

レファレンス会議「大腸菌」

伊豫田淳
国立感染症研究所・細菌第一部



レファレンス会議「大腸菌」

- 他の病原体レファレンス会議とは異なり、レファレンス担当の地衛研を設定していません（EHECの検査に関わるすべての地衛研・保健所等を対象としています）
- 2020-2021年はコロナ禍によって開催せず、2022-2023年はオンライン開催のみに変更、2024年以降はオンライン＆対面の両方を開催

今年度ZOOM参加登録数：140施設, 230名（最終数）

本日の発表内容

- ・ 腸管出血性大腸菌（EHEC）の感染状況等：伊豫田
- ・ 血清型の病原体検出サブシステムへの入力方法について：
高原 理（感染研・感染症サーベイランス研究部）
- ・ MLVA解析法について：泉谷 秀昌（感染研・細菌I）
- ・ 全ゲノム配列を用いたSNP解析法について：李 謙一（感染研・細菌I）
- ・ その他

EHEC感染症の特徴と重症例

- ・ 国内で年間 3,000-4,500 名の感染者数
- ・ 感染者の約30-40%は重症例 (特に小児や高齢者に多い)

経口感染 (10-100個程度の少ない菌数で感染が成立)



潜伏期間 (多くは 1- 8 日間, ~14日)



激しい腹痛, 下痢



重症例 (血便, 腎不全, HUS, 脳症, 死亡)

後遺症：腎機能障害

(HUS患者の20-40%が慢性腎臓病へ移行)

HUS (hemolytic uremic syndrome: 溶血性尿毒症症候群)

患者の血便



細菌第一部で所有権を保持する写真

病原微生物検出情報

Infectious Agents Surveillance Report (IASR)

<https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/index.html>

月報

Vol.47 No. 5 (No.555)

2026年 5 月発行

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
厚生労働省健康・生活衛生局
感染症対策部感染症対策課

事務局 国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
感染症サーベイランス研究部
〒162-8640 新宿区戸山1-23-1
Tel 03(5285)1111 Fax 03(5285)1177

保育園での腸管出血性大腸菌 (EHEC) O145 による集団感染事例：福岡県 5、加熱不十分なハンバーグを原因とする O157 食中毒事例 7、修学旅行における EHEC O157 食中毒事例 8、EHEC 感染症 O26 VT2 広域集積事例 9、2025 年に発生した EHEC MLVA complex 25c007 広域事例対応 10、2025 年分離 EHEC の MLVA 法解析 12、韓国渡航歴関連 EHEC 感染症 (2018～2025 年) 14、2025 年感染症発生動向調査に届け出された EHEC 感染症における HUS15、血清診断および EHEC 分離による HUS 症例の細菌学的確定診断 16、細菌用全ゲノム配列解析ツール「SNPcaster」の開発 17、2025 年腸管凝集付着性大腸菌集団食中毒事例：富山県 18、血清型別不能事例を含むウェルシュ菌食中毒事例での全ゲノム解析の有用性 20、魚類に寄生する粘液胞子虫の関与が疑われる有症事例発生状況 21、全国市町村における高齢者肺炎球菌ワクチン定期予防接種実態調査 22、2024 年カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE) 感染症病原体サーベイランス 23、マクロライド耐性百日咳菌と *Bordetella holmesii* 共感染の 2 症例：神戸市 25

本誌に掲載されている特集の図、表は、1)「感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律」に基づく感染症発生動向調査によって報告された患者および病原体検出に関するデータ、ならびに 2) 感染症に関する上記 1) 以外のデータ、に基づいて解析、作成された。データは次の諸機関の協力により提供されている：地方衛生研究所、保健所、地方感染症情報センター、厚生労働省検疫所、健康・生活衛生局。なお掲載されている原稿は、本誌から執筆を依頼したものである。

<特集> 腸管出血性大腸菌感染症 2026年3月現在

<特集関連資料2> 腸管出血性大腸菌による食中毒発生事例, 2025年

No.	発生場所	発生月日	原因食品	原因施設	摂食者数	患者数	死者数
1	福岡県	6月6日	不明 (当該施設が令和7年6月2日及び6月3日に提供した食事)	飲食店	8	4	0
2	東京都	6月20日	6月18日に当該施設で調理提供した食事	その他	32	8	0
3	東京都	6月23日	令和7年6月20日及び21日に調理し、提供した食事	飲食店	5	5	0
4	神奈川県	7月19日	不明 (7月15日及び16日に調理・提供された食事)	飲食店	3	2	0
5	東京都	8月2日	令和7年7月28日及び7月29日に当該施設が調理提供した食事	飲食店	7	2	0
6	大分県	8月4日	原因施設が令和7年8月1日 (金曜日) から8月3日 (日曜日) に調理提供した食事	飲食店	77	25	0
7	神奈川県	8月17日	8月13日に当該飲食店で提供された食事 (推定：和牛赤身ステーキ肉)	飲食店	14	2	0
8	島根県	9月1日	当該施設が令和7年8月29日から同年9月8日にかけて調理、提供した加熱不十分のハンバーグ等 (推定)	飲食店	1,565	102	0
9	沖縄県	10月14日	令和7年10月14日から10月18日に原因施設で調理・提供された食事	飲食店	867	202	0
10	福岡県	11月18日	不明 (当該施設で製造、販売されたサンドイッチ)	製造所	24	10	0

厚生労働省・食中毒統計資料「令和7年 (2025年) 食中毒発生事例」より改変

https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_ityou/shokuhin/syokuchu/04.html

表1. 腸管出血性大腸菌感染症診断年別届出数

診断年*	届出数**	(うち有症状者)	(%)***
2011	3,940	(2,658)	(67)
2012	3,768	(2,363)	(63)
2013	4,044	(2,623)	(65)
2014	4,152	(2,837)	(68)
2015	3,573	(2,341)	(66)
2016	3,648	(2,247)	(62)
2017	3,904	(2,606)	(67)
2018	3,854	(2,583)	(67)
2019	3,744	(2,514)	(67)
2020	3,094	(1,987)	(64)
2021	3,246	(2,028)	(62)
2022	3,369	(2,253)	(67)
2023	3,825	(2,547)	(67)
2024	3,748	(2,293)	(61)
2025	4,338	(2,472)	(57)

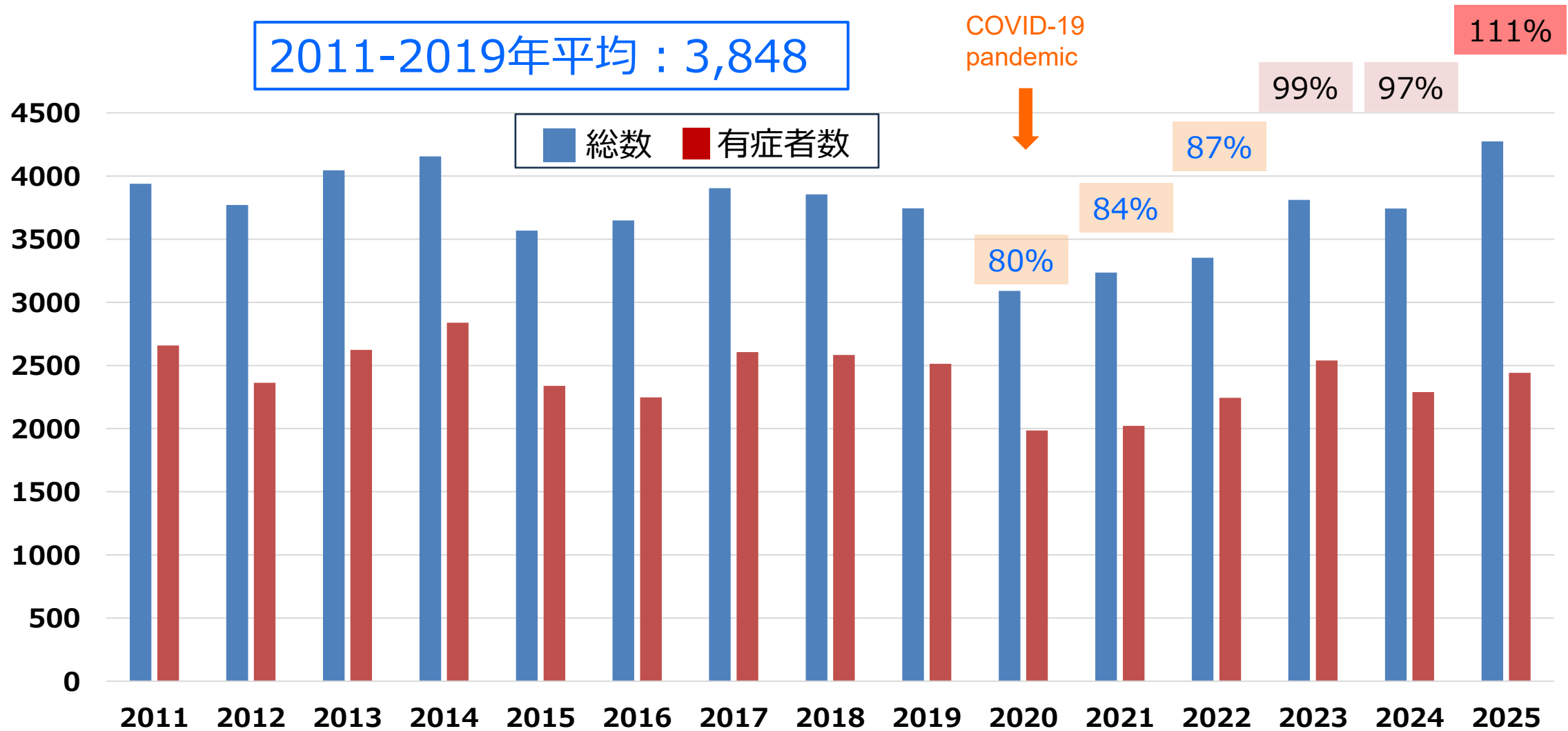
*各年の診断週第1～52/53週で集計

**無症状病原体保有者を含む

***有症状者/届出数

(感染症発生動向調査：2026年3月2日現在届出数)

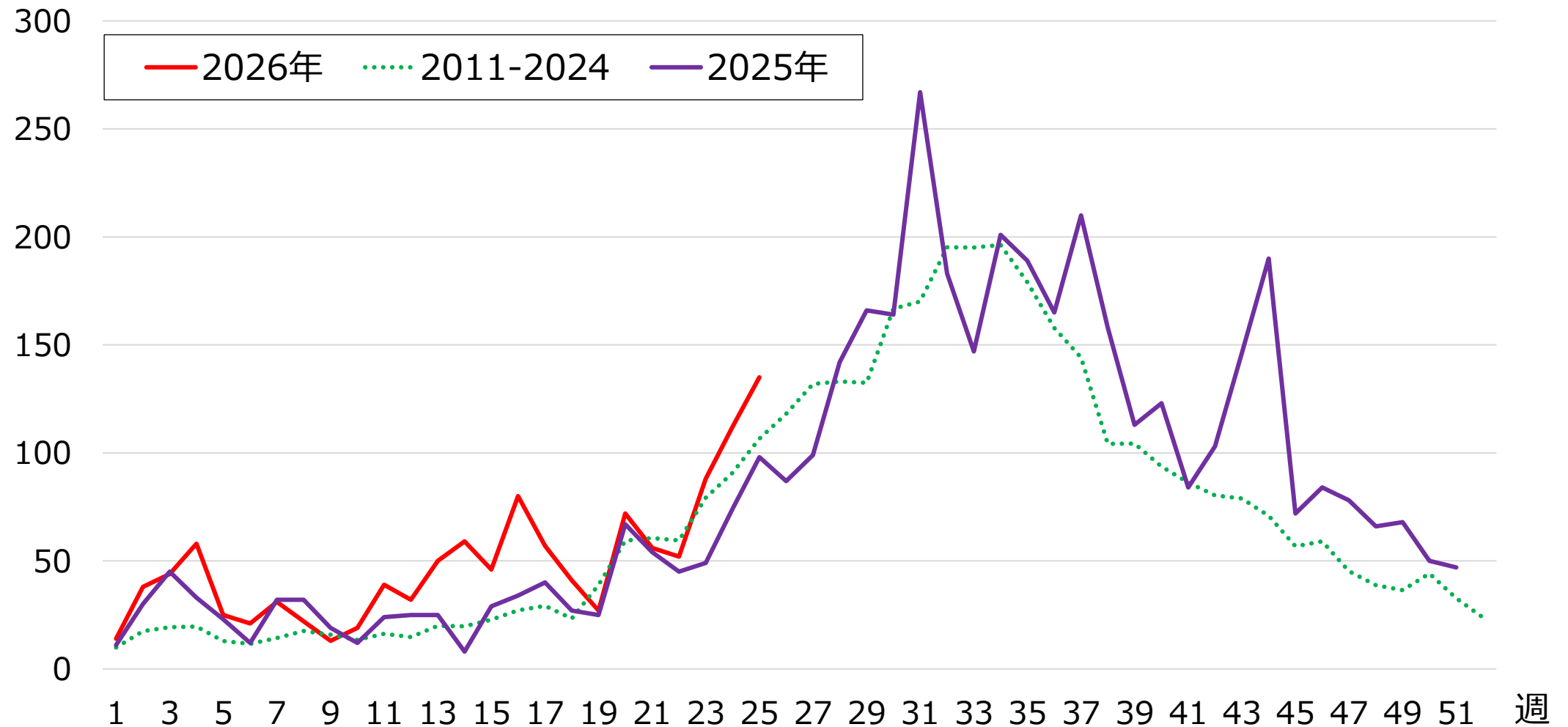
EHEC年次届出数（2011-2025年）



2025年：2009年以降で最多の届出数（総感染者数）

病原微生物検出情報（Infectious Agents Surveillance Report: IASR）2012-2026年 5月号の数値をグラフ化

EHEC週別報告数（2026年第26週まで）



2026年第26週までの累積数：1,362
(2011-2024年の各第26週までの累積数平均：938)

感染症サーベイランスシステム：NESID 集計データをグラフ化、2011-2024年は平均数

<特集関連情報9> 韓国渡航歴に関連したEHEC感染症について（2018-2025年）

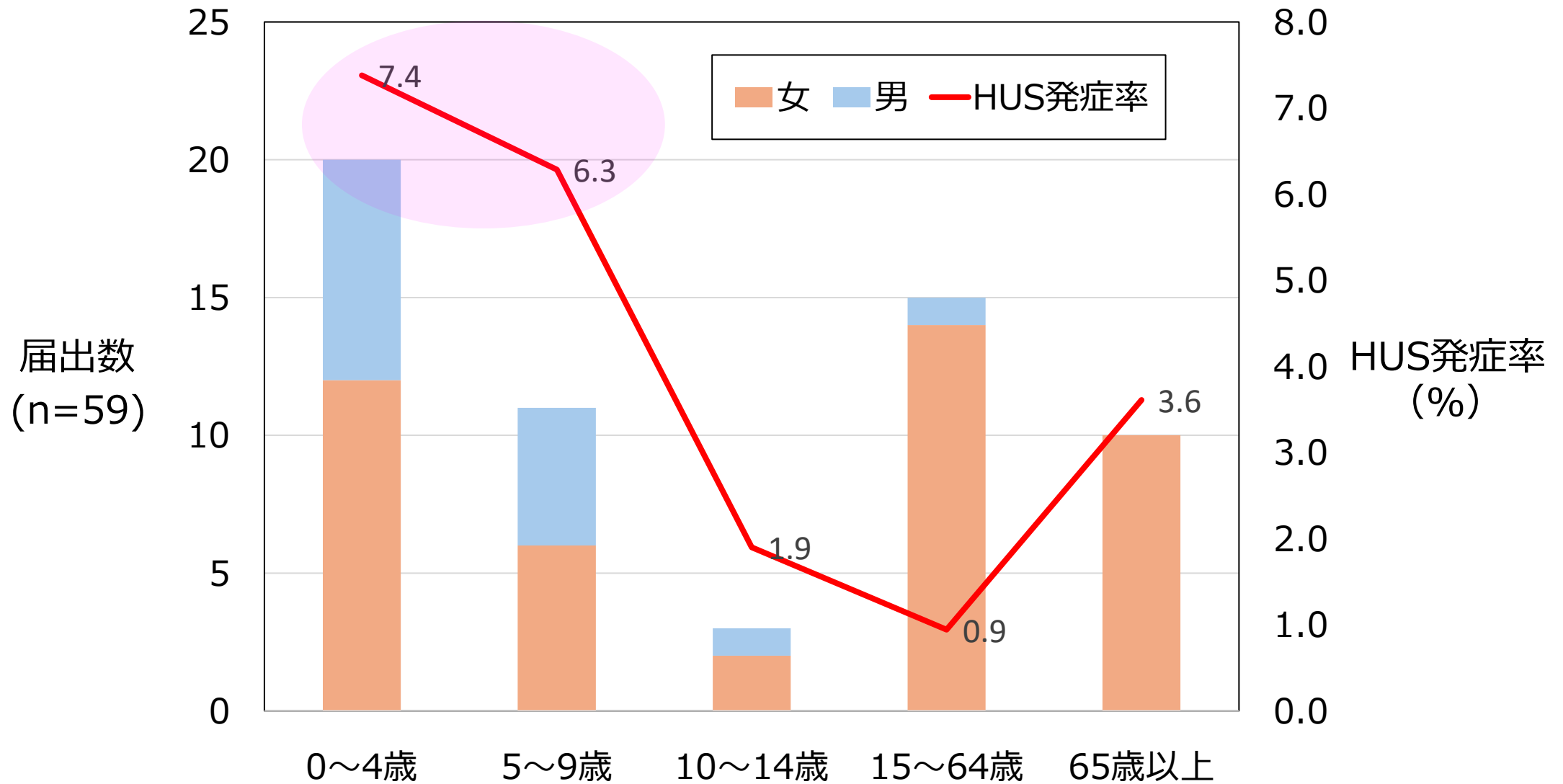
表.腸管出血性大腸菌感染症における韓国渡航例（n=544）と韓国渡航以外の海外渡航例（ベトナム、フィリピン、インドネシア、タイ）の基本属性、2018年1月1日～2025年12月31日診断

		韓国渡航例 (n=544)		ベトナム 渡航例 (n=85)		フィリピン 渡航例 (n=36)		インドネシア 渡航例 (n=32)		タイ渡航例 (n=35)	
年齢中央値（範囲）		25(6-81)		26(0-74)		22(1-78)		25.5(5-55)		29(8-63)	
		人数	割合	人数	割合	人数	割合	人数	割合	人数	割合
性別	男	149	27%	38	45%	16	44%	14	44%	22	63%
	女	395	73%	47	55%	20	56%	18	56%	13	37%
年代	10歳未満	4	1%	8	9%	2	6%	1	3%	2	6%
	10代	62	11%	8	9%	9	25%	1	3%	2	6%
	20代	290	53%	41	48%	11	31%	19	59%	14	40%
	30代	70	13%	12	14%	6	17%	3	9%	7	20%
	40代	34	6%	8	9%	3	8%	4	13%	3	9%
	50代	49	9%	4	5%	4	11%	4	13%	5	14%
	60代	24	4%	3	4%	0	0%	0	0%	2	6%
	70代以上	11	2%	1	1%	1	3%	0	0%	0	0%
類型	患者	419	77%	48	56%	24	67%	21	66%	23	66%
	無症状病原体保有者	125	23%	37	44%	12	33%	11	34%	12	34%
	死亡者	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%

		韓国渡航例 (n=544)		ベトナム 渡航例 (n=85)		フィリピン 渡航例 (n=36)		インドネシア 渡航例 (n=32)		タイ渡航例 (n=35)	
		人数	割合	人数	割合	人数	割合	人数	割合	人数	割合
症状 (重複有) (一部未記載)	腹痛	363	67%	36	42%	18	50%	15	47%	20	57%
	水様性下痢	356	65%	38	45%	21	58%	17	53%	16	46%
	血便	193	35%	10	12%	1	3%	3	9%	4	11%
	発熱	110	20%	9	11%	9	25%	5	16%	5	14%
	嘔吐	57	10%	6	7%	1	3%	1	3%	1	3%
	急性腎不全	6	1%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
	溶血性貧血	5	1%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
重症例	HUS	6	1%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
	脳症	1	0%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
	死亡	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
感染原因	経口感染	499	92%	52	61%	21	58%	18	56%	20	57%
感染経路 (重複有)	接触感染	12	2%	3	4%	1	3%	0	0%	0	0%
	動物・蚊・昆虫	0	0%	1	1%	1	3%	0	0%	1	3%
	不明	37	7%	26	31%	14	39%	10	31%	15	43%
	その他	20	4%	9	11%	4	11%	8	25%	5	14%
「ユッケ」・「生レバー」		384	71%	2	2%	1	3%	0	0%	1	3%
「生肉」の記載があった症例※											

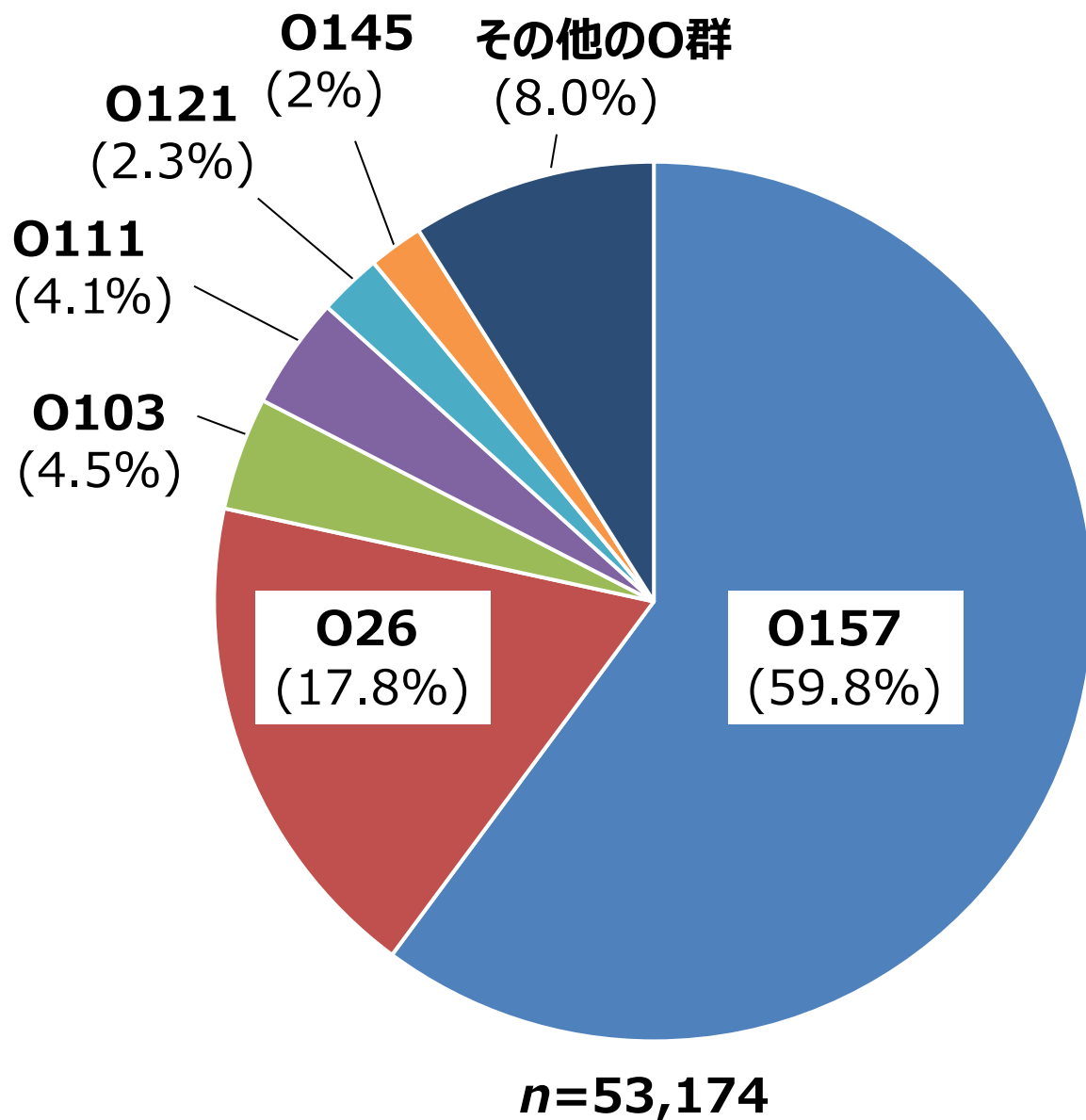
※ユッケは馬肉や加熱ユッケ、マグロユッケは除く。生肉は鶏肉、鹿肉、ラム肉、羊肉、ヤギ肉は除く。生レバーは「レバ刺し」、「レバ刺し」、「レバさし」、「レバー刺身」含む。

年齢群別HUS発症例届出数と有症状者に占める割合 2025年



(感染症発生動向調査：2026年3月2日現在届出数, IASR 2026年5月号)

ヒト由来EHECのO血清群 (2007-2025)



O血清群の多様化

O157, O26, O111, O103,
O121, O145 以外の分離率 :

2007 : 5.7% 2.0%

2024 : 31.9% 23.5%

腸管出血性大腸菌（E H E C） 検査・診断マニュアル

2025 年 6 月改訂

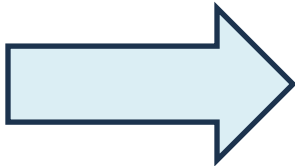
（赤字：追記部分）

<https://id-info.jihs.go.jp/relevant/manual/010/EHEC20250619.pdf>

1.	概要	3
2.	EHEC の分離と同定	3
	(1)検体の採取と保存	4
	(2)糞便からの EHEC 分離	4
	(3)EHEC の同定	7
	(4)血清型別	16
3.	血清学的診断法	17
	(1)抗原液の作製と保存	18
	(2)血清の非働化	19
	(3)抗体価測定法	19
	(4)判定	20
4.	EHEC の陰性確認方法	21
5.	参考文献	23
6.	参考資料	24
	(1)免疫磁気ビーズの作製方法	24
	(2) PCR 法による大腸菌血清型判定法	25
	(3) 糞便を対象とした腸管出血性大腸菌検出方法	39
7.	検査依頼先	48
8.	執筆者一覧	48
9.	謝辞	50
10.	別表＜PCR 法による大腸菌血清型判定法＞リンク	51

EHEC/VTEC検査結果と病原体検出情報サブシステムへの入力対応表

検査結果				
No.	O型	H型	Og型	Hg型
①	O型別不能	H型別不能	Og157	Hg7
②	O157	HNM (H-)	Og157	Hg7
③	O型別不能	H型別不能	OgGp3	Hg2
④	O8	H型別不能	Og8/OgSB17	Hg19
⑤	O型別不能	HNM (H-)	Og113	Hg4/Hg17
⑥	O74	H型別不能	Og187	Hg52



病原体検出情報サブシステム入力時の選択肢		
注	血清型 (O)	血清型 (H)
①	157	7
②	157	7
③	OUT (O型別不能)	2
④	OUT (O型別不能)	19
⑤	113	HUT (H型別不能)
⑥	187	52

表F. 遺伝学的にグループ化された15種類のOg型

Og型	O-AGC (wzx/wzyまたはwzm/wzt) が 相同または近似するO群
OgGp1	O20, O137
OgGp2	O28ac, O42
OgGp3	O118, O151
OgGp4	O90, O127
OgGp5	O123, O186
OgGp6	O46, O134
OgGp7	O2, O50
OgGp8	O107, O117
OgGp9	O17, O44, O73, O77, O106
OgGp10	O13, O129, O135
OgGp11	O153, O178
OgGp12	O18ab, O18ac
OgGp13	O124, O164
OgGp14	O62, O68
OgGp15	O89, O101, O162

注

- ①②E. coli Og-typing / Hg-typing PCR検査行い、Og 型またはHg 型のみで判定された場合
- ②H型はこれまで非運動性の場合はHNM(H-)を選択していたが、Hg型が決まっているのであればHg型を優先して入力
- ③④⑤「腸管出血性大腸菌(EHEC)検査・診断マニュアル」2025年6月改定p33の表Fに示すOgGp型や、複数の抗原遺伝子が陽性になったOg型(Og8/OgSB17など)や、1つに分けられない型(Hg1/Hg12またはHg4/Hg17)になる場合はOUT、HUTを選択
- ⑥抗血清を用いた型別とOg-typing PCRによる型別結果が異なる場合はOg型を優先して入力(選択肢がない場合はOUTとする)

病原体検出情報サブシステム

病原体個票

登録機関名 感染症研究所

検査実施機関 感染研

報告種別 1～5類全数報告

検体提供者番号 ehectest

検出病原体 EHEC/VTEC

型別結果

血清型 (O) OUT (←O型別不能)

血清型 (H) H2

毒素型および病原因子 VT1

登録年月日 2026 年 7 月 9 日

報告方式

病原体種別 細菌

検体採取年月日 2026 年 7 月 1 日 (第27週)

検出病原体有無

Page 1

登録ステータス 未確認

特記すべき生化学的性状等

OgGp3

腸管出血性大腸菌(EHEC) 検査・診断マニュアル

表E. 血清型と遺伝子型の表記例

O群	H型	血清型	Og型	Hg型	遺伝子型	まとめた表記
O1	H7	O1:H7	Og1	Hg7	Og1:Hg7	O1/Og1:H7/Hg7
OUT	HNT	OUT(:HNT)	OgN34	Hg45	OgN34:Hg45	OUT/OgN34:Hg45
O165	H-	O165:H-	Og165	Hg25	Og165:Hg25	O165/Og165:H-/Hg25
OUT	H21	OUT:H21	Og188	HgNT	Og188(:HgNT)	OUT/Og188:H21

- 病原体検出情報サブシステムの型別結果でOUT(O型別不能)やHUT(H型別不能)を選択した場合、かつOg型やHg型が判明している場合はOg型やHg型を入力くださいますようお願いいたします。入力箇所は“特記すべき生化学的性状等”となります。入力表記は、腸管出血性大腸菌(EHEC) 検査・診断マニュアルのp32「表E.血清型と遺伝子型別の表記例」の“遺伝子型”表記と同じにしてください。

病原体検出情報サブシステムの病原体個票入力例

③OgGp3

病原体個票		Page	1	
		登録ステータス	未確認	
登録機関名	感染症研究所	登録年月日	2026年 7月 9日	
検査実施機関	感染研	報告方式		
報告種別	1～5類全数報告	病原体種別	細菌	
検体提供者番号	ehectest	検体採取年月日	2026年 7月 1日(第27週)	
検出病原体	EHEC/VTEC	検出病原体有無		
型別結果		特記すべき生化学的性状等 OgGp3		
血清型 (O)	OUT (←O型別不能)			(
血清型 (H)	H2			(
毒素型および病原因子	VT1			(

④Og8/OgSB17

病原体個票		Page	1	
		登録ステータス	未確認	
登録機関名	感染症研究所	登録年月日	2026年 7月 9日	
検査実施機関	感染研	報告方式		
報告種別	1～5類全数報告	病原体種別	細菌	
検体提供者番号	ehectest	検体採取年月日	2026年 7月 1日(第27週)	
検出病原体	EHEC/VTEC	検出病原体有無		
型別結果		特記すべき生化学的性状等 Og8/OgSB17		
血清型 (O)	OUT (←O型別不能)			(
血清型 (H)	H19			(
毒素型および病原因子	VT1			(

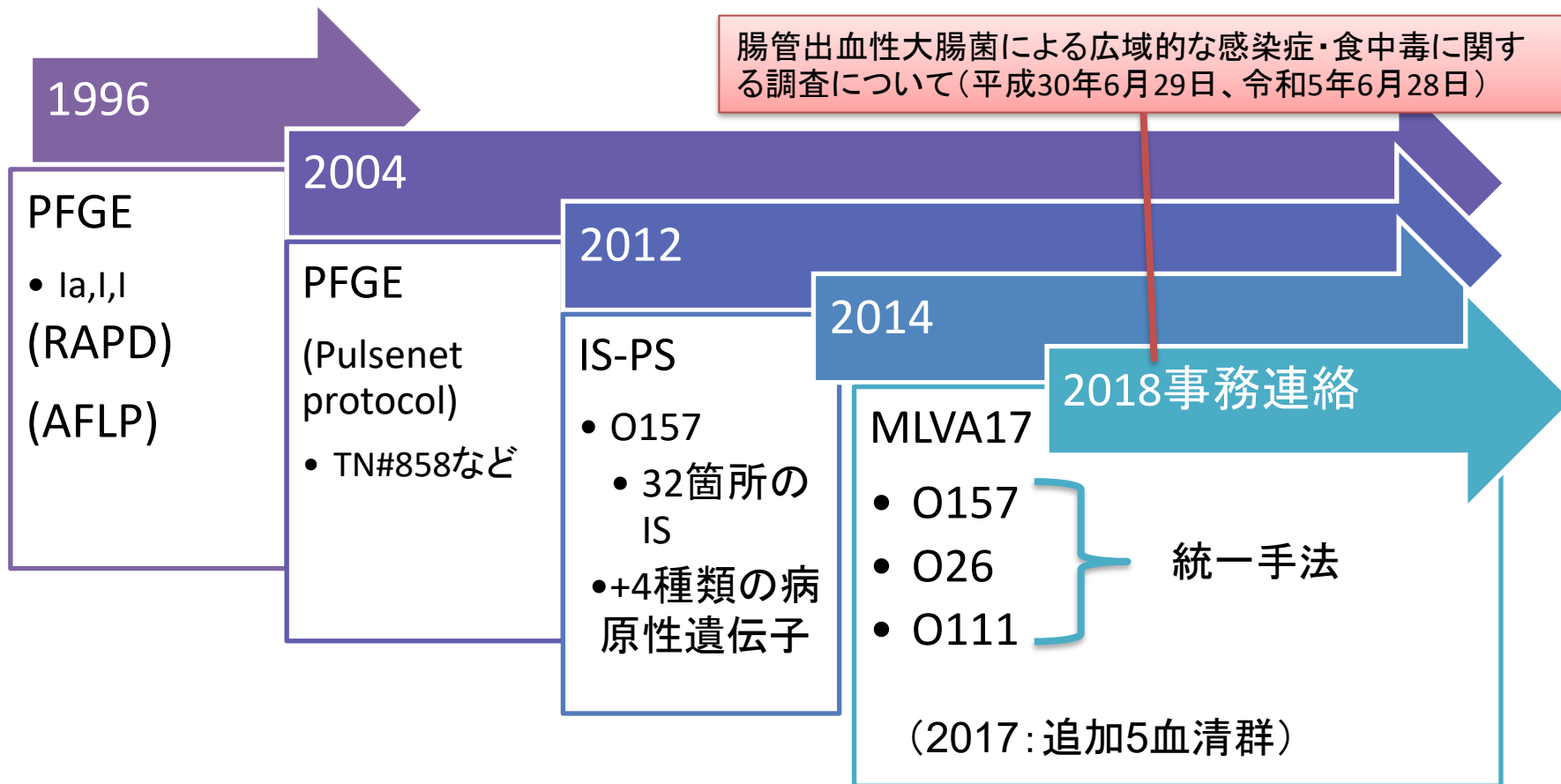
⑤Hg4/Hg17

病原体個票		Page	1	
		登録ステータス	未確認	
登録機関名	感染症研究所	登録年月日	2026年 7月 9日	
検査実施機関	感染研	報告方式		
報告種別	1～5類全数報告	病原体種別	細菌	
検体提供者番号	ehectest	検体採取年月日	2026年 7月 1日(第27週)	
検出病原体	EHEC/VTEC	検出病原体有無		
型別結果		特記すべき生化学的性状等 Hg4/Hg17		
血清型 (O)	O113			(
血清型 (H)	HUT (←H型別不能)			(
毒素型および病原因子	VT1			(

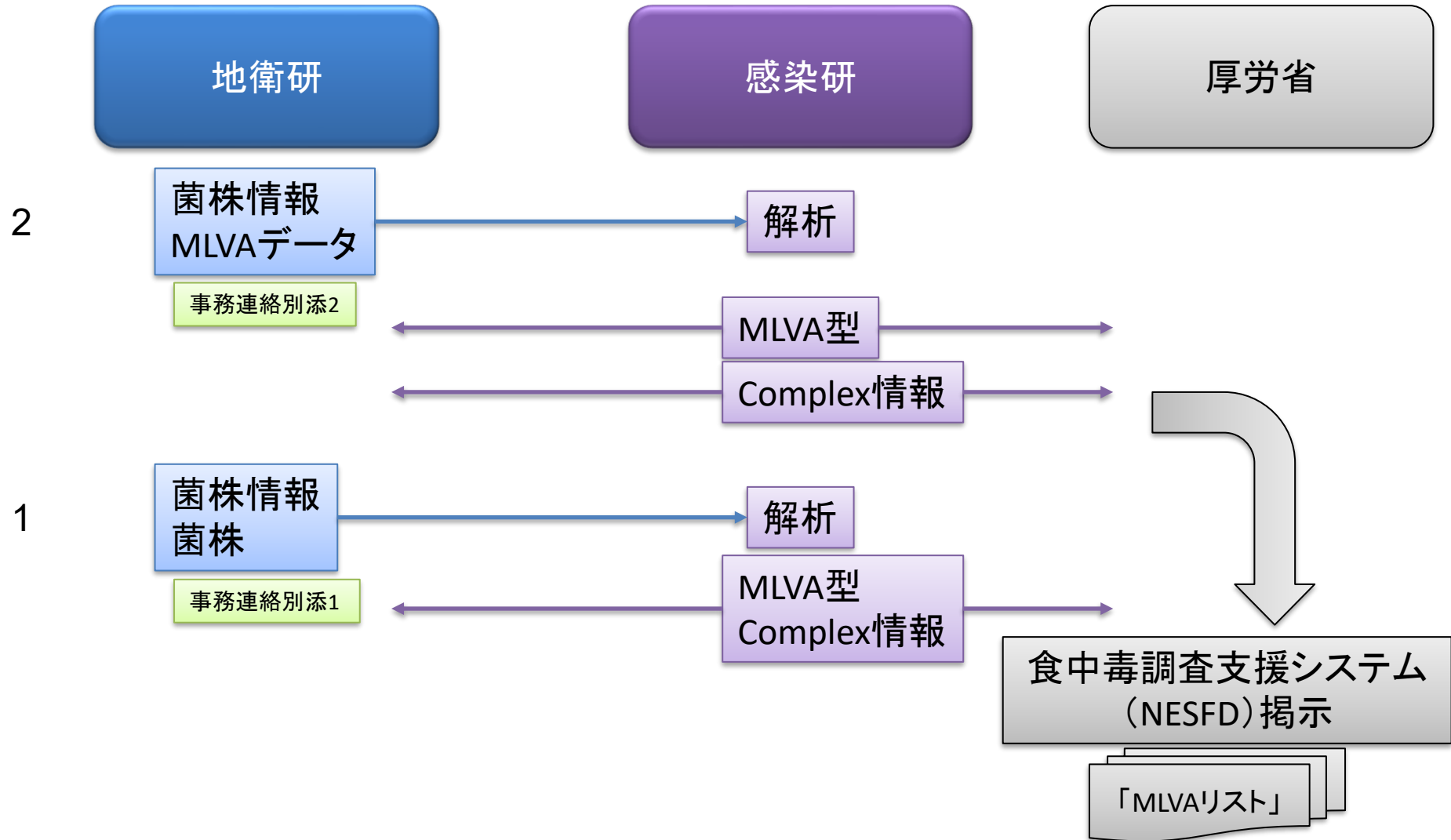
MLVA解析法について

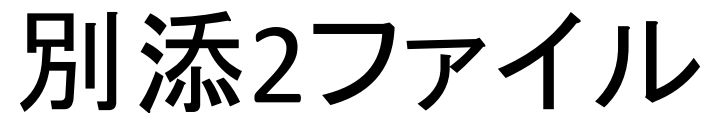
衛生微生物技術協議会
一大腸菌リファレンス会議
国立感染症研究所細菌第一部
泉谷秀昌

わが国でEHECに使われてきた(いる) 分子疫学解析手法



送付MLVAデータに基づく MLVA型付与について(厚労省事務連絡)



[illegible]

自治体名

疫学情報

厚劳省⇔自治体

備考欄:疫学情報

MLVA型付与について

導入時

- 送付済み菌株のMLVAデータ送付
- 感染研→地研

導入後

- 菌株とMLVAデータの送付（地研→感染研）
- 精度確認（答え合わせ）（感染研→地研）

感染研側からも地研側からもデータのやり取りに問題がないと判断

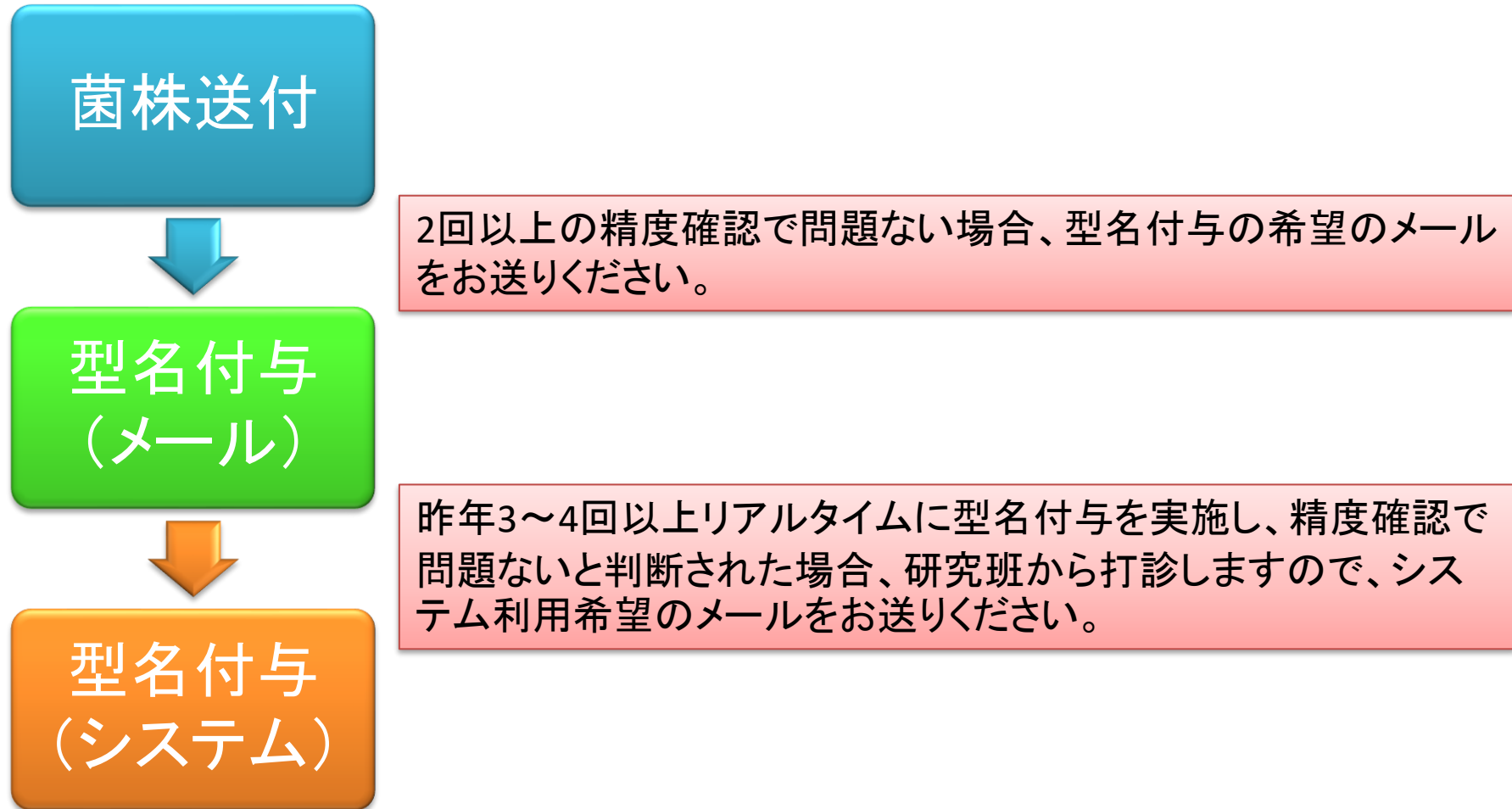
型名付与

- MLVAデータの送付（地研→感染研）

定期的に菌株を送付（地研→感染研）して精度確認（感染研→地研）

型名付与の希望

システム利用の希望



型名付与開始後の注意点

定期的な精度確認

- 型名付与を行っていても、定期的に（最低年1回）、一部もしくはすべての株を送付して、データの確認を実施してください。

非定型株の取り扱い

- Binにあたらなないなど、非定型な株の場合にはお問い合わせください
- 必要に応じて菌株をお送りください

MLVAデータ精度確認について

	EH111-11T	EH111-14BB	EH111-8O	EH157-12N	EH26-7D	EHC-1Q	EHC-2C	EHC-5S	EHC-6U	O157-3W	O157-34Y	O157-9M	O157-25J	O157-17Z	O157-19L	O157-36AA	O157-37V
[菌株#]	2	-2	1	6	-2	11	5	-2	-2	11	9	12	4	4	7	9	6

地衛研

感染研

1

MLVAデータ

照合

結果

2018年6月29日
事務連絡
別添2形式

2

菌株番号

MLVAデータ

3

MLVAデータ
fsaファイル

解析・照合

結果

一致 : 1
不一致: 0

remark

remark: ダブルピーク等のコメント(例: V6,12)

精度確認 (答え合わせ)

- メールベース、システム経由にかかわらず、定期的に菌株を送付し、精度確認を実施してください。
 - シーズンオフ中
 - 担当が変わった際
- データ送付時の菌株番号と菌株送付時の菌株番号を一致させるようにしてください。





MLVA PCRについて (現在の感染研の条件)

反応液	R1	R2
PCRキット	Platinum Multiplex PCR Master Mix	Multiplex PCR Plus Kit
(会社)	サーモフィッシャー	Qiagen
サーマルサイクラー	SimpliAmp MiniAmp Plus	SimpliAmp MiniAmp Plus
(会社)	サーモフィッシャー	サーモフィッシャー
プログラム	95°C2分 → [95°C30秒、60°C90秒、72°C60秒] x35 → 72°C10分	95°C15分 → [95°C20秒、60°C90秒、72°C60秒] x35 → 72°C10分
(備考)	R1のみやるとき	R2、R1とR2を一緒にやるとき

お知らせ

- 7月以後は2026年株のみと比較を行います。
- 引き続き、菌株(ならびに情報・データ)送付のほどよろしくお願いいたします。

細菌ゲノム解析パイプライン (SNPcaster)の概要・アップデート



国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所 細菌第一部
李 謙一

内容

- 概要
- アップデート内容
- 今後の予定

※詳細はウェブ上のマニュアルを参照

※講習会の動画が利用可能です

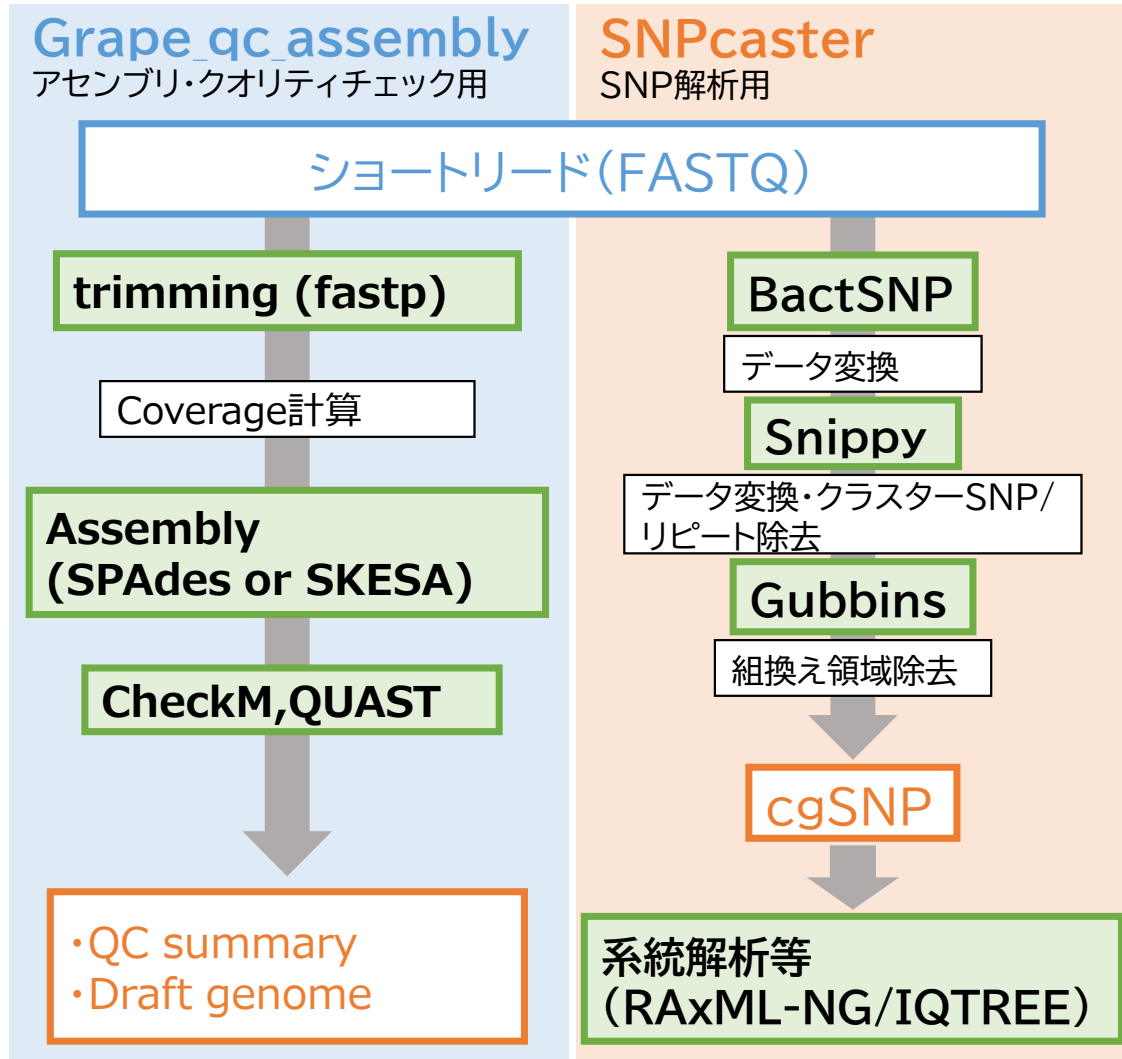
内容

- 概要
- アップデート内容
- 今後の予定

※詳細はウェブ上のマニュアルを参照

※講習会の動画が利用可能です

概要



主に2つのプログラムからなる

用途

- ・ショートリードデータのクオリティチェック(QC)
- ・アセンブリ
- ・コアゲノム(cg)SNP解析
- ・系統樹作製

良いこと① インストールが簡単

Dockerコンテナ

SNPcaster

grape_qc_
assembly

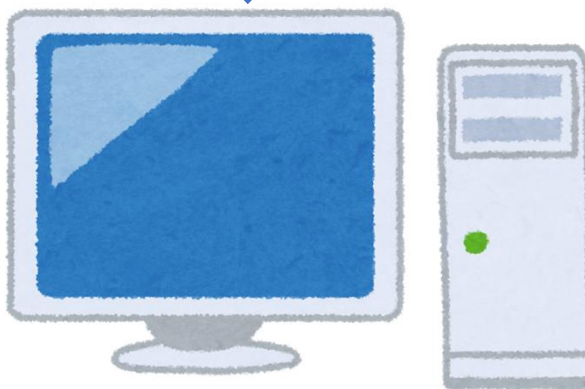
簡単
インストール

対応OS

 Windows

 Mac

 Linux



良いこと① インストールが簡単

1. Docker環境インストール

(Rancher Desktop/Docker Engine/Docker Desktop)

対応OS:  Windows  Mac  Linux

2. GitHubからプログラムをダウンロード

3. コンテナのビルド

次のコマンドを実行 `$ docker compose up -d --build`

準備完了！

良いこと②操作が簡単

解析はブラウザ上で動作する
JupyterLabで実行します

マニュアルと
一体化した解析コード

The screenshot shows the JupyterLab interface. On the left, the file browser lists files in the '/ new_analysis/2025-04-28/' directory. The main area displays the 'SNPcater' notebook. The notebook content includes a '解析手順' (Analysis Procedure) section with instructions on uploading files and running the analysis. The code cell shows the execution of the 'SNPcater' command with various options.

解析手順

※ 解析前にデータのQuality check(gripeqc_asmb)を行うことを推奨

1. 入力ファイルのアップロード

解析プロジェクトのフォルダへ、FASTQファイルをアップロードしてください。
左サイドバー上部の1ボタンから、または、解析プロジェクトフォルダを開きファイルをドラッグ&ドロップでアップロードできます。

使用できるファイルの拡張子は、.fastq.gzです。
ファイル名は、菌株名で始まるようにしてください。
たとえば、以下のようなフォーマットに対応しています。

- イルミナシーマット (e.g., strain_S00_L001_R1_001.fastq.gz)
- シンプレマフォーマット (e.g., strain_R11.fastq.gz)

- 全ての株でFASTQ (ショートリードがある) → **Go to 3**

- FASTQがなく、FASTAしかない株がある → **Go to 2**

2. FASTAからのFASTQの作製

コンディタや完全な配列しかない場合には、art-fg_generator.shでFASTQファイルを作製します。

コマンド実行

```
[ ]: #####  
#####  
#####  
# パラメータを設定  
#####  
# 参照ゲノムファイル  
reference = "Sakai_BA000007.fasta"  
list = "list.txt"  
# fastqの出力形式 (--nt) の指定  
allelic_freq = 0.9  
# 菌株SNP (cluster SNP) で削除したい箇所  
cluster = 0  
# publicに公開する、しない  
gubbins = 0  
# fastqのジョブ数  
jobs = 4  
# スレッド数  
threads = 8  
# fastqリストを使用しない場合、以下のfastq_listの前に#を削除してください  
fastq_list = "list.fastq.gz"  
# mask処理を行う場合、以下の付録の#を削除し、そのファイルパスを""の間に入力してください  
mask = "mask.tsv"  
#####  
#####  
# Run SNPcater  
#####  
extra_options = ""  
extra_options += "-f (fastq_list) " if 'fastq_list' in locals() and fastq_list else ""  
extra_options += "-d (mask) " if 'mask' in locals() and mask else ""  
hash exporter.sh \\  
-f reference \\  
-i list \\  
-a allelic_freq \\  
-c cluster \\  
-g gubbins \\  
-j jobs \\  
-t threads $extra_options  
echo "Complete!"
```

1. この部分に
パラメータを入力
2. ▶を押せば解析開始

良いこと③

誰でも
無料で
利用可能

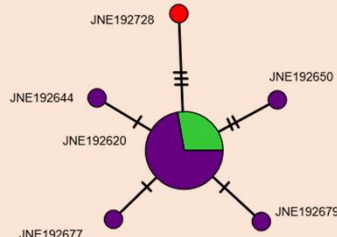
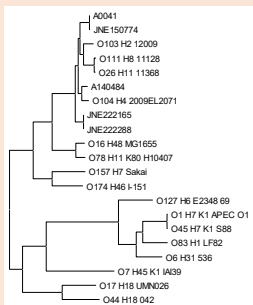
基本的な情報解析が可能

ショートリード (FASTQ)

SNPcaster

クオリティチェック・アセンブリ

SNP抽出・系統樹



AMR, 病原性因子
(AMRFinder Plus)

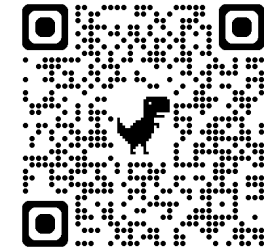
MLST等

CGEserver等
<https://www.genomicepidemiology.org/services/>

入手方法

1. GitHub

<https://github.com/leech-rr/SNPcaster>



2. 「SNPcaster Github」で検索

3. 感染研・細菌第一部・ 第一室のページ

国立健康危機管理研究機構
JIHS Japan Institute for Health Security

日本語 / English X YouTube サイト内検索

研究テーマ

- 病原性大腸菌、カンピロバクター等の病原性遺伝子の機能および発現制御機構に関する研究
- 病原性大腸菌、カンピロバクター等のゲノムエンジニアリングとその応用に関する研究
- 病原性大腸菌の分子疫学調査研究
- 病原性大腸菌等の全ゲノム配列解析環境の構築・データベース化
- 重症例由来腸管出血性大腸菌のゲノム生物学的特徴の解明

LINK

- 腸管出血性大腸菌(EHEC)検査・診断マニュアル 2024年8月版
- EHEC検査マニュアル別表集 (Og/Hg型別)
- 細菌全ゲノム解析関連ウェブサイト一覧
- 病原細菌向け全ゲノム解析プログラム (SNPcaster) 配布ページ**

Department of Bacteriology I, NIID
Copyright 1998, Research Associate, NIID, Japan

必要なPCスペック

- どのOSでもOK



- メモリは10GB位～
- 50GB～の空き容量

→ 高級なPCでなくてもOK

マニュアルが充実

- PDF (in GitHub)
- AIチャットボット(SNPcaster-GPT) ← **おすすめ!**
(<https://chatgpt.com/g/g-69118b0d42f48191906ba605a540cba8-snpcaster-gpt>)

各セルでプログラムを実行すると、セル左側の[.]内が[*]・表示となります。←

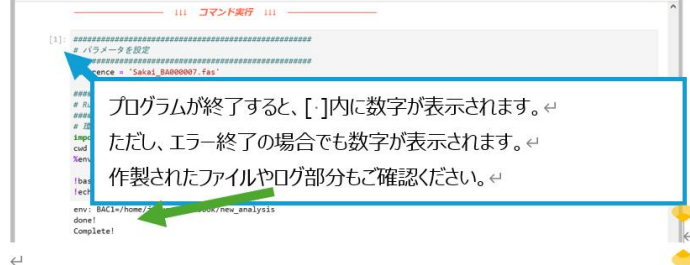
←



```
#####
# パラメータを設定
# reference = "Sakai_BA000007.fas"
#####
# Run
#####
# Import
import cud
# Serv
#####
!bash snpcaster_20230821/repeat_detect.sh $reference
!echo 'Complete!'
env: BAC1+/home/jovyan/notebook/new_analysis
```

プログラムが終了すると[.]内に数字が表示されます。←

←



```
#####
# パラメータを設定
# reference = "Sakai_BA000007.fas"
#####
# Run
#####
# Import
import cud
# Serv
#####
!bash snpcaster_20230821/repeat_detect.sh $reference
!echo 'Complete!'
env: BAC1+/home/jovyan/notebook/new_analysis
0
```

SNPcaster-GPT 5.2 ▾



SNPcaster-GPT

作成者: KENICHI LEE さん

SNPcaster official support GPT. I answer questions based on the README, Jupyter Notebook, and official manual. 【Disclaimer】 This is an experimental trial version. It may contain errors, and no responsibility or liability is assumed for any outcomes resulting from its use.

インストール
方法を教えて

Just tell me
how to install it.

Tell me what this
program can do.

+ 質問してみましょう



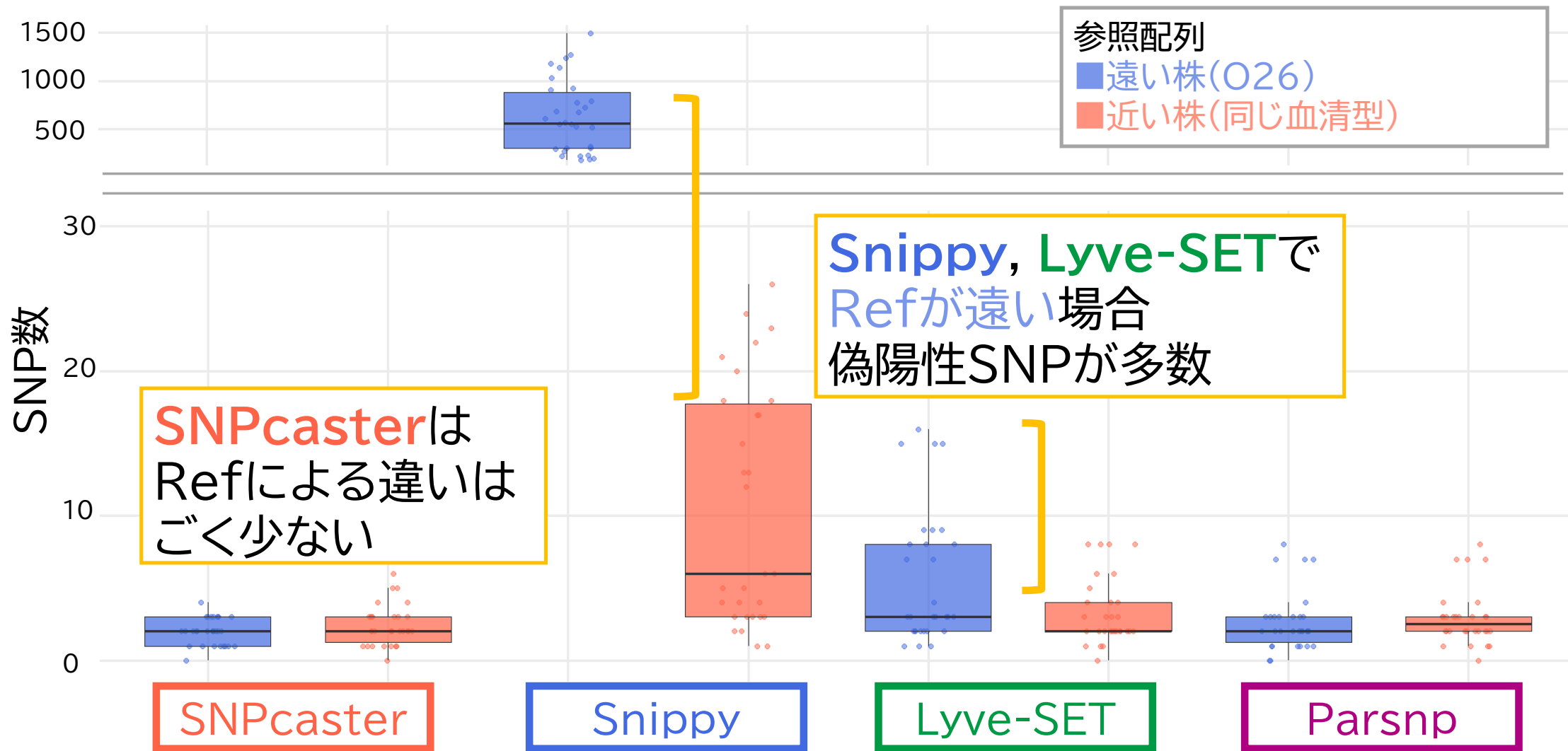
内容

- 概要
- アップデート内容
- 今後の予定

※詳細はウェブ上のマニュアルを参照

※講習会の動画が利用可能です

高精度を検証



アップデート

- **NCBI AMRFinder Plus**
 - AMR遺伝子
 - 大腸菌等での病原性因子
- **SRAからのショートリード一括ダウンロード**

内容

- 概要
- アップデート内容
- 今後の予定

※詳細はウェブ上のマニュアルを参照

※講習会の動画が利用可能です

アップデート予定

- NCBI AMRFinder Plus
結果をまとめて表示

Strain	stx1a	stx2a	eae	blaCTX-M-15	Tet(A)
Strain 1	1	1	1	1	0
Strain 2	0	1	1	0	1

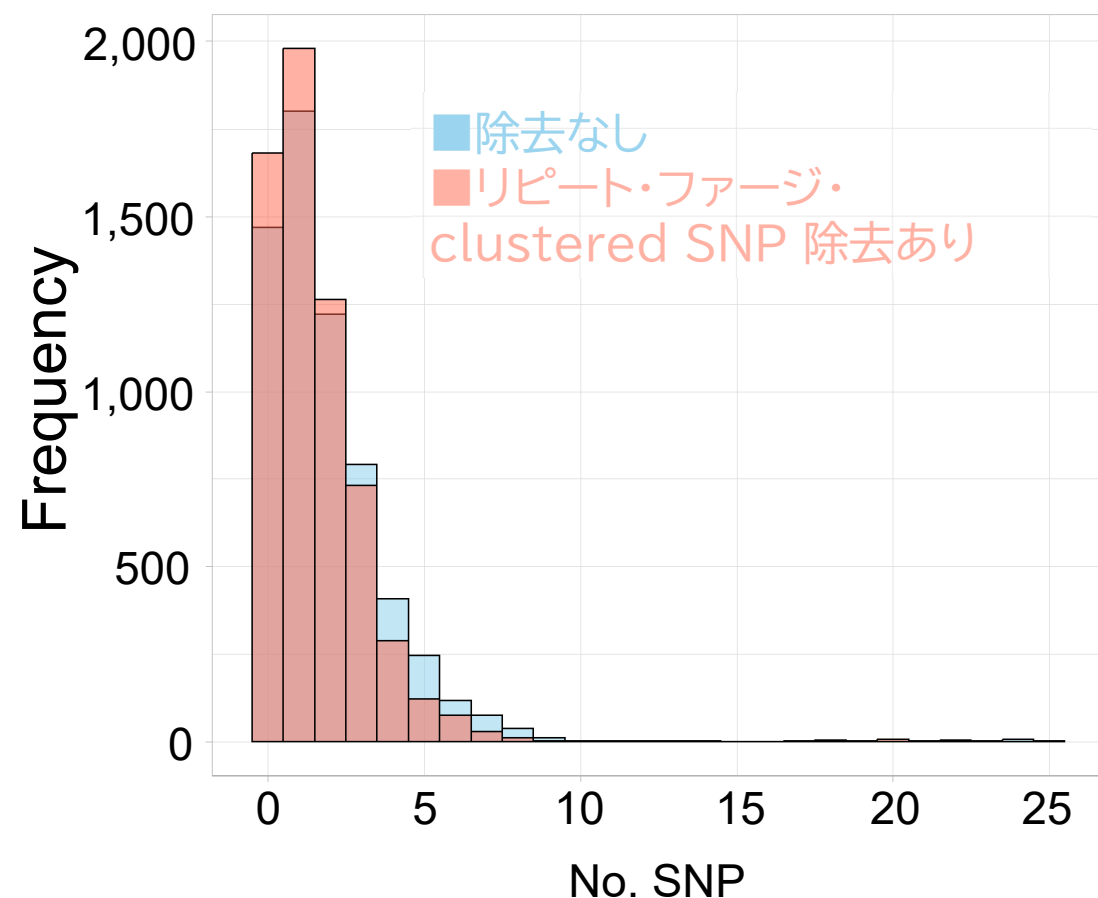
- SNPのアノテーション
(同義/非同義置換など)

ロングリード版は開発中...

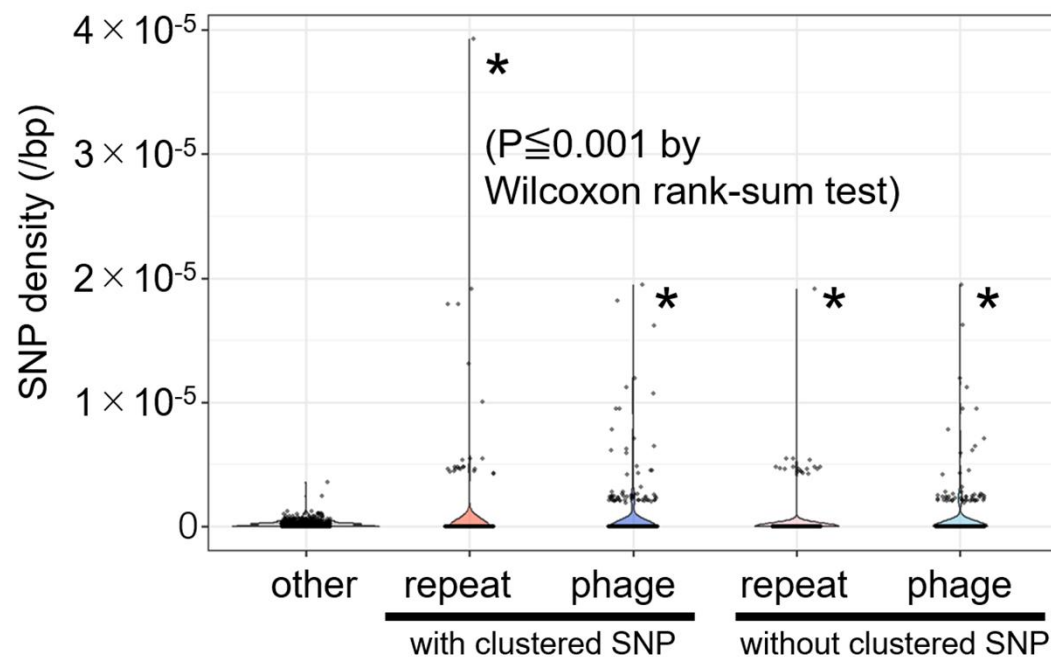
シーケンサー	解析手法	プログラム配布・ 妥当性評価
イルミナ (ショートリード) 	情報多い	SNPcaster リリース済み
ナノポア (ロングリード) 	ほとんどない	SNPcaster-LP coming soon...

解析条件・解釈については、検討中

何SNP以内が同一株？



ファージ・リピートを除くべきか？



講習会

- 2025年12月の講習会
→ YouTubeで利用可能
※URLを知らない方はご連絡ください
- 今年度
→ アップデート後、動画作製を予定

まとめ

【これから使う方】

- AIチャットボット(SNPcaster-GPT)へ相談
(<https://chatgpt.com/g/g-69118b0d42f48191906ba605a540cba8-snpcaster-gpt>)

【すでに使っている方】

- 機能リクエスト・バグ等があれば
お伝えください

