

資料

広島県内の家畜, 家禽およびペット動物における 人畜共通感染症起因菌の検出状況

井上 佳織, 山田 圭一, 東久保 靖, 竹田 義弘, 小川 博美

Isolation of the Zoonosis in the Domestic Animals, the Domestic Fowls and the Pet Animals in Hiroshima Prefecture

KAORI INOUE, KEIICHI YAMADA, YASUSHI TOKUBO, YOSHIHIRO TAKEDA and HIROMI OGAWA

(Received Oct.30, 2000)

県内の家畜, 家禽およびペット504検体について人畜共通感染症, なかでも飲食物を媒介とする感染症起因菌の保有状況を調査した。検出率は病原大腸菌36.5%, カンピロバクター13.7%, サルモネラ7.1%, リステリア0.8%, クリプトスポリジウム0.7%であった。

病原大腸菌は多くの血清型が広く動物に定着していることが明らかにされた。Vero毒素産生性大腸菌は牛1頭において確認され, VT1, VT2および*eaeA*遺伝子が検出された。サルモネラは鶏由来株が多く, *S. Infantis*が殆どを占めた。カンピロバクターは, 牛および鶏では*C. jejuni*が, 豚では*C. coli*が多かった。サルモネラおよびカンピロバクターの検出率は鶏では特定の生産農場で高かった。*L. monocytogenes*は血清型が1/2aであったことからヒト由来株などとの関連性が示唆された。原虫は*C. muris*および*C. baileyi*などが検出された。

キーワード: 食中毒細菌, 食品媒介感染症, 動物保菌

緒言

人畜共通感染症には食中毒など食品を媒介とする感染症が知られている[1]。なかでも我国の細菌性食中毒において, サルモネラ, 病原大腸菌およびカンピロバクターによる食中毒事件数は, 過去10年間上位を占めている[2]。

サルモネラ (*Salmonella* spp.) による食中毒は発生件数および患者数で1位を占め, 原因の血清型には鶏卵を感染源とする*S. Enteritidis*が多い[2-4]。

病原大腸菌 (*Enteropathogenic Escherichia coli*) はその発症機序に基づき5~6種類のカテゴリーに分類されている[5-6]。そのうち腸管出血性大腸菌による最初の集団食中毒(1982年, 米国)の原因食品が牛挽肉ハンバーガーであったためか, 牛について多くの疫学調査が行われてきた[7]。

カンピロバクター (*Campylobacter jejuni/coli*) による食中毒は一人事例の事件数の増加とともに増え, その原因食品は鶏肉が最も多い[1-2, 8]。

リステリア菌 (*Listeria monocytogenes*) による食品を原因とする感染症の発生は我国では認められていないが, 本菌はその特性上乳製品など低温流通食品の衛生管理において重視されている[9-12]。

寄生虫では, クリプトスポリジウムおよびランブル鞭毛虫 (*Giardia lamblia*) などの原虫による水系感染症が危惧されている[13-15]。我国においても, *Cryptosporidium parvum* のオーシストが公共水道および受水槽に混入し, 大規模な集団感染症を引き起こした[13-14]。

食品などを媒介とする感染症起因菌は, 動物の糞便などを介して乳肉および鶏卵などの畜産食品を汚染することが多い[1, 7]。したがって, これら起因菌による感染症の原因究明および発生予測を行い, 感染防止に役立てるためには, 家畜などの保菌実態の把握が必要となる。そこで, 県内の牛, 豚および鶏ならびにヒトと身近な環境に住む犬および猫を対象として, 人畜共通感染症の原因菌であるサルモネラ, 病原大腸菌, カンピロバクターおよびリステリア, また, 水系汚染が懸念されるクリプトスポリジウムおよびジアルジアについて分布状況を調査し, その実態を明らかにした。

材料および方法

1. 調査対象

平成10年4月~平成12年3月の2年間に県内の食肉処理場, 食鳥処理場および動物愛護センターに搬入された

牛, 豚, 鶏(ブロイラー), 犬および猫について, 1回の検査に5~10個体(豚および鶏は出荷産地単位別に)を無作為に選び, 糞便および枝肉を検体として供試した。糞便については, 牛および豚は直腸便を, 鶏は盲腸便を, 犬および猫は排泄便を各々無菌的に採取した。枝肉は, 拭取り検査キット(エルメックス)を用い, 牛および豚の胸部100cm²を10mlの希釈液に拭取り検体とした。

調査菌種は, 糞便および枝肉については病原大腸菌, サルモネラ, カンピロバクターおよびリステリア, 糞便についてはクリプトスポリジウムおよびジアルジアとした。

供試材料は, 牛106, 豚100, 鶏106, 犬71, 猫43の糞便および枝肉78(牛38, 豚40)の総計504検体について調査した。

2. 検査方法

各細菌の検査法は常法に準じた[16-19]。供試した検体量は, 糞便1gおよび枝肉の拭取り液1mlとし, これらを各増菌培地に接種した。

(1) 病原大腸菌

検体(約1g)をEC培地(Becton Dickinson and Company)10mlに接種し44.5℃24h増菌培養後, DHL寒天培地(日水)で35℃24h分離培養した。また, 血清型O157を分離する目的でノボピオシン加mEC培地(極東)10mlに検体を接種し, 42℃24h増菌培養後CHROMagar O157(Chrom agar)で35℃24h分離培養した。各分離培地から大腸菌の定型コロニーおよびO157が疑われるコロニーを1検体につき5個釣菌し, 確認培地(TSI寒天培地(日水), LIM培地(日水), シモンズクエン酸塩培地(極東))で35℃24h培養した。大腸菌の一般的性状と一致した株については, 病原大腸菌免疫血清(デンカ生研)を用い血清型別を行った。

ベロ毒素の産生は, CAYE培地に菌を接種し37℃24h振盪培養後, その培養液を15,000rpm, 5min遠心し, その上清で大腸菌ベロトキシン検出用キット(デンカ生研)を用い検査した。

各病原因子の検出はPCR法によった。検査した病原因子はLT(易熱性毒素遺伝子), STh(耐熱性毒素遺伝子ヒト型), STp(耐熱性毒素遺伝子ブタ型), *invE*および*ipaH*(細胞侵入性遺伝子), VT1およびVT2(ベロ毒素遺伝子)で検出には遺伝子検出用Primer Set(TaKaRa)を用いた。また, *eaeA*(細胞の付着などに関与する遺伝子)[5, 20]の検出にはChinaら[21]が設計した各プライマー(B52: 5'-AGGCTTCGTCACAGTTG-3', B53: 5'-CCATCGTCACCAGAGGA-3')を合成して用いた。Template DNAは分離菌株を滅菌蒸留水に懸濁後10min煮沸抽出したものを使用した。DNAの増幅はサーマルサイクラーPC-700(アステック)を使用し, いずれの病原因子についても変性94℃1min, アニーリング55℃

1min, 伸張72℃1minの条件で35サイクル行った。増幅したDNAは, 2.0%アガロースゲルで電気泳動を行った後, エチジウムブロマイドで染色し紫外線撮影装置(TFP-35M, VILBER LOURMAT)で検出した。

(2) サルモネラ

検体(約1g)をSBGスルファ培地(日水)10mlに接種し42℃24h増菌培養後, MLCB寒天培地(日水)で35℃24h分離培養した。分離培地から定型コロニーを1検体につき5株釣菌し, 確認培地(TSI寒天培地(日水), LIM培地(日水), シモンズクエン酸塩培地(極東))で35℃24h培養した。サルモネラの一般的性状と一致した株については, 免疫血清(デンカ生研)を用い常法により血清型別を行った。また, 必要に応じ生化学性状を追加検査した。

(3) カンピロバクター

増菌培地はブルセラブローズ(Becton Dickinson and Company)にBlaser-Wang(Oxoid)をサプリメントとし, 5%の割合に羊脱線維血液を添加したものを作製し用いた。この増菌培地5mlに検体(約1g)を接種し, 微好気混合ガス(5%CO₂, 10%O₂, 85%N₂)で置換後42℃24h振盪培養した。スキロー寒天培地にて微好気条件下で42℃48h分離培養後, 疑わしいコロニーを1検体につき1株釣菌し, グラム染色および運動性試験を行い, グラム陰性らせん状桿菌, スクリュー運動を示した株について純培養した。純培養は5%羊血液加寒天培地で微好気条件下にて35℃24~48h行った。また, 同時に同一平板上で薬剤感受性試験を行った。薬剤感受性試験は, ナリジクス酸およびセファロチンについてSensi-Disc(Becton Dickinson and Company)を用い1濃度ディスク法で行った。セファロチンに耐性を示した菌株についてオキシゲナーゼ試験, カタラーゼ試験, 馬尿酸分解試験, インドキシル酢酸分解試験を行った。さらに, *C. jejuni*と同定された菌株についてペナーシステム診断用血清(デンカ生研)を用い血清型別を行った。

(4) リステリア

検体(約1g)をUVM培地(Oxoid)に接種し30℃48h増菌培養後, Oxford寒天培地(Oxoid)で35℃48h分離培養した。エスクリン分解陽性の定型コロニーを1検体につき数株釣菌し, TSA培地(Trypticase Soy Agar)で純培養した。リステリアの同定はTSA培地の斜光法による観察, グラム染色, カタラーゼ, 運動性およびVP試験により行った。これらの検査により青緑色のクリスタルガラス様コロニーの確認, グラム陽性短桿菌, カタラーゼおよびVP陽性を確認した。運動性は25℃24hの培養条件で行い, 傘状発育を確認した。次に*L.monocytogenes*の同定は, 溶血性試験, CAMPテストおよび糖分解試験で行った。溶血性試験は5%羊血液加寒天培地を用い35℃24h培養後, 弱いβ溶血反応を確認した。CAMPテ

表1 動物種別の調査菌種検出状況

動物種	検体数	検出率% (検出数/検体数)				
		病原大腸菌	サルモネラ	カンピロバクター	リステリア	クリプトスポリジウム
牛	106	34.9(37/106)	0(0/106)	30.2(32/106)	0(0/106)	0.9(1/106)
豚	100	40.0(40/100)	2.0(2/100)	15.0(15/100)	1.0(1/100)	0(0/100)
鶏	106	47.2(50/106)	27.4(29/106)	18.9(20/106)	0.9(1/106)	0.9(1/106)
犬	71	43.7(31/ 71)	2.8(2/ 71)	2.8(2/ 71)	1.4(1/ 71)	0(0/ 71)
猫	43	25.6(11/ 43)	7.0(3/ 43)	0(0/ 43)	2.3(1/ 43)	2.3(1/ 43)
枝肉	78	19.2(15/ 78)	0(0/ 78)	0(0/ 78)	0(0/ 78)	NT
合計	504	36.5(184/504)	7.1(36/504)	13.7(69/504)	0.8(4/504)	0.7(3/426)

注) NT : 未検査

ストはβリジンディスク (Remel)を用い35℃24h培養後溶血の増強を確認した。糖分解性はラムノース, キシロース, マンニットについて検査した。以上の性状により, *L.monocytogenes*と同定された菌株についてリステリア型別用免疫血清 (デンカ生研) を用い常法により血清型別を行った。

(5) 原虫

糞便1gを2.5%重クロム酸カリウム液7mlに懸濁後, 1mlを10%ホルマリン液7mlで固定しガーゼ2枚で濾過した。この濾過液に酢酸エチル1mlを入れ2,600rpm, 10min遠心した後上清を除去し, 沈渣をスライドガラスに採りKinyounの抗酸染色を行った。全視野を顕鏡しオーシストの形態により同定した。また, 必要に応じ蛍光染色 (Aqua-Glo G/C direct) を行った。

結 果

1. 動物種別の調査菌種検出状況

全検体の結果では, 病原大腸菌が検出率36.5% (184/504) で最も多く, 次いでカンピロバクター13.7% (69/504), サルモネラ7.1% (36/504), リステリア0.8% (4/504) の順であった。クリプトスポリジウムは0.7% (3/426) であった。

動物別の検出率は, 病原大腸菌は鶏が最も高く47.2% (50/106), 次いで犬43.7% (31/71), 豚40.0% (40/100), 牛34.9% (37/106), 猫25.6% (11/43), 枝肉19.2% (15/78) であった。サルモネラについても鶏が最も高く27.4% (29/106) であった。カンピロバクターは牛が最も高く30.2% (32/106), 次いで鶏18.9% (20/106), 豚15.0% (15/100), 犬2.8% (2/71) であった。リステリアは猫2.3% (1/43), 犬1.4% (1/71), 豚1.0% (1/100), 鶏0.9% (1/106) であった。クリプトスポリジウムは猫2.3% (1/43), 牛0.9% (1/106), 鶏0.9% (1/106) であった (表1)。

(1) 病原大腸菌の分離とその血清型および病原因子保有状況

病原大腸菌は184検体から210株が分離され, その血清型は109種類であった。多い血清型は牛ではO128 : H2, O146 : HUT, O28ac : HUTなど29血清型, 豚ではO112ac : H7, O153 : H-, O29 : H-など34血清型, 鶏ではO18 : HUT, O142 : H-, O153 : H-など25血清型, 犬ではO26 : HUT, O153 : H21, O86a : H27など23血清型, 猫ではO153 : H7など11血清型, 牛枝肉ではO28ac : HUTなど4血清型, 豚枝肉ではO114 : HUTなど11血清型が検出された (表2)。

病原因子はVT1, VT2, STp, *eeA*の4種類のいずれかの遺伝子が23株から検出された。VT1およびVT2遺伝子が牛の糞便1検体から検出され, 血清型はO157 : H7であった。STp遺伝子は9株から検出され, 犬の糞便由来株が占める割合が高かった。*eeA*遺伝子は14株から検出され, 牛の糞便, 枝肉, 猫および鶏の糞便の順に多かった。またO157 : H7はVT1, VT2遺伝子の他*eeA*遺伝子を同時に保有していた (表3)。

(2) サルモネラの分離状況

サルモネラは36検体から計36株が分離された。血清型は*S. Infantis*が31株と最も多く, このうち28株を鶏由来株が占めた (表4)。

(3) カンピロバクターの分離状況

カンピロバクターは69検体から計69株が分離された。菌種は, *C.jejuni*が48株と最も多く, このうち牛糞便由来株が25株, 鶏糞便由来株が19株を占めた。*C.coli*は17株が分離され, このうち豚由来株が12株を占めた。 (表5)。

*C.jejuni*の血清型は, 型別不能, R群, A群, J群, B群, D群などが検出された (表6)。

(4) リステリアの分離状況

リステリアは*L.monocytogenes*および*L.innocua*が各々2株合計4株分離された。*L.monocytogenes*は犬および猫から各々1株が分離され, その血清型は2株とも1/2aであった。

表2 病原大腸菌の血清型検出状況

O抗原	血清型	動物種別分離数						計	
		H抗原	牛	豚	鶏	犬	猫		枝肉
1	21, 27				2			1	3
6	-, 10, 12, 34, 42, UT		1	5	3	1			10
8	2, 7, 9, 10, 12, UT	4	2	1			2		9
15	-, 16, 45	2	2						4
18	-, 7, 21, UT	2	1	8	1	1			13
20	11		1						1
25	2, 42			3					3
26	-, 42, 51, UT		1	5	8				14
27	4, 45, UT	1			1	1			3
28ac	21, 51, UT	5		1	1			2	9
29	-, 10, 12, UT	1	4		1				6
44	18			1					1
55	12, UT	2	1						3
63	-, 11		3					1	4
78	42					1			1
86a	27				3				3
112ac	2, 7, 21	2	4						6
114	-, 2, 11, 42, UT		1	3				3	7
115	-		1						1
119	-, 45	2	2	3					7
124	-, 2, UT	1	1	6					8
125	6, 21, UT		1	1		1			3
126	20, 27			4		1			5
127a	27		1						1
128	-, 2, UT	4	1					3	8
142	-, 6, 10, 34, UT	3	2	6	1				12
144	7		1						1
146	-, 2, 19, 21, 28, UT	6	2		1			3	12
152	UT							1	1
153	-, 7, 12, 21	1	3	5	5	2	1		17
157	-, 7, 9, 19, UT	1	4	4	1		1		11
158	-, UT	1	1						2
159	-, 4, 10, 20, 28, 45, UT	1	2	1	4	1			9
164	12, UT		1		1				2
166	2, 7, 21		2				1		3
167	2				1				1
168	16, UT	2			1				3
169	20, UT		1		1	1			3
菌株数		41	47	59	34	12	17		210

注) UT: 型別不能

(5) 原虫の検出状況

クリプトスポリジウムが3検体から検出された。牛からは*C. muris*, 鶏からは*C. baileyi*および猫からは*Cryptosporidium* spp.が各々検出された。ジアルジアは不検出であった。

2. 家畜および家禽の産地別保菌状況

牛は検査した30の生産地中21の生産地(70%)において、いずれかの病原微生物を保菌していた牛を確認した。豚は検査した6生産地のうち5生産地において、鶏は検査した全ての生産地においていずれかの病原微生物の保

表3 病原大腸菌の病原因子保有状況

病原因子	血清型	動物種						計			
		O	H	牛	豚	鶏	犬		猫	枝肉(牛)	枝肉(豚)
合計				8	0	1	7	3	2	2	23
<i>eaeA</i>	128	2		4							4
	128	-							1	1	2
	153	7						2			2
	157	7	1*								1
	157	UT							1		1
	125	21						1			1
	146	2								1	1
	153	-			1						1
	153	21	1								1
合計			6	0	1	0	3	2	2		14
STp	153	21					3				3
	26	UT					2				2
	15	16	1								1
	26	42				1					1
	142	UT	1								1
	153	12				1					1
計			2	0	0	7	0	0	0	0	9

注) *: VT1, VT2を保有

表4 サルモネラの分離状況

血清型	動物種				計
	豚	鶏	犬	猫	
<i>S. Infantis</i>	1	28	2		31
<i>S. Enteritidis</i>	1				1
<i>S. Mikawashima</i>				3	3
<i>S. II 4:6:-</i>		1			1
計	2	29	2	3	36

注) 牛および枝肉からは分離されなかった

表5 カンピロバクターの分離状況

菌種名	動物種				計
	牛	豚	鶏	犬	
<i>C. jejuni</i>	25	3	19	1	48
<i>C. coli</i>	5	12			17
<i>C. sputorum</i>	2		1	1	4
計	32	15	20	2	69

注) 猫および枝肉からは分離されなかった

表6 *C. jejuni*の血清型分離状況

血清型	動物種				計
	牛	豚	鶏	犬	
A 群			4		4
B 群	1		2		3
D 群	2				2
E 群	1				1
F 群		1			1
J 群	3	1			4
P 群				1	1
R 群	9				9
U 群	1				1
Z 6 群	1				1
型別不能	7	1	13		21
計	25	3	19	1	48

注) 猫および枝肉からは分離されなかった

菌を確認した。鶏について生産者別に系列養鶏場の検出率を比較すると、サルモネラは、生産者Aの養鶏場では45% (23/51)、生産者Bの養鶏場では10.9% (6/55)であり、生産者Aの養鶏場で検出率が高かった (χ^2 検定: $p < 0.01$)。カンピロバクターは、生産者Aの養鶏場では0% (0/51)、生産者Bの養鶏場では36.4% (20/55)であり、生産者Bの養鶏場で検出率が高かった。

考 察

県内の家畜、家禽およびペットなど504検体において人畜共通感染症、なかでも食品を媒介とする感染症起因菌および原虫の保有状況を調査した。その結果、各動物におけるこれら起因菌の保有状況が明らかとなり、動物によりその保有状況に特徴が見られた。また、家畜および鶏では70%以上の産地においていずれかの病原微生物を保有する動物が確認された。

病原大腸菌はその検出率がすべての動物種において最も高く、また血清型数も多かったことから、多種類の血清型が各動物に保有されている実態がうかがえた。牛糞由来株からVero毒素産生性大腸菌 (VTEC) が分離され (0.9%, 1/106)、県内牛の本菌保有が確認された。我国の健康牛の調査では、VTEC保有牛のうち血清型 O157:H7 の検出率は1%以下であり、県内の牛の検出率はこの範囲内にあった[7]。一方、牛以外の種々の動物でもVTECの保有が確認されているが、今回牛以外の動物から本菌は検出されなかった[5, 7]。また、分離されたVTECが腸管粘膜上皮への局所性付着に關与する *eaeA* 遺伝子を保有していたことはこれまでの報告と一致した[22]。

eaeA 遺伝子を検出した血清型には、ヒトの病原大腸菌 (EPEC) と同じ血清型である O128:H2 および O125:H21 が確認された[5-6]。動物においてもヒトと同様に発病例の報告があるが、その血清型はヒト由来の EPEC の血清型とは異なっている[5]。今回、これら血清型 (O128:H2, O125:H21) を分離したことは、牛および猫とヒト間において菌の伝播の可能性が推察された。また、*eaeA* 遺伝子を保有する菌が枝肉の拭取りから検出されたことは、糞便などからの二次汚染によるものと考えられる。STp 遺伝子については犬由来株からの検出が最も多かったが、このことは野外などにおいて毒素原性大腸菌 (ETEC) に汚染された食品などを摂取することが1要因と推察された[5]。病原因子の保有率については、今回8種類のプライマーで検査したが、いずれかの病原因子を保有する株は11.0% (23/210)であった。病原大腸菌には多くの病原因子が明らかにされているが、動物や環境由来株などでは、病原大腸菌の血清に凝集した血清型のみでは大腸菌の病原性の判定は困難とされている[5]。

今回の成績では、スクリーニングとして市販血清を用いた血清型別と病原因子については8種類の遺伝子の検査を行ったが、その病原性についてはすべてを明らかにできなかった。

サルモネラは鶏から最も多く検出され、鶏由来株の血清型は *S. Infantis* が90.3% (28/31) を占めた。サルモネラは牛および豚に比較し鶏に感受性が高く、また、*S. Infantis* は *S. Enteritidis* などと同様に畜産食品から分離され、ヒトに病原性をもつことが知られている[4]。鶏は特定の生産地で特定の血清型の検出率が高い傾向にあったことから、本血清型が飼育農場などの環境に定着し、これが汚染源となっていると推察された。

カンピロバクターは牛、鶏、豚の順に多く分離され、*C. jejuni* と *C. coli* の検出率を動物種別に比較すると、牛および鶏では *C. jejuni* が、豚では *C. coli* の検出率が高かった。これらの結果は、動物により腸管に定着している菌種が異なるとの報告と一致した[8, 17, 23]。また、鶏において生産地間で検出率に顕著な差が認められたことは、養鶏場内の飲料水などの汚染報告から、養鶏場の環境汚染によることが1要因と考えられた[8, 23]。 *C. jejuni* の血清型は型別不能、R群、A群、J群、B群、D群の順に多かった。これらと平成9~10年の広島県内のヒト散发下痢症由来株の血清型を比較すると同一血清型が認められたことから、本菌が動物から食品を介してヒトへ感染する可能性があるとして推察された[24-25]。

リステリアの検出率は0.8% (4/504) で他菌種と比べ低い値を示した。飯田ら[26]の報告によれば、*L. monocytogenes* およびそれ以外のリステリアの検出率は、牛1.2%, 4.3%, 豚0.5%, 11.9%, 犬0.7%, 0%, 猫0%, 0%であり、また、外国の報告例ではリステリアの検出率は、牛2.0~68.8%, 豚6.2~47.0%, 鶏23.7~86.6%である[17]。これらの結果と比較すると、県内の動物におけるリステリアの保菌は家畜および家禽については少ないことが確認された。また、犬および猫から分離された *L. monocytogenes* の血清型 1/2a は、ヒトおよび動物のリステリア症などから高頻度に分離される血清型 (1/2a, 1/2b, 4b) に含まれている[10-12, 27]。 *L. monocytogenes* の自然界における感染経路は不明であるが、犬および猫の保菌にはヒトを含む環境において感染経路の存在が疑われる[11]。

クリプトスポリジウムは3検体から *C. muris* および *C. baileyi* などが検出された。 *C. muris* は牛だけでなくヒトおよびネズミなどの胃に寄生し、また *C. baileyi* は鶏に寄生し普通は哺乳類への感染はないことが知られている[13]。佐伯ら[28]はと畜場搬入牛の汚染実態調査で *C. parvum* 0.2% および *C. muris* 1.5% の検出を報告している。今回、ヒトに病原性を有する *C. parvum* は検出されなかったが、その危害の重要性から継続した汚染把握が

必要と考えられる。

ヒトに下痢などの病原性を持つ感染症起因菌の保有が県内の牛、豚、鶏(ブロイラー)、犬および猫において確認され、菌種、動物種によりその保有状況に特徴が見られた。今回、ヒト由来株との関連性が疑われた菌株もあり、今後はその関連性について検討する必要があると考えられる。

文 献

- [1] 勝部泰次(1995)：臨床と微生物, 22(4), 448-454.
- [2] 丸山 務(2000)：モダンメデシア, 46(4), 107-114.
- [3] 仲西寿男(1994)：食品衛生学雑誌, 35(6), 585-592.
- [4] 杉山明ら(1994)：三重衛研年報, 40, 43-57.
- [5] Nataro, J.P. and Kaper, J.B. (1998)：Clin. Microbiol. Rev., 11, 142-201.
- [6] 甲斐明美, 工藤泰雄(1991)：臨床と微生物, 18(4), 493-498.
- [7] 仁科徳啓, 品川邦汎(1996)：臨床と微生物, 23, 835-842.
- [8] 丸山総一, 勝部泰次(1986)：食品衛生学雑誌, 27(3), 203-211.
- [9] Schofield, G.M. (1992)：J. Appl. Bacteriol., 72, 267-273.
- [10] McLauchlin, J. (1987)：J. Appl. Bacteriol., 63, 1-11.
- [11] 丸山務(1989)：食品と微生物, 6(1), 3-15.
- [12] 勝部泰次, 丸山総一(1989)：食品衛生学雑誌, 30(6), 479-490.
- [13] 竹田美文ら監修(1999)：エマージングディジース, 330-341, 東京, 近代出版.
- [14] 黒木俊郎ら(1996)：感染症学雑誌, 70(2), 132-140.
- [15] 厚生省生活衛生局水道環境部(1996)：水道におけるクリプトスポリジウム暫定対策指針, 1-78.
- [16] 厚生省生活衛生局監修(1990)：食品衛生検査指針, 東京, (社)食品衛生協会.
- [17] 坂崎利一監修(1991)：食水系感染症と細菌性食中毒, 東京, 中央法規出版.
- [18] 坂崎利一, 田村和満著(1992)：腸内細菌〈上巻〉, 東京, 近代出版.
- [19] 坂崎利一, 田村和満著(1992)：腸内細菌〈下巻〉, 75-106, 東京, 近代出版.
- [20] Whittam, T.S. and McGraw, E.A. (1996)：Rev. Microbiol., Sao Paulo, 27, 7-16.
- [21] China, B., Pirson, V. *et al* (1996)：Appl. Environ. Microbiol., 62(9), 3462-3465.
- [22] Gannon, V.P.J., Rashed, M. *et al* (1993)：J. Clin. Microbiol., 31, 1268-1274.
- [23] 伊藤武ら(1985)：感染症学雑誌, 59, 86-93.
- [24] 佐々木実己子ら(1997)：広島県保健環境センター業務年報, 6, 42-43.
- [25] 佐々木実己子ら(1998)：広島県保健環境センター業務年報, 7, 42-43.
- [26] 飯田孝ら(1990)：東京衛研年報, 41, 22-27.
- [27] 楠 博文(1993)：食品衛生研究, 43(11), 17-26.
- [28] 佐伯晋吾ら(2000)：日獣会誌, 53, 25-29.