, **77**, 91–95 (2013).
 - 18) 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).
 - 19) 大岡唯祐: 新興下痢症原因菌 *Escherichia albertii*. *日本食品微生物学会雑誌*, **34**, 151–157 (2017).
 - 20) Ooka, T., Seto, K., Kawano, K., et al.: Clinical significance of *Escherichia albertii*. *Emerg. Infect. Dis.*, **18**, 488–492 (2012).
 - 21) 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).
 - 22) Scheutz, F., Teel, L. D., Beutin, L., Piérard, D., Buvens, G., et al.: Multicenter evaluation of a sequence-based protocol for subtyping Shiga toxins and standardizing Stx nomenclature. *J. Clin. Microbiol.*, **50**, 2951–2963 (2012).
 - 23) 寺田 翔, 三宅英美, 浦瀬太郎: 異なる水環境から単離した大腸菌の抗生物質耐性プロファイル. *水環境学雑誌*, **35**, 73–80 (2012).
 - 24) Tóth, I., Hérault, F., Beutin, L. and Oswald, E.: Production of cytolethal distending toxins by pathogenic *Escherichia coli* strains isolated from human and animal sources: establishment of the existence of a new *cdt* variant (Type IV). *J. Clin. Microbiol.*, **41**, 4285–4291, (2003).
 - 25) 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).