

平成 29 年度人獣共通感染症調査報告書

名古屋市で飼育されている猫の糞便中の病原性大腸菌の保有調査

1. はじめに

大腸菌は基本的には非病原性で種々の動物の腸管常在菌であるが、病原性大腸菌と呼ばれる一部の菌株は人や動物に対して病原性を示す。病原性大腸菌は下痢原性大腸菌（腸管内病原性大腸菌）と腸管外病原性大腸菌に大別される。人における腸管出血性大腸菌 O157 などに代表される下痢原性大腸菌は汚染された水や飲食物を介した経口感染がほとんどであり、家畜の排泄物に汚染された水や食肉などを介して人や動物に食中毒や重症の場合は溶血性尿毒症症候群（HUS）を併発するなどを引き起こす人獣共通感染症として知られている。一方、腸管外病原性大腸菌は非経口的に感染し、人や動物において感染臓器に障害を及ぼすことが知られている。

人の身近な存在である伴侶動物は人獣共通感染症の伝搬に寄与する可能性があるため、伴侶動物において病原性大腸菌の保有状況を知ることは重要である。昨年度、人獣共通感染症調査として名古屋市で飼育されている犬の糞便中の病原性大腸菌の保有調査を行った。結果として、犬 112 頭のうち下痢原性病原遺伝子は 9 頭（8.0%）、腸管外病原性遺伝子は 83 頭（74.1%）が検出され、少なくとも名古屋市の飼い犬は下痢原性大腸菌の人にとって主要なリザーバーではないことが示唆された。一方、伴侶動物として猫の飼育頭数は犬を上回り¹、同調査の必要性は増している。猫の糞便中に病原性大腸菌を保有していることは分かっているが、下痢を起こしている犬、猫等から分離された病原大腸菌の血清型は、人下痢症の主要な血清型とは異なるという報告^{2,3}、あるいは下痢をしている伴侶動物の犬から人の腸管病原性大腸菌が分離されたという報告⁴もあり、伴侶動物と人の関連性については、十分に分かっていない^{5,6,7}。

今回、効果的な人獣共通感染症対策に資することを目的に、名古屋市内で飼育されている猫の飼養実態調査とともに、下痢原性大腸菌および腸管外病原性大腸菌の分布状況について調査したので、その公衆衛生上の知見を報告する。

2. 材料と方法

2.1. 検体

平成 29 年 10 月 23 日～11 月 10 日までの期間に、名古屋市内の動物病院に来院した猫の直腸スワブ 112 検体（各区 7 検体）を供試した。糞便中の病原性大腸菌検査は、鳥取大学農学部共同獣医学科に検査委託した。

2.2. 大腸菌の分離及び同定

スワブを DHL 寒天培地（栄研化学）に塗抹後に一晚培養し、典型的な性状を示す赤色コロニーを採取した。さらに、そのコロニーをクロモアガーオリエンタシオン培地（関東化学）に塗抹後培養し、典型的な性状を示す薄紫色コロニーを採取した。その後、市販の菌種同定キットである Api20E（シスメックス・バイオメリュウ）を用いて、採取した菌株（1 菌株/検体）を大腸菌と同定した。同定後の菌株は 10% スキムミルクに浮遊させた後に、-80℃にて保管した。

2.3. PCR による病原性遺伝子の検出

保管しておいた菌株を寒天培地に塗抹し得られたコロニーを 3~4 個採取した。そのコロニーを滅菌蒸留水に浮遊させ 10 分間煮沸処理を行った。その後、12000 rpm で 5 分間遠心処理を行い得られた上清を DNA テンプレートとした。

下痢原性病原遺伝子の検出は、Fujioka らのプロトコール⁸に準拠したマルチプレックス PCR により行った。合計 25 μ l の PCR 混合液とし、その組成には 5.0 μ l の DNA テンプレート、1 $\times$ ExTaq Buffer、2.0 mM MgCl₂、200 μ M dNTP、0.25 μ M *stx1* フォワード/リバープライマー (F/R)、0.20 μ M *stx2* F/R、0.25 μ M *eae* F/R、0.25 μ M *bfpA* F/R、0.20 μ M *aggR* F/R、0.10 μ M *elt* F/R、0.20 μ M *esth* F/R、0.5 μ M *estp* F/R、0.50 μ M *invE* F/R、0.25 μ M *astA* F/R 及び 1.25 U ExTaq (タカラバイオ) が含有された。PCR の条件は、初期熱変性 94 $^{\circ}$ C 1 分の後、熱変性、アニーリングおよび伸長反応をそれぞれ 94 $^{\circ}$ C で 1 分、55 $^{\circ}$ C で 1 分、72 $^{\circ}$ C で 1 分を 1 セットとして 35 サイクル行い、最終伸張は 72 $^{\circ}$ C で 10 分実施した。全ての PCR 産物は、エチジウム・ブロマイドを添加した 2%アガロースゲルで電気泳動を行い、UV トランスイルミネーターを用いて目的とする遺伝子断片の増幅が確認されたものを陽性と判定した。各プライマーの遺伝子配列および産物の大きさは表 1 に示した通りである。

表 1. 下痢原性病原遺伝子検出用プライマー

対象遺伝子	プライマー名	塩基配列 (5'末端から 3'末端)	PCR 産物の大きさ (bp)
<i>stx1</i>	stx1F	AGTTAATGTGGTGGCGAAGG	347
	stx1R	CACCAGACAATGTAACCGC	
<i>stx2</i>	stx2 F	TTCGGTATCCTATTCCCGG	589
	stx2 R	CGTCATCGTATACACAGGAG	
<i>eae</i>	eae F	CCCGAATTTCGGCACAAGCATAAGC	881
	eae R	CCCGGATCCGTCTCGCCAGTATTCTG	
<i>bfpA</i>	bfpA F	AATGGTGCTTGCGCTTGCTGC	324
	bfpA R	GCCGCTTTATCCAACCTGGTA	
<i>aggR</i>	aggR F	GTATACACAAAAGAAGGAAGC	254
	aggR R	ACAGAATCGTCAGCATCAGC	
<i>elt</i>	elt F	AACGTTCCGGAGGTCTTATG	511
	elt R	CAACCTTGTTGGTGCATGATG	
<i>esth</i>	esth F	TTCACCTTTCCCTCAGGATG	172
	esth R	ATAGCACCCGGTACAAGCAG	
<i>estp</i>	estp F	ACTGAATCACTTGACTCTTCA	120
	estp R	TCACAGCAGTAAAATGTGTTGT	
<i>invE</i>	invE F	GCAGGAGCAGATCTTGAAG	208
	invE R	GAAAGGCACGAGTGAAGTTTC	
<i>astA</i>	astA F	CCATCAACACAGTATATCCG	101
	astA R	ACGGCTTTGTAGTCCTTCCA	

腸管外病原性遺伝子の検出は、Yamamoto らのプロトコール⁹に準拠したマルチプレックス PCR によ

り行った。合計 25 μ l の PCR 混合液とし、その組成には 2.5 μ l の DNA テンプレート、1 $\times$ ExTaq Buffer、1.25 mM MgCl₂、250 μ M dNTP、0.4 μ M *pap* F/R、0.4 μ M *sfa* F/R、0.4 μ M *afa* F/R、0.6 μ M *hly* F/R、0.4 μ M *aer* F/R、0.4 μ M *cnf* F/R 及び 1.0 U ExTaq（タカラバイオ）が含有された。PCR の条件は、初期熱変性 94°C 3 分の後、熱変性、アニーリングおよび伸長反応をそれぞれ 94°C で 1 分、63°C で 30 秒、72°C で 3 分を 1 セットとして 30 サイクル行い、最終伸張は 72°C で 7 分実施した。全ての PCR 産物は、エチジウム・ブロマイドを添加した 2% アガロースゲルで電気泳動を行い、UV トランスイルミネーターを用いて目的とする遺伝子断片の増幅が確認されたものを陽性と判定した。各プライマーの遺伝子配列および産物の大きさは表 2 に示した通りである。

表 2. 腸管外病原性遺伝子検出用プライマー

対象遺伝子	プライマー名	塩基配列 (5'末端から 3'末端)	PCR 産物の大きさ (bp)
<i>pap</i>	<i>pap</i> 3	GCAACAGCAACGCTGGTTGCATCAT	336
	<i>pap</i> 4	AGAGAGAGCCACTCTTATACGGACA	
<i>sfa</i>	<i>sfa</i> 1	CTCCGGAGAACTGGGTGCATCTTAC	410
	<i>sfa</i> 2	CGGAGGAGTAATTACAAACCTGGCA	
<i>afa</i>	<i>afa</i> 1	GCTGGGCAGCAAACCTGATAACTCTC	750
	<i>afa</i> 2	CATCAAGCTGTTTGTTCGTCCGCCG	
<i>hly</i>	<i>hly</i> 1	AACAAGGATAAGCACTGTTCTGGCT	1177
	<i>hly</i> 2	ACCATATAAGCGGTCATTCCCGTCA	
<i>aer</i>	<i>aer</i> 1	TACCGGATTGTCATATGCAGACCGT	602
	<i>aer</i> 2	AATATCTTCCTCCAGTCCGGAGAAG	
<i>cnf</i>	<i>cnf</i> 1	AAGATGGAGTTTCCTATGCAGGAG	498
	<i>cnf</i> 2	CATTCAGAGTCCTGCCCTCATTATT	

2.4. 調査対象猫の環境調査

調査対象となる猫について、以下の調査を実施した。

(1) 飼育動物

- ① 品種（猫種）
- ② 性別：☐雄 ☐雌 ☐去勢雄 ☐避妊雌
- ③ 年齢
- ④ マイクロチップ：☐装着 ☐装着無し ☐不明
- ⑤ ウイルス感染：☐FeLV（猫白血病ウイルス） ☐FIV（猫免疫不全ウイルス） ☐陰性 ☐不明
- ⑥ 混合ワクチン接種歴：☐接種（1 年以内） ☐接種（3 年以内） ☐未接種 ☐不明
- ⑦ 消化器疾患以外の既往歴
- ⑧ 抗生物質の投与歴：☐有 ☐無 ☐不明
- ⑨ 現在の食欲：☐食欲あり ☐食欲なし

⑩ 便の状態：□良便 □下痢便

(2) 飼育状況

① 飼育場所：□完全室内飼育 □室内と屋外を出入り □完全屋外飼育

② 食餌内容：□ドライフード □ウエットフード □ドライフードとウエットフード □その他

③ トイレの場所：□室内 □屋外 □室内と屋外

④ 同居の動物：□犬 □猫 □犬と猫 □その他

(3) 飼育者の住居

① 住居区

② 住居：□一戸建 □マンション・アパート □その他

(4) 飼育者と飼育動物との関係（これまで経験のあるものを回答）

① 飼育動物に咬まれる：□有 □無

② 飼育動物に引っかかる：□有 □無

③ 飼育動物と同じ箸やスプーンを使って食事をする、キスをする：□有 □無

④ 飼育動物と同じ寝具で眠る：□有 □無

2.5. 統計

病原性大腸菌の陽性率に関連する因子の抽出として、陽性群と陰性群に分けて 2 群間の飼育動物と飼育状況の各調査項目について単変量解析で評価した。各因子は自然区分により 2 区分変数に変換し、フィッシャーの正確確率検定を行い、 $p < 0.05$ を有意水準とした。

3. 結果

3.1. 猫糞便における大腸菌の保有状況

採取された猫直腸スワブ 112 検体のうち 97 検体から大腸菌が分離された。

3.2. 猫糞便由来大腸菌における下痢原性病原遺伝子の保有状況

下痢原性病原遺伝子の検出結果を表 3 に記載する。分離された 97 株の糞便由来大腸菌のうち、*astA*（耐熱性毒素遺伝子）のみを有するその他の病原性大腸菌が 6 株（6.2%）検出された。

表 3. 猫糞便由来大腸菌 97 株における下痢原性病原遺伝子の保有状況

EHEC		EPEC		EAggEC		ETEC		EIEC	Others
<i>stx1</i>	<i>stx2</i>	<i>eae</i>	<i>bfpA</i>	<i>aggR</i>	<i>elt</i>	<i>esth</i>	<i>estp</i>	<i>invE</i>	<i>astA</i>
0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	6 (6.2)

EHEC：腸管出血性大腸菌、EPEC：腸管病原性大腸菌、EAggEC：腸管凝集付着性大腸菌、ETEC：腸管毒素原性大腸菌、EIEC：腸管侵入性大腸菌、Others：他の下痢原性大腸菌

3.3. 猫糞便由来大腸菌における腸管外病原性遺伝子の保有状況

腸管外病原性遺伝子の検出結果を表 4 に記載する。調査対象とした遺伝子のうち、*sfa*（S 線毛）が最も多く検出され、95 株（97.9%）が保有していた。次いで、*cnf*（細胞毒性壊死因子）が 66 株（68.0%）

に、*pap*（腎盂腎炎関連線毛）が 38 株（39.2%）に、*aer*（エアロバクチン）が 12 株（12.4%）に、*hly*（ヘモリシン）が 56 株（57.7%）に、それぞれ検出された。

表 4. 猫糞便由来大腸菌 97 株における腸管外病原性遺伝子の保有状況

<i>pap</i>	<i>sfa</i>	<i>afa</i>	<i>hly</i>	<i>aer</i>	<i>cnf</i>
38 (39.2)	95 (97.9)	0 (0)	56 (57.7)	12 (12.4)	66 (68.0)

3.4. 調査票の集計

(1) 飼育動物

- ① 品種：日本猫または雑種 98 頭、アメリカンショートヘア 3 頭、ベンガル 3 頭、ソマリ 2 頭、アメリカンカール、ラグドール、ブリティッシュショートヘア、メインクーン、スコティッシュフォールド、アビシニアン各 1 頭であった。
- ② 性別：雄 16 頭（14.3%）、雌 16 頭（14.3%）、去勢雄 40 頭（35.7%）、避妊雌 40 頭（35.7%）であった。
- ③ 年齢：中央値 6.0 歳（範囲 0.3～20.3 歳）であった。
- ④ マイクロチップ：装着 8 頭（7.1%）、装着無し 98 頭（87.5%）、不明 7 頭（5.4%）であった。
- ⑤ ウイルス感染：FeLV（猫白血病ウイルス）2 頭（1.8%）、FIV（猫免疫不全ウイルス）1 頭（0.9%）、FeLV と FIV 1 頭（0.9%）、陰性 8 頭（7.1%）、不明 100 頭（89.3%）であった。
- ⑥ 混合ワクチン接種歴：接種（1 年以内）72 頭（64.3%）、接種（3 年以内）14 頭（12.5%）、未接種 19 頭（16.9%）、不明 7 頭（6.3%）であった。
- ⑦ 消化器疾患以外の既往歴：有が 50 頭（44.6%）でその内訳は 慢性腎臓病 11 頭（うち 1 頭は膀胱炎併発）、猫伝染性鼻気管炎 7 頭、皮膚疾患 6 頭、糖尿病 2 頭、口内炎 2 頭、腫瘍 2 頭、骨折 2 頭、尿閉塞 2 頭、外傷 2 頭、結膜炎、免疫介在性貧血、子宮水腫、疥癬、猫ヘルペスウイルス感染症、尿石症、腎結石、腎結石とマンソン裂頭条虫症、肛門囊炎とマンソン裂頭条虫症、便秘、膀胱炎、心疾患、尿石症、甲状腺機能亢進症が各 1 頭であった。
- ⑧ 抗生物質の投与歴：有 55 頭（49.1%）、無 47 頭（42.0%）、不明 10 頭（8.9%）であった。
- ⑨ 現在の食欲：食欲あり 106 頭（94.6%）、食欲なし 6 頭（5.4%）であった。
- ⑩ 便の状態：良便 105 頭（93.8%）、下痢便 7 頭（6.3%）であった。

(2) 飼育状況

- ① 飼育場所：完全室内飼育 94 頭（83.9%）、室内と屋外を出入り 15 頭（13.4%）、完全屋外飼育 3 頭（2.7%）であった。
- ② 食餌内容：ドライフード 58 頭（51.8%）、ウェットフード 2 頭（1.8%）、ドライフードとウェットフード 52 頭（46.4%）であった。
- ③ トイレの場所：室内 99 頭（88.4%）、屋外 5 頭（4.5%）、室内と屋外 8 頭（7.1%）であった。
- ④ 同居の動物：犬 10 頭（8.9%）、猫 58 頭（51.8%）、犬と猫 10 頭（8.9%）、その他 7 頭（6.3%）、無 27 頭（24.1%）であった。

(3) 飼育者の住居

- ① 住居：一戸建 78 頭（69.6%）、マンション・アパート 34 頭（30.4%）であった。

(4) 飼育者と飼育動物との関係（これまで経験のあるものを回答）

- ① 飼育動物に咬まれる：有 40 頭（35.7%）、無 72 頭（64.3%）であった。
- ② 飼育動物に引っかかる：有 60 頭（53.6%）、無 52 頭（46.4%）であった。
- ③ 飼育動物と同じ箸やスプーンを使って食事をする、キスをする：有 18 頭（16.1%）、無 94 頭（83.9%）であった。
- ④ 飼育動物と同じ寝具で眠る：有 69 頭（61.6%）、無 43 頭（38.4%）であった。

3.5. 猫糞便由来大腸菌における下痢原性病原遺伝子の保有状況と環境要因

下痢原性病原遺伝子の保有状況と環境要因との関連を表 5 に示す。下痢原性病原遺伝子の保有状況と環境要因に有意な関連性を認めなかった。

4. 考察

今回、調査した名古屋市の飼育猫においては、分離された 97 株の大腸菌のうち 6 株（6.2%）で下痢原性病原遺伝子が検出され、いずれも耐熱性毒素遺伝子（astA）であった。これまで猫の下痢原性大腸菌の保有状況に関する報告は少ないが、東京都の調査では、動物飼養施設において腸管毒素原性大腸菌（ETEC）が 44 頭中 8 頭（15.9%）で検出された⁵。今回の結果と比較すると保有率や遺伝子が異なるが、このような傾向の違いの要因として、地域差によるもの（東京都と名古屋市）や調査対象施設（主として動物飼養施設と動物病院）が異なることが考えられる。また、同報告の中では動物飼養施設内（ブリーダーなど）の猫間で下痢原性大腸菌の水平伝播が生じることも併せて報告されているが、今回の調査では 84%と多数が室内飼育であるものの同居動物の存在が保有率に影響を示さなかった。このことから、少なくとも室内飼育である伴侶動物の環境下では水平伝播の影響はそれほど重要ではないと考えられるが、同時に他の動物との接触がない猫であっても保有する可能性があることを留意すべきであろう。片岡らの報告では、614 頭の伴侶動物（犬および猫）の腸管出血性大腸菌（EHEC）の保有状況は Stx1 が 6 頭（1.0%）、Stx2 が 3 頭（0.5%）であり、このうち O157:H7 は 1 頭（0.2%）しか検出されていない¹⁰。猫の内訳は不明であるが、伴侶動物における下痢原性大腸菌の保有率は低く、今回の結果からも下痢原性大腸菌の感染源になる可能性が低いことが示唆される。

腸管外病原性遺伝子は分離された 97 株の糞便由来大腸菌のうち sfa（S 線毛）が最も多く検出され、95 株（97.9%）が保有していた。次いで、cnf（細胞毒性壊死因子）が 66 株（68.0%）に、pap（腎盂腎炎関連線毛）が 38 株（39.2%）に、aer（エアロバクチン）が 12 株（12.4%）に、hly（ヘモリシン）が 56 株（57.7%）に、それぞれ検出された。国内の猫 30 頭において、pil（Type 1 pilus）、pap、hly、cnf、sfa、aer 及びの保有率はそれぞれ 90%、52%、48%、47%、47%及び 10%であったとの報告がある⁶。これは今回の調査結果と比較すると保有率が各遺伝子型で異なるが、腸管外病原性遺伝子を高率に保有するという点で類似している。また、昨年度の名古屋市の飼い犬を対象とした同様の調査では腸管外病原性遺伝子を 74.1%が保有していたが¹¹、猫では犬と同等以上に腸管外病原性大腸菌を保有する可能性が高いことが今回の調査で示された。飼い猫が保有する腸管外病原性大腸菌が人に伝播し感染症を発症させたことを直接的に証明した報告は現時点では存在しないが、飼い犬と家族間の共有化を証明した報告は少なからず存在している^{7,12,13}。そのため、人にとって猫は犬と同様に腸管外病原性大腸菌のリザーバーとして重要であると考えられる。飼育者と飼育動物との関係の調査では猫は犬と比較して¹¹「寝具を

共にする経験」を除いてはいずれ過度な接触傾向を示さなかったものの、猫が保有する可能性がある人畜共通感染症としてサルモネラ症、カンピロバクター症、トキソプラズマ症なども重要である¹⁴。したがって、家庭内での伝播を可能な限り低減させるためにも、日々の家庭内での衛生管理（手指消毒やこまめなトイレの清掃など）だけでなく、同じ寝具で眠るなど動物との過度な接触を避けることを心がけることが推奨される。

表 5. 下痢原性病原遺伝子の保有状況と環境要因

要因		全体	大腸菌検出	下痢原性病原遺伝子		
				陽性数		<i>p</i> 値
飼育動物						
品種	純血種	14	11	1	9.1%	0.52
	雑種	98	86	5	5.8%	
性別	雄	56	47	3	6.4%	1.00
	雌	56	50	3	6.0%	
中性化	無	32	30	2	6.7%	1.00
	有	80	67	4	6.0%	
年齢	≤5 歳	55	51	4	7.8%	0.68
	>5 歳	57	46	2	4.3%	
マイクロチップ	無	98	84	5	6.0%	1.00
	有	8	8	0	0.0%	
ワクチン：混合	無（>3 年）	19	12	0	0.0%	1.00
	有	86	78	4	5.1%	
FIV/FeLV 感染	無	8	7	0	0.0%	-
	有	4	3	0	0.0%	
既往疾患	無	62	56	2	3.6%	0.24
	有	50	41	4	9.8%	
抗生物質の使用歴	無	47	43	1	2.3%	0.36
	有	55	44	4	9.1%	
食欲	無	6	4	0	0.0%	1.00
	有	106	93	6	6.5%	
下痢	無	105	92	5	5.2%	0.28
	有	7	5	1	20.0%	
飼育状況						
飼育環境	完全室内	94	82	6	7.3%	0.59
	他	18	15	0	0.0%	
食餌	完全ドライ	58	50	4	8.0%	0.68
	他	54	47	2	4.3%	
トイレ環境	完全室内	99	87	6	6.9%	1.00
	他	13	10	0	0.0%	
他の同居動物	無	27	22	3	13.6%	0.13
	有	85	75	3	4.0%	

† 有意水準、p<0.05

5. 参考文献

1. 一般社団法人 ペットフード協会. 平成 29 年 (2017 年) 全国犬猫飼育実態調査, 2017.
2. Sancak AA, Rutgers HC, Hart CA, Batt RM. Prevalence of enteropathic *Escherichia coli* in dogs with acute and chronic diarrhoea. *Vet Rec.* 24: 101-106, 2004.
3. Dho-Moulin M1, Fairbrother JM. Avian pathogenic *Escherichia coli* (APEC). *Vet Res.* 30: 299-316, 1999.
4. Rodrigues J, Thomazini CM, Lopes CA, Dantas LO. Concurrent infection in a dog and colonization in a child with a human enteropathogenic *Escherichia coli* clone. *J Clin Microbiol.* 42: 1388-1389, 2004.
5. 畠山薫, 奥野ルミ, 小西典子, 下島優香子, 尾畑浩魅, 遠藤美代子, 柳川義勢. ペット動物における病原大腸菌の保有実態調査. *東京健安研セ年報.* 57: 77-81, 2006.
6. Yuri K, Nakata k, Katae H, Yamamoto S, Hasegawa A. Distribution of uropathogenic virulence factors among *Escherichia coli* strains isolated from dogs and cats. *J Vet Med Sci.* 60: 287-290, 1998.
7. Harada K, Okada E, Shimizu T, Kataoka Y, Sawada T, Takahashi T. Antimicrobial resistance, virulence profiles, and phylogenetic groups of fecal *Escherichia coli* isolates: A comparative analysis between dogs and their owners in Japan. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 35: 139-144, 2012.
8. Fujioka M, Otomo Y, Ahsan CR. A novel single-step multiplex polymerase chain reaction assay for the detection of diarrheagenic *Escherichia coli*. *J Microbiol Methods.* 92: 289-92, 2013.
9. Yamamoto S, Terai A, Yuri K, Kurazono H, Takeda Y, Yoshida O. Detection of urovirulence factors in *Escherichia coli* by multiplex polymerase chain reaction. *FEMS Immunol Med Microbiol.* 12: 85-90, 1995.
10. Kataoka Y, Irie Y, Sawada T, Nakazawa M. A 3-year epidemiological surveillance of *Escherichia coli* O157:H7 in dogs and cats in Japan. *J Vet Med Sci.* 72: 791-4, 2010.
11. 名古屋市. 平成 28 年度人獣共通感染症調査報告書 名古屋市で飼育されている犬の糞便中の病原性大腸菌の保有調査, 2017.
12. Johnson JR, Clabots C. Sharing of virulent *Escherichia coli* clones among household members of a woman with acute cystitis. *Clin Infect Dis.* 43: e101-108, 2006.
13. Bélanger L, Garenaux A, Harel J, Boulianne M, Nadeau E, Dozois CM. *Escherichia coli* from animal reservoirs as a potential source of human extraintestinal pathogenic *E. coli*. *FEMS Immunol Med Microbiol.* 62: 1-10, 2011.
14. 環境省自然環境局. 人と動物の共通感染症に関するガイドライン, 2007.