

レファレンス会議「大腸菌」

世話人：伊豫田淳
国立感染症研究所・細菌第一部



病原体レファレンス会議：

- ・ 病原体ごとの諸問題について感染研と地衛研・保健所で議論する会議
- ・ 全国衛生微生物協議会の第1日目の午前中に対面で開催
(3年に一度感染研が、それ以外は地衛研が持ち回りで主催)

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

昨年度事前参加登録：89施設, 120名以上 (当日200名以上の接続数)

今年度事前参加登録：136施設, 220名以上 (7月10日現在)

EHEC感染症の特徴と重症例

- ・ 国内で年間 2,500-4,500 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>

2024年EHEC検出例の血清型別臨床症状3, 2024年EHEC食中毒発生事例5, モツ鍋店利用者のO157食中毒事例5, 保育園でのEHEC O157集団感染事例: 茨城県6, 保育施設でのEHEC O111集団感染事例8, 未就学児施設でのEHEC O26集団感染事例9, 保育所でのEHEC O26集団感染事例: 群馬県10, 保育施設での同一MLVA type EHEC O26集団感染2事例11, EHEC O26発生事例と併発したEAggEC O126集団感染事例13, 2024年分離EHECのMLVA法による解析15, 2018~2024年韓国渡航関連EHEC感染症16, 2024年感染症発生動向調査届出EHEC感染症におけるHUS18, マクドナルド提供のタマネギによるEHEC食中毒事例調査: 米国19, 東京都の小児病院でのMRBP感染症例の検出20, ジフテリア毒素産生性*C. ulcerans*感染症例の確認: 秋田県22, 兵庫県でのエコーウイルス11型検出・分離状況, 2013~2024年22

月報

Vol.46 No. 5 (No.543)

2025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

(禁、無断転載)

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	(2,252)	(67)
2023	3,826	(2,548)	(67)
2024	3,748	(2,294)	(61)

* 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

(感染症発生動向調査: 2025年4月9日現在届出数)

<特集> 腸管出血性大腸菌感染症 2025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, 2024年

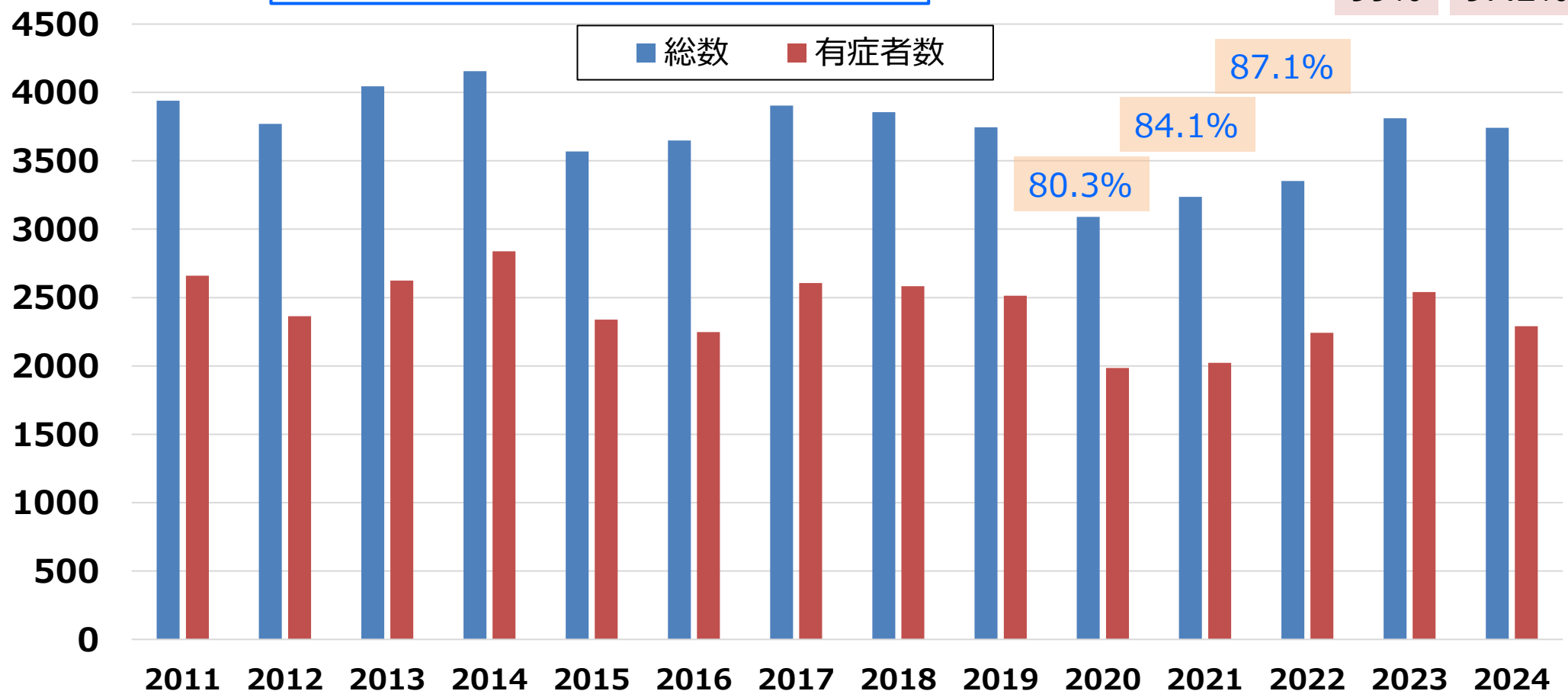
No.	発生場所	発生月日	原因食品	原因施設	摂食者数	患者数	死者数
1	茨城県	1月8日	令和6年1月2日(火)に調理した食事	飲食店	3	1	0
2	茨城県	1月11日	令和6年1月8日(月)に提供された食事(ステーキ等)	飲食店	9	2	0
3	茨城県	1月11日	令和6年1月8日に提供した食事(タンプリング処理された食肉のステーキ)	飲食店	7	3	0
4	福岡県	4月5日	不明【肉料理(焼肉、ハツ刺し等)を含む料理】	飲食店	7	2	0
5	茨城県	4月7日	令和6年4月5日(金)および6日(土)に提供された食事	飲食店	8	2	0
6	福岡県	4月23日	不明(焼肉を含む料理および施設から入手した食材を用い自宅で調理したバーベキューを含む料理)	飲食店	18	9	0
7	石川県	6月24日	不明(当該施設が提供した食事)	飲食店	920	17	0
8	大分県	7月9日	原因施設が令和6年7月6日(土)から10日(水)に調理提供した食事	飲食店	6	3	0
9	福島県	7月15日	不明(令和6年7月14日のバーベキューで喫食した食事)	その他	30	6	0
10	京都府	7月17日	加熱用 細切り肉(牛肉)	家庭	9	8	0
11	福岡県	8月17日	不明【当該施設が令和6年8月14日(水)に提供した食事】	飲食店	8	3	0
12	千葉県	8月25日	ハンバーグ半製品(8月24日製造)を使用したハンバーグ	飲食店	93	52	0
13	東京都	9月16日	不明(令和6年9月12日、9月13日および9月15日に提供した食事)	飲食店	9	4	0
14	佐賀県	9月23日	井戸水	家庭	25	7	0
15	東京都	11月6日	不明【令和6年11月3日に当該施設が提供した食事(焼肉等)】	飲食店	186	3	0
16	福岡県	11月21日	不明(当該施設が令和6年11月17日に提供した食事)	飲食店	4	2	0

厚生労働省・食中毒統計資料「令和6年(2024年)食中毒発生事例」より改変

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

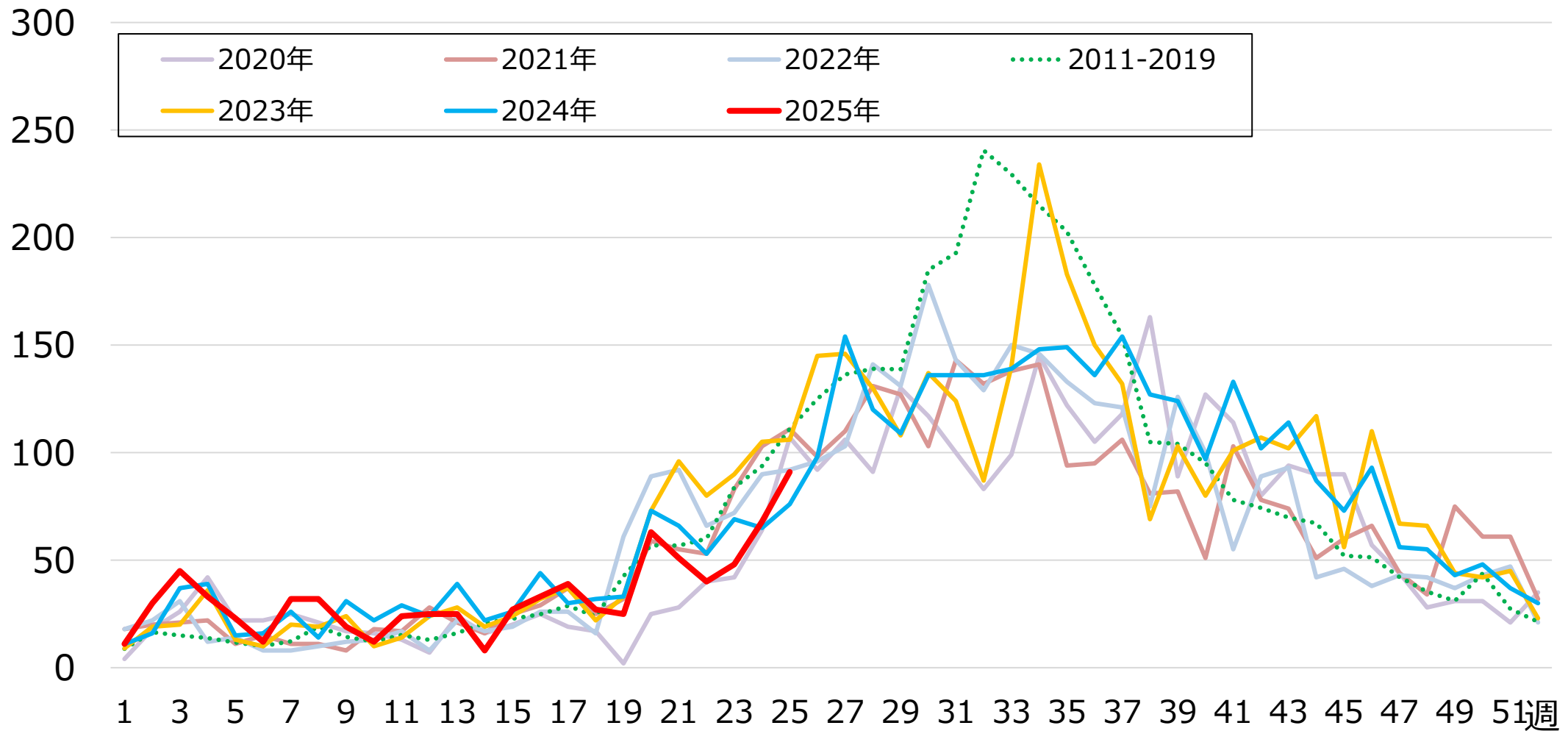
EHEC年次届出数（2011-2024年）

2011-2019年平均：3,848



COVID-19パンデミック発生前のレベルに回帰

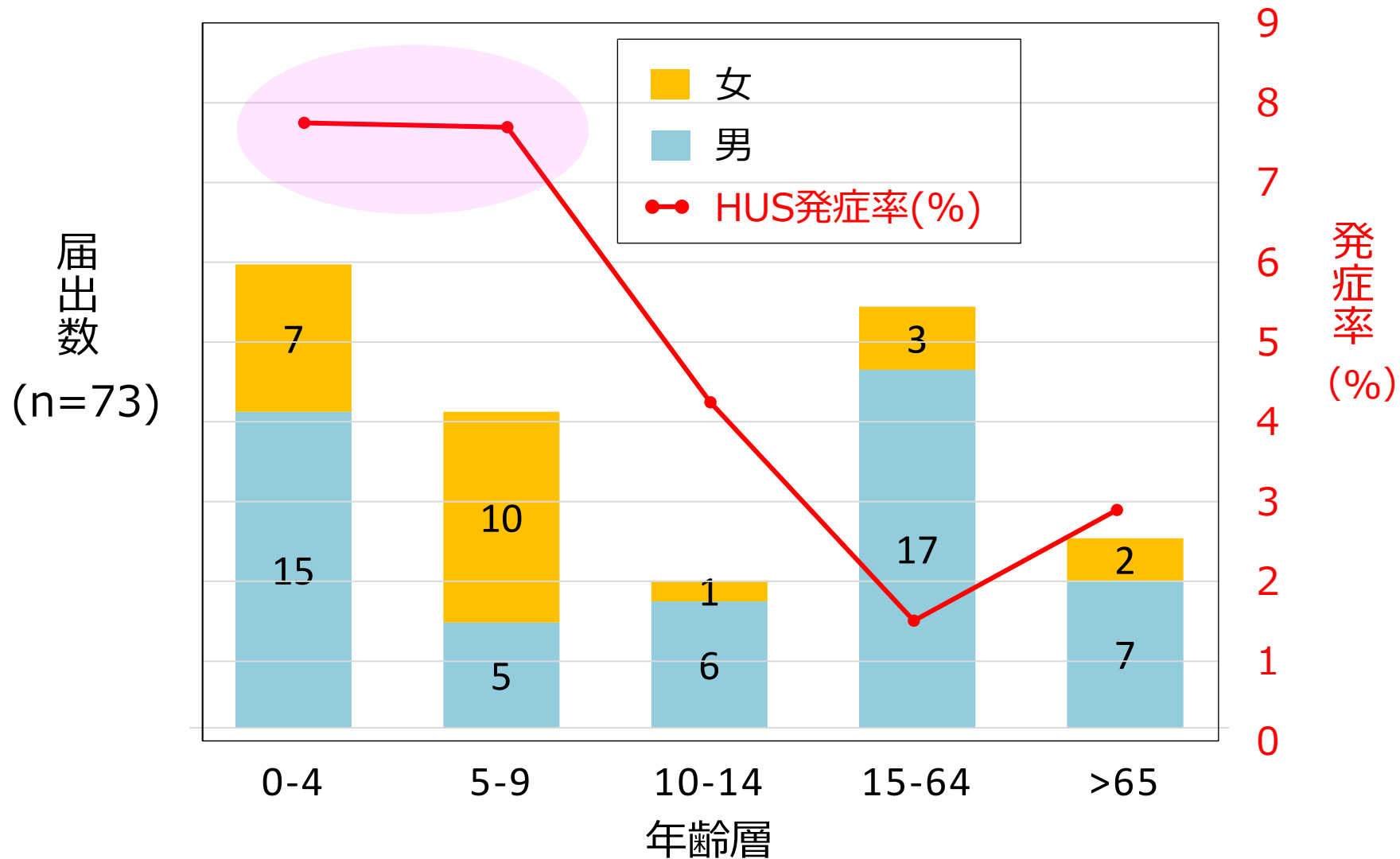
EHEC週別報告数（2025年第25週まで）



2025年第25週までの累積数：843
(2011-2024年の各第25週までの累積数平均：956)

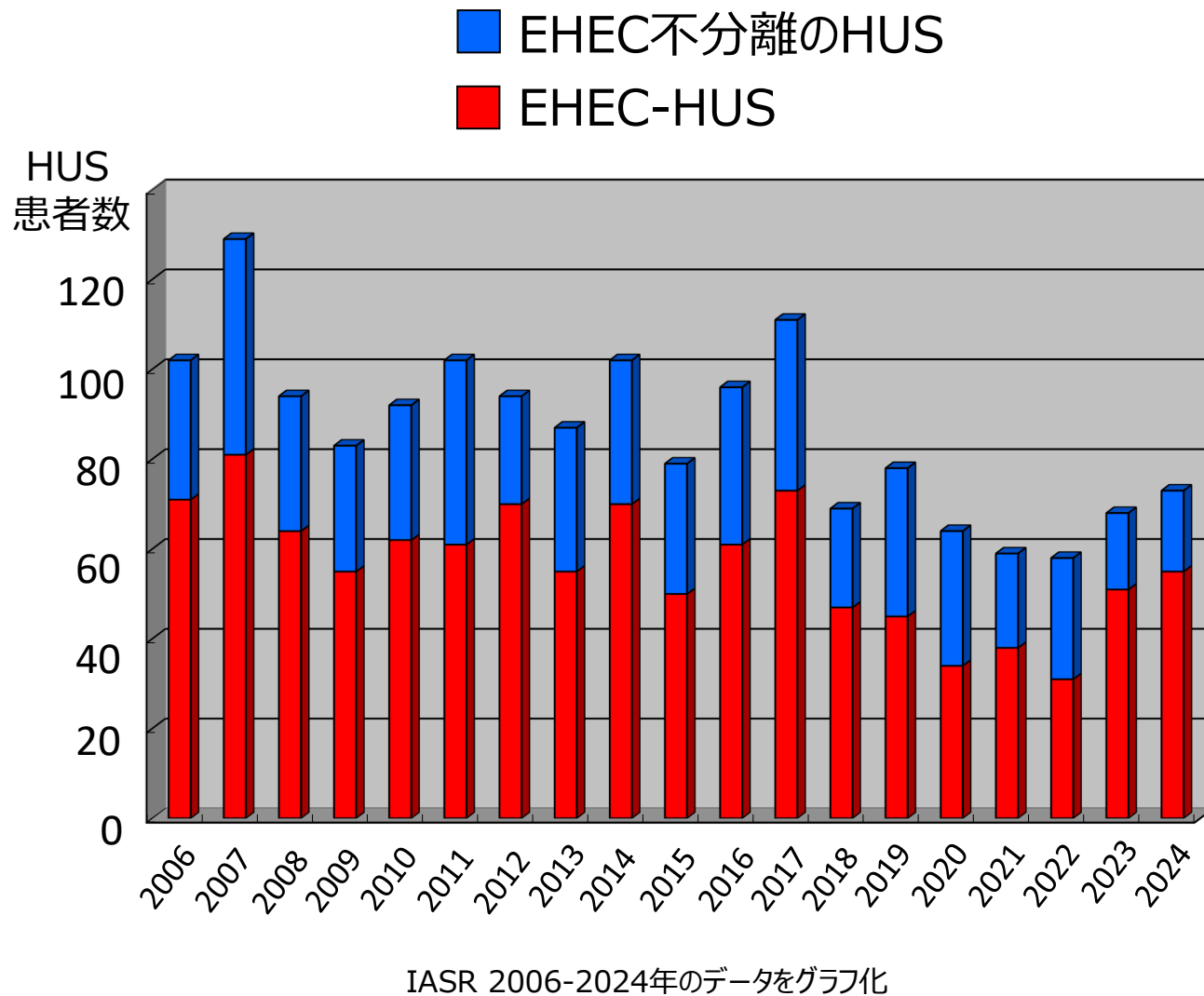
感染症サーベイランスシステム：NESID 集計データをグラフ化、2011-2019年は平均数

年齢群別HUS発症例届出数と有症状者に占める割合 2024年



(感染症発生動向調査：2025年3月6日現在)，IASR 2025年5月号

国内におけるHUS症例数とEHECの分離率



EHEC不分離のHUS症例：
約35%

便中の Stx の検出または
患者血清中の抗大腸菌（主要7血清群）
抗体価の測定。

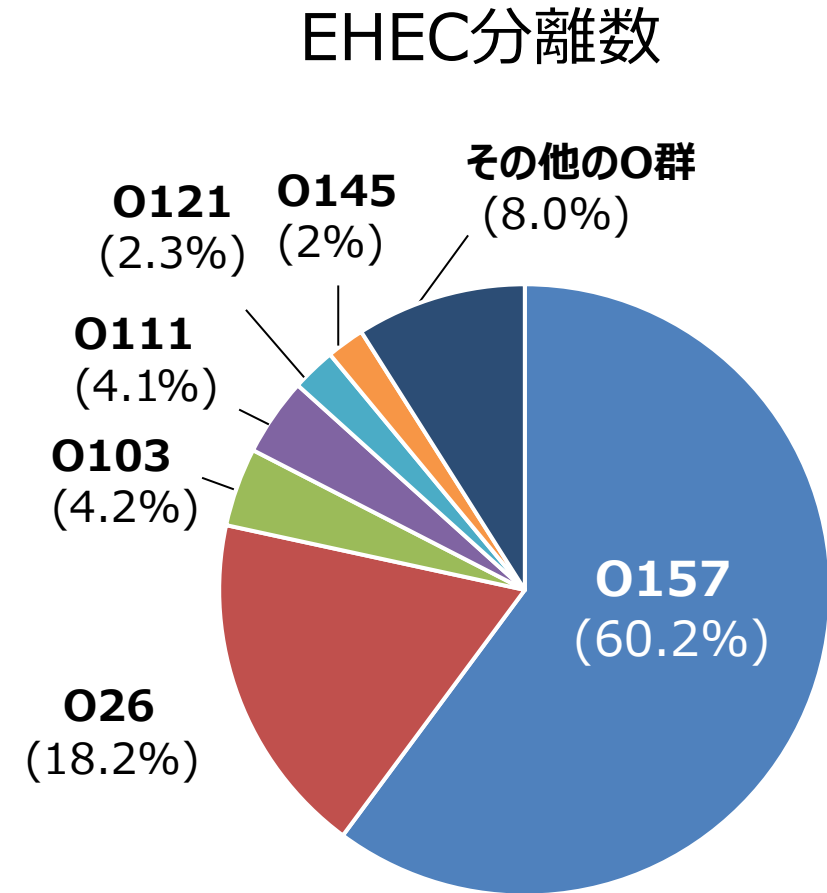
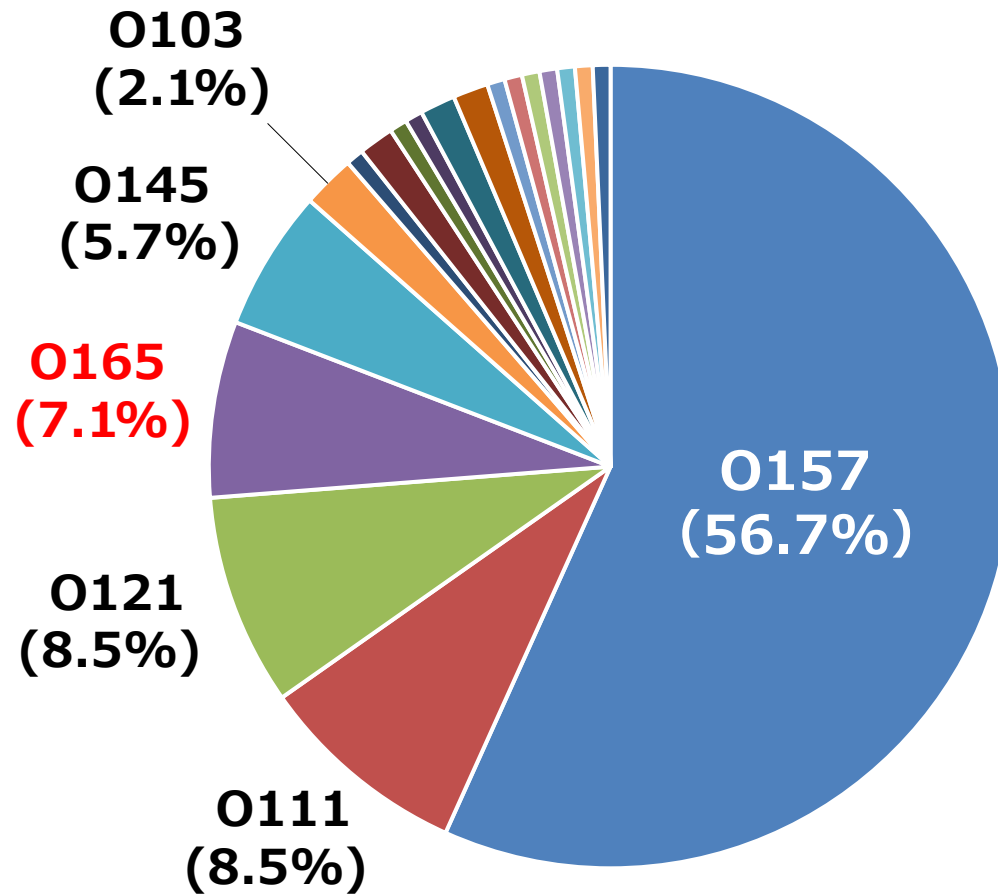


いずれかの検査で陽性であれば EHEC感
染症によるHUS症例と確定診断とすること
が可能。

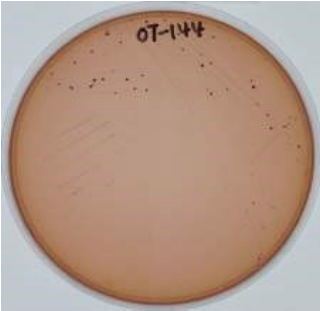
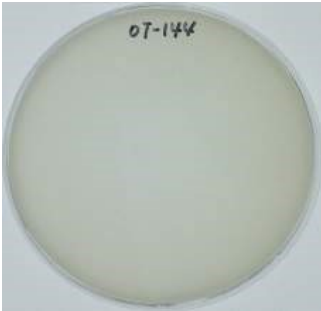
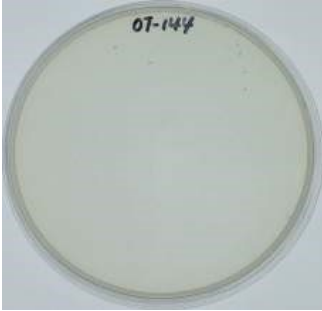
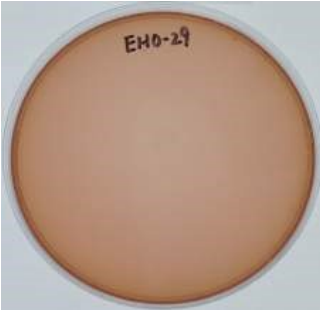
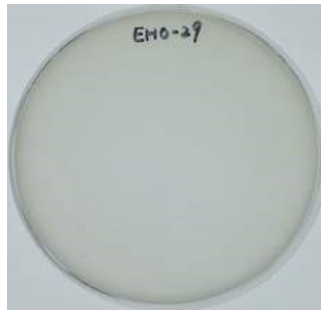
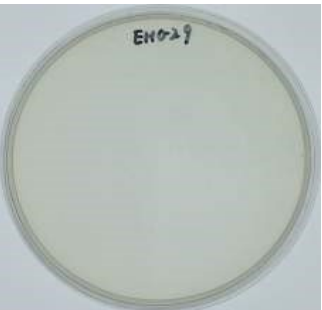
重症例由来主要7血清群：
O157, O26, O111, O121, O103, O145, O165

HUS患者の血清診断 (2009-2024)

陽性数 / 解析件数 = 126/154 (陽性率 81.9%)



市販選択培地上でのO165の生育

	CT-SMAC	クロモアガー STEC	XM-EHEC	“KBM”EHEC 発色基質培地
O165-1				
O165-2				
O157				

腸管出血性大腸菌（EHEC） 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>

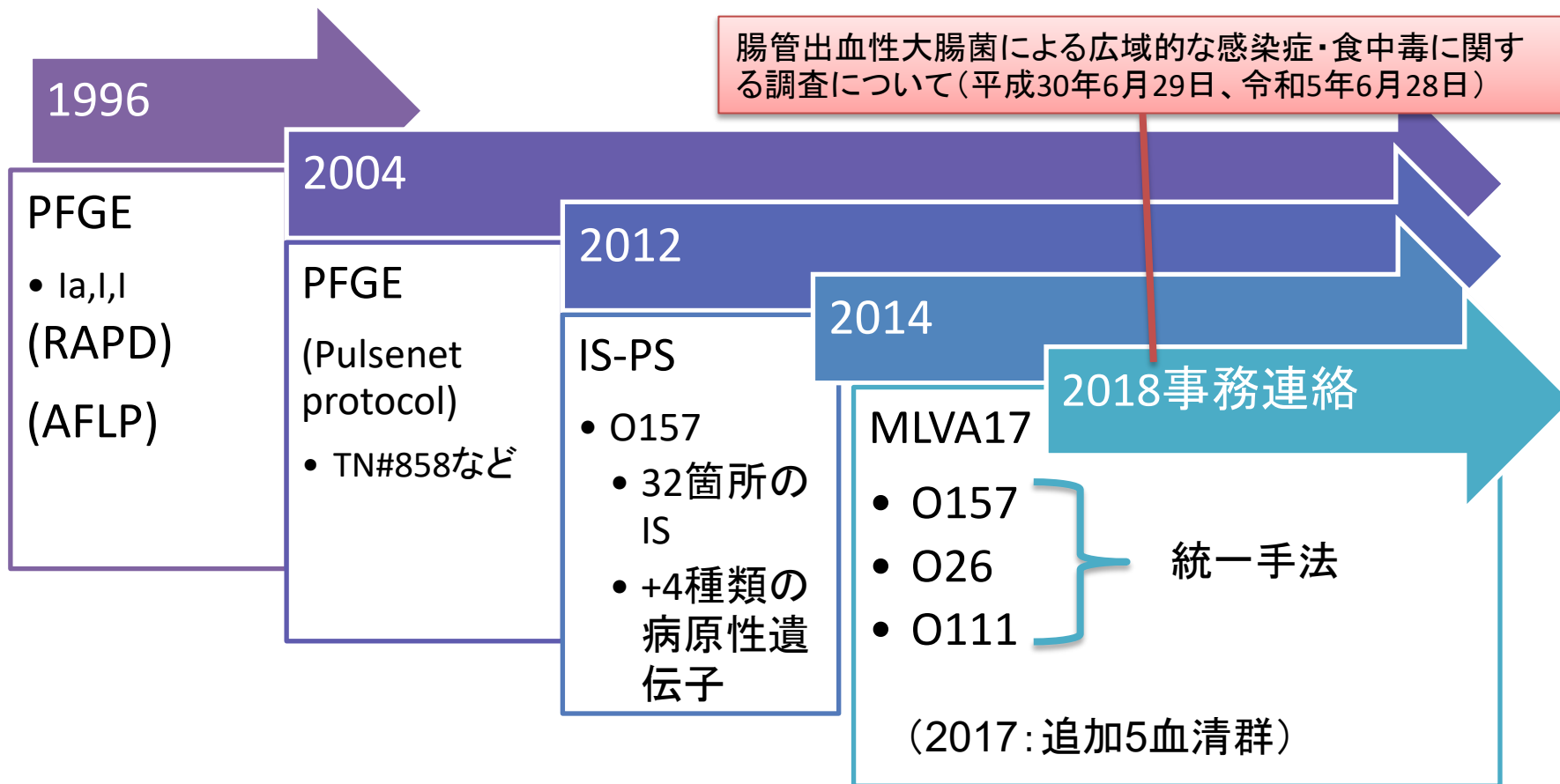
1.	概要	3
2.	EHEC の分離と同定	3
	(1)検体の採取と保存	4
	(2)糞便からの EHEC 分離	4
	(3)EHEC の同定	7
	(4)血清型別	16
3.	血清学的診断法	17
	(1)抗原液の作製と保存	18
	(2)血清の非働化	19
	(3)抗体価測定法	19
	(4)判定	20
4.	EHEC の陰性確認方法	21
5.	参考文献	23
6.	参考資料	24
	(1)免疫磁気ビーズの作製方法	24
	(2) PCR 法による大腸菌血清型判定法	25
	(3) 糞便を対象とした腸管出血性大腸菌検出方法	39
7.	検査依頼先	48
8.	執筆者一覧	48
9.	謝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

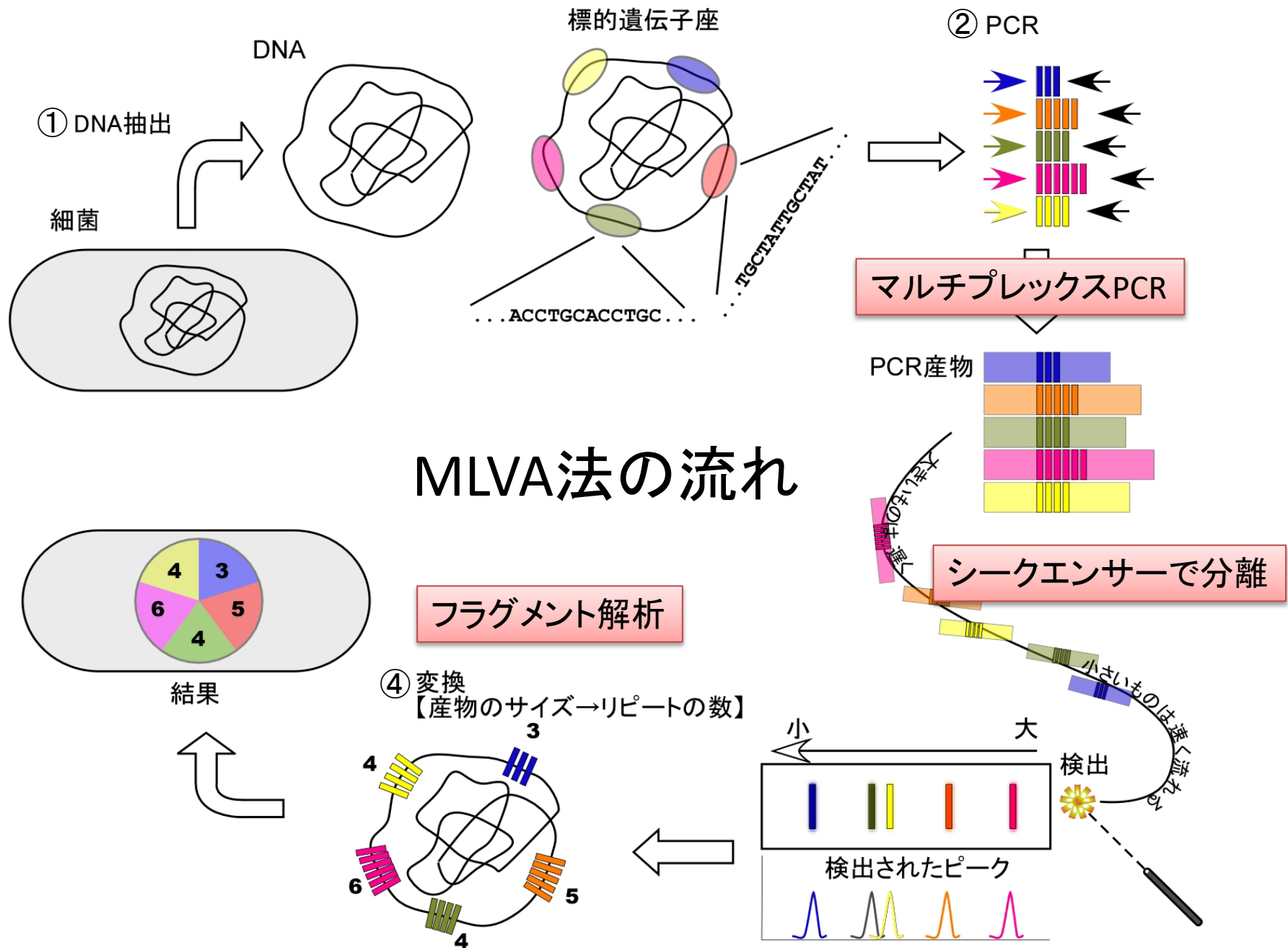
MLVAについて

—EHEC MLVAの運用について

衛生微生物技術協議会
—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、伊豫田 淳

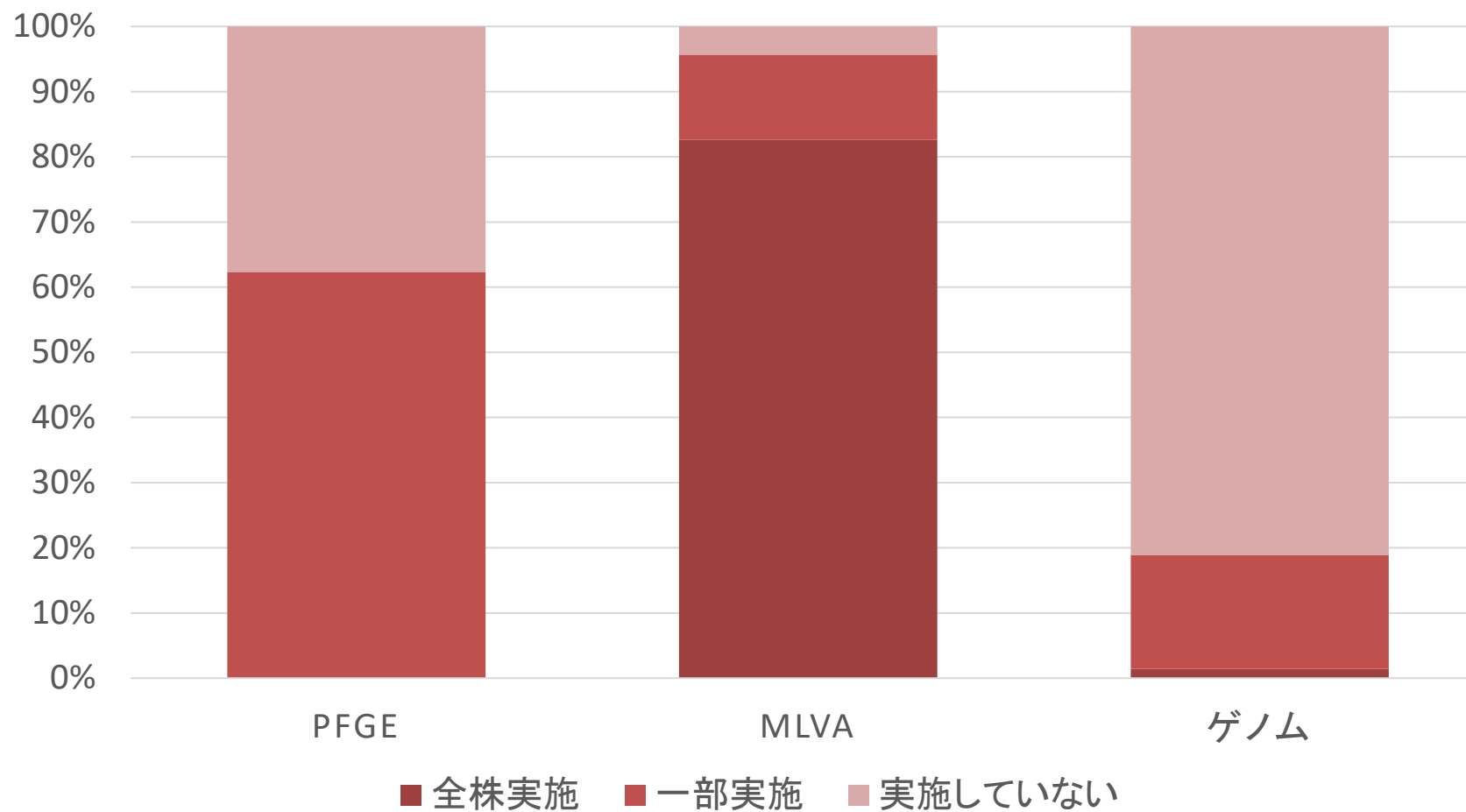
わが国でEHECに使われてきた(いる) 分子疫学解析手法



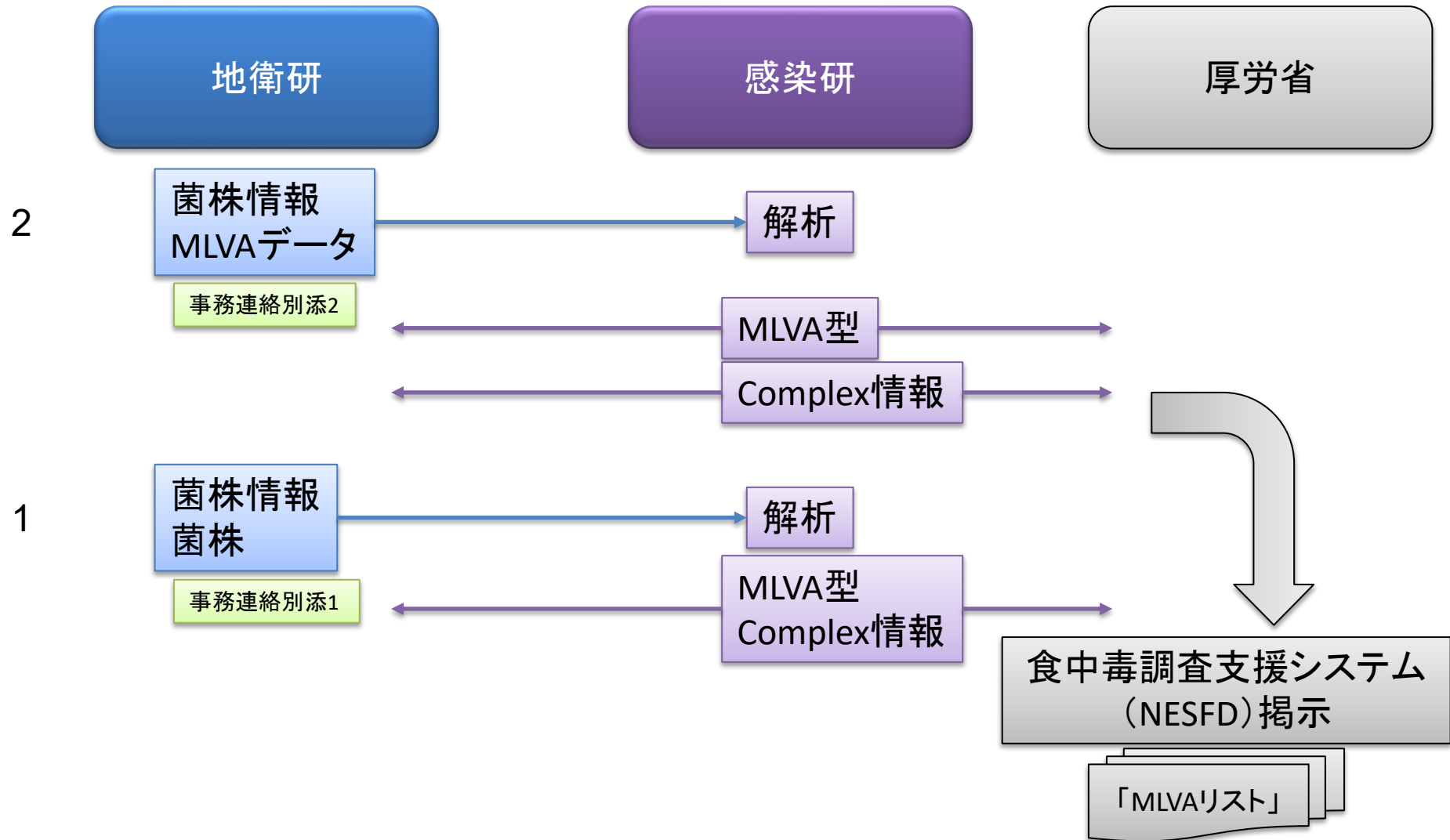


2024年アンケート 解析手法実施状況

N=69



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)



菌株送付用

別添 1、2、3.xlsx - Excel

奥谷秀昌

共有

ファイルホーム挿入ページレイアウト表式データ転送表示開発ヘルプACROBAT

何もしません

貼り付け切り取りコピー書式の貼り付けクリップボード

フォント

配置

数値

スタイル

セル

編集

012

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q
1	別添 1: 地方衛生研究所等の検査実施施設から国立感染症研究所細菌第一部へ菌株を送付する際に添付																
2	発症日	分離日 (不明の場合は診断日)	地研菌株	疫学情報 (散発・集発・症状)		O:H	感染研O:H	VT1	VT2	測定法	MLVAtyp	MLVAcon	PFGE	コ	入手先	NESID#	自治体名
3	2018/4/1	2018/4/7	nnnn1			O157:H7		-	+	P,R,I					yy衛生研究所		A都
4	2018/4/1	2018/4/7	nnnn2			O157:H7		-	+	P,R,I					yy衛生研究所		B県
5	2018/4/1	2018/4/7	OS1			O157:H7		+	+	P					zz衛生研究所		C市
6																	
7	※灰色セルは、感染研入力データ																
8																	
9																	
10																	
11																	
12																	
13																	
14																	
15																	
16																	
17																	
18																	
19																	
20																	
21																	

別添 1 (菌株送付)別添 2 (MLVA結果送付)別添 3 (厚労省→NESFD)

準備完了

表示設定

160%

別添2

MLVAデータ送付用

増幅なしは
「-2」

The screenshot shows an Excel spreadsheet with a table of COVID-19 data. The table has columns for date, patient ID, symptoms, test results, and various codes. A callout box points to the '備考欄' (Remarks column) and contains the text '備考欄: ダブルピークの情報など' (Remarks column: Information on double peaks, etc.).

発症日	分離日 (不明の場合は診断日)	地研菌株 疫学情報	症状	O:H	感染研ID	VT1	VT2	測定法	MLVAtyp	MLVAcor	PFGE	コメン	地方衛生研究所	NESID#	自治体名	H111-1EH111-1EH111-8EH111-57-12EH26-7EHC-1EHC-2EHC-5EHC-6O157-3O157-34O157-9O157-25O157-17O157-19O157-36O157-37	備考
2018/4/1	2018/4/7	nnnn1		O157:H7		-	+	P,R,I					yy衛生研究所	A都			O157-36:2と6のピーク有
2018/4/1	2018/4/7	nnnn2		O157:H7		-	+	P,R,I					yy衛生研究所	B県			
2018/4/1	2018/4/7	OS1		O157:H7		+	+	P					zz衛生研究所	C市			

※灰色セルは、感染研入力データ

備考欄: ダブルピークの情報など

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）

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

MLVAデータ精度確認について

地衛研データ

感染研データ

比較

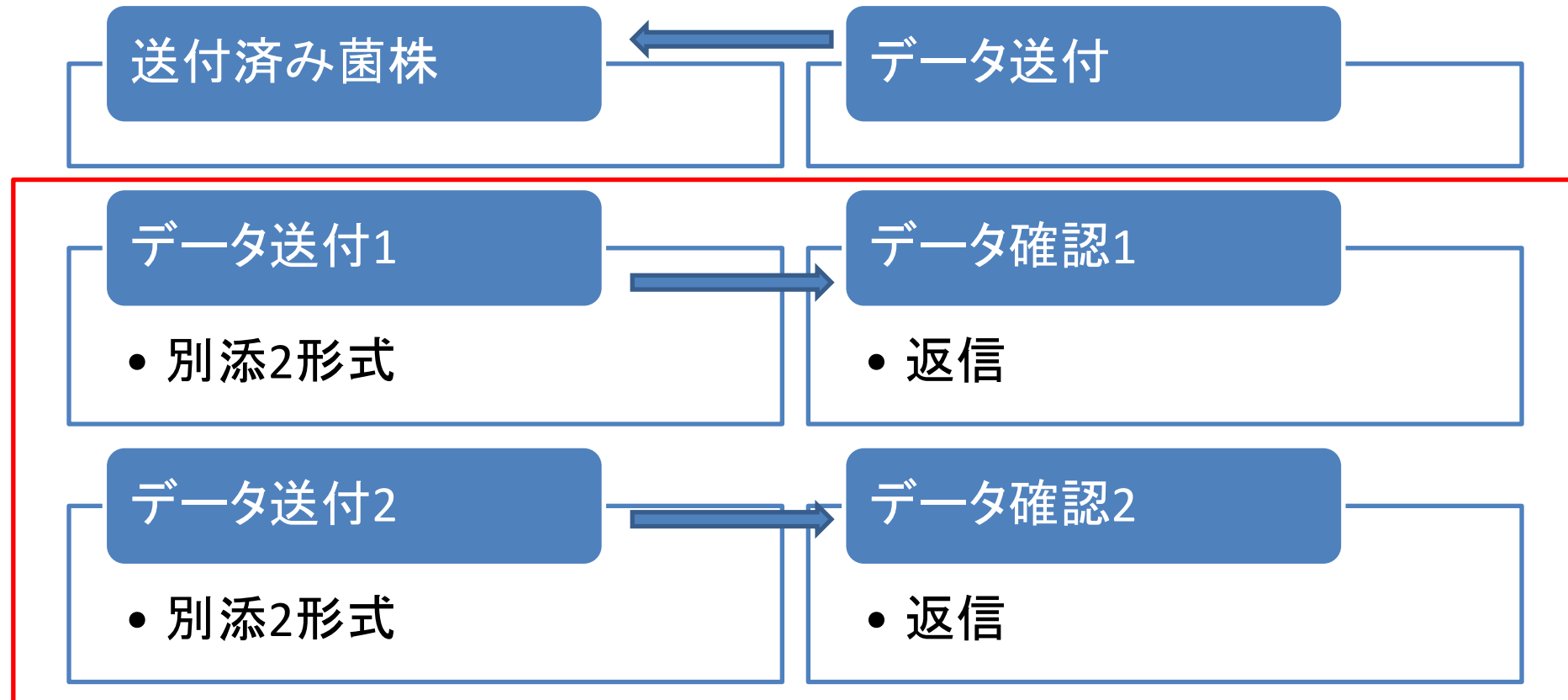
一致 : 1
不一致: 0

テーマ		ページ設定																拡大縮小印刷		シートのオプション	
B34		coYYYYYY																			
	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U
1	地衛研データ	感染研データ	EH111-117	EH111-146	EH111-80	EH187-12N	EH26-7D	EH2C-1Q	EH2C-2C	EH2C-5S	EH2C-8U	O187-2W	O187-24Y	O187-9M	O187-25J	O187-17Z	O187-19L	O187-36AA	O187-27V		
2	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	5	4	-2	-2	11	11	15	7	7	5	3	7		
3	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	5	4	-2	-2	11	11	15	7	7	5	3	7		
4	coYYYYYY		2	-2	1	5	-2	12	4	-2	-2	14	9	12	5	5	7	9	7		
5	coYYYYYY		2	-2	1	1	-2	8	5	10	-2	-2	9	12	2	3	7	8	9		
6	coYYYYYY		2	1	1	2	3	7	35	-2	-2	-2	1	8	2	-2	1	-2	-2		
7	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	5	4	-2	-2	8	12	11	7	7	5	3	5		
8	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	11	5	-2	-2	4	9	-2	3	5	7	6	5		
9	coYYYYYY		2	-2	1	3	-2	8	9	-2	-2	17	12	11	3	9	7	4	4		
10	coYYYYYY		2	-2	1	3	-2	8	9	-2	-2	17	12	11	3	9	7	4	4		
11	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	11	5	-2	-2	4	9	-2	3	5	7	6	5		
12	coYYYYYY		3	1	7	2	-2	6	17	-2	3	-2	3	9	2	-2	1	-2	4		
13	coYYYYYY		4	1	5	2	-2	13	10	-2	3	-2	3	13	2	-2	1	-2	12		
14																					
15																					
16																					
17																					
18			EH111-117	EH111-146	EH111-80	EH187-12N	EH26-7D	EH2C-1Q	EH2C-2C	EH2C-5S	EH2C-8U	O187-2W	O187-24Y	O187-9M	O187-25J	O187-17Z	O187-19L	O187-36AA	O187-27V		
19	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	5	4	-2	-2	11	11	15	7	7	5	3	7		
20	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	5	4	-2	-2	11	11	15	7	7	5	3	7		
21	coYYYYYY		2	-2	1	5	-2	12	4	-2	-2	14	9	12	5	5	7	9	7		
22	coYYYYYY		2	-2	1	1	-2	8	5	10	-2	-2	9	12	2	3	7	8	9		
23	coYYYYYY		2	1	1	2	3	7	35	-2	-2	-2	1	8	2	-2	1	-2	-2		
24	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	5	4	-2	-2	8	12	11	7	7	5	3	5		
25	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	11	5	-2	-2	4	9	-2	3	5	7	6	5		
26	coYYYYYY		2	-2	1	3	-2	8	9	-2	-2	17	12	11	3	9	7	4	4		
27	coYYYYYY		2	-2	1	3	-2	8	9	-2	-2	17	12	11	3	9	7	4	4		
28	coYYYYYY		2	-2	1	4	-2	11	5	-2	-2	4	9	-2	3	5	7	6	5		
29	coYYYYYY		3	1	7	2	-2	6	17	-2	3	-2	3	9	2	-2	1	-2	4		
30	coYYYYYY		4	1	5	2	-2	13	10	-2	3	-2	3	13	2	-2	1	-2	12		
31																					
32																					
33	地衛研データ	感染研データ	EH111-117	EH111-146	EH111-80	EH187-12N	EH26-7D	EH2C-1Q	EH2C-2C	EH2C-5S	EH2C-8U	O187-2W	O187-24Y	O187-9M	O187-25J	O187-17Z	O187-19L	O187-36AA	O187-27V		
34	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
35	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
36	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
37	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
38	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
39	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
40	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
41	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
42	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
43	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
44	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
45	coYYYYYY		1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	
46																					
47																					
48																					
49																					
50																					

型名付与開始までの流れ

地衛研

感染研



送付済み菌株に関して、複数回感染研にてデータ確認(答え合わせ)を実施し、特に問題がなければ型名付与をお受けします。

型名付与開始後の注意点

定期的な精度確認

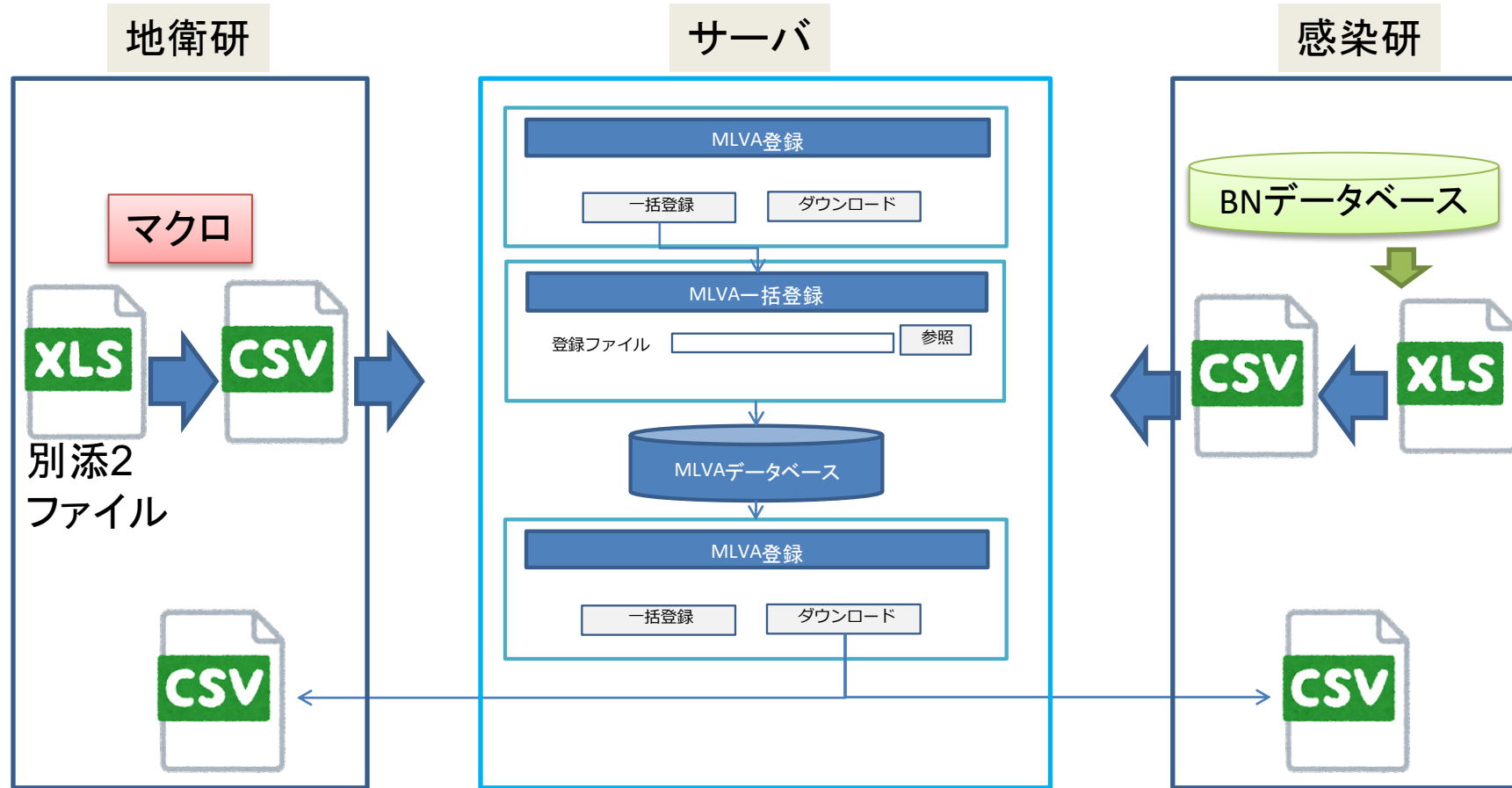
- 型名付与を行っていても、定期的に（最低年1回）、一部もしくはすべての株を送付して、データの確認を実施してください。

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システム

型名付与が可能
になった後の段階



オンラインでMLVA型が取得できます



MLVAシステム

メールベースの型名付与の処理において、

- 送付データに明らかな問題がないこと
- ほぼリアルタイムにMLVA検査を実施してデータを送っていただいていること
- 精度確認において特段の問題が見られないこと



MLVAシステムが利用可能となります。

MLVAシステム

マクロによるcsvファイル作成時の注意点

エラーメッセージの内容をメモ

- 元のエクセルデータを確認してください。

変換されたcsvファイルを開けない

- エクセルで開いたときにcsvファイルが書き換わる可能性があるため
- NESID番号が「2.03E+13」になることがあります

不明な点がありましたら、システムに登録せず、メールでお問い合わせください。

MLVAシステム 登録にあたって

データベース検索機能（自動）

- 登録データベース内に同じMLVA型のデータがある場合
 - 登録時にメッセージが表示されます
 - ダウンロード（1回目）
 - メッセージを閉じた後、通常の結果のダウンロード（2回目）

MLVAシステム 登録にあたって

重複データの登録の禁止

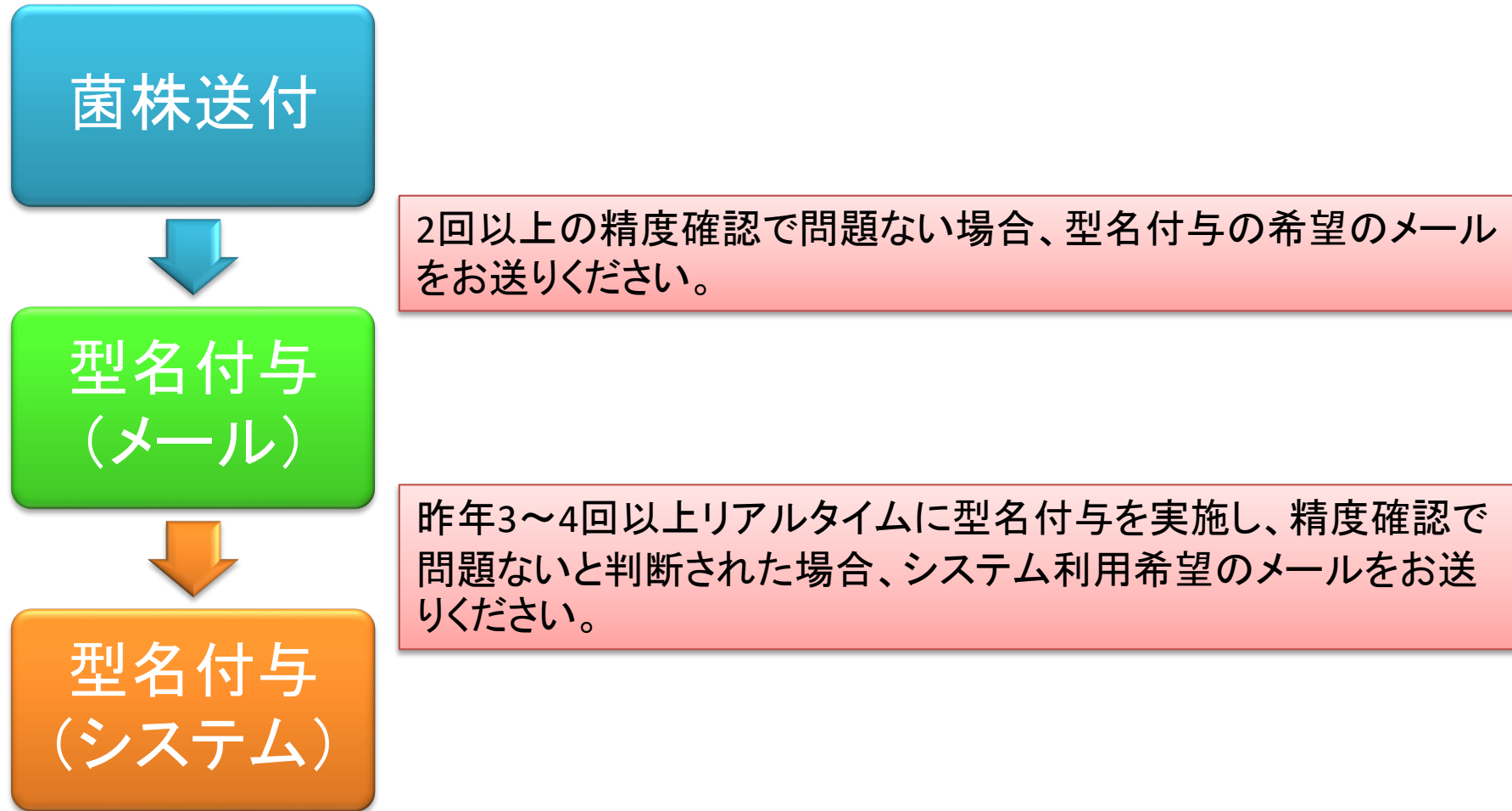
- すでに菌株を送付してMLVA型を取得している株については、MLVAシステムを使ってデータを登録しないでください
- 当該データについてはメールにて照会ください



担当者が変わる場合には、改めて手順、および注意点の確認をお願いいたします。

型名付与の希望

システム利用の希望



精度確認 (答え合わせ)

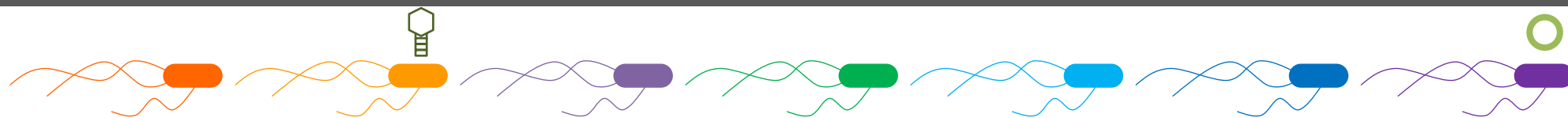
- メールベース、システム経由にかかわらず、定期的に菌株を送付し、精度確認を実施してください。
 - シーズンオフ中
 - 担当が変わった際
- データ送付時の菌株番号と菌株送付時の菌株番号を一致させるようにしてください。



お知らせ

- 7月以後は2025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いたします。

細菌ゲノム解析パイプライン (SNPcaster)説明資料



感染研・細菌第一部

李 謙一

細菌ゲノム解析パイプライン (SNPcaster)の概要を 簡単に説明します

- ・詳細はウェブ上のマニュアルを参照
- ・9月以降に講習会をします

できること

イルミナシークエンサーのデータを使って...

- ・ショートリードデータのクオリティチェック

 - データのチェック

- ・アセンブリ

 - 病原性因子・耐性遺伝子検出等に
使用可能なドラフトゲノム作製

- ・コアゲノム(cg)SNP解析

 - 系統解析

概要

Grape_qc_assembly

アセンブリ・クオリティチェック用

SNPcaster

SNP解析用

ショートリード(FASTQ)

trimming (fastp)

Coverage計算

Assembly
(SPAdes or SKESA)

CheckM,QUAST

・QC summary
・Draft genome

BactSNP

データ変換

Snippy

データ変換・クラスターSNP/
リピート除去

Gubbins

組換え領域除去

cgSNP

系統解析等
(RAXML-NG/IQTREE)

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

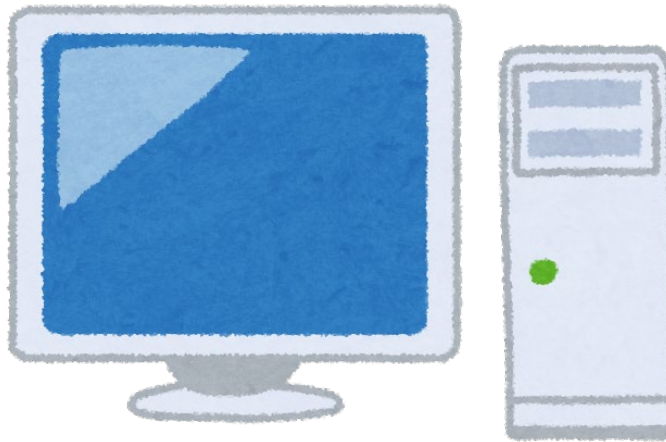
Dockerコンテナ

SNPcaster

grape_qc_
assembly

簡単
インストール

対応OS



良いこと① インストールが簡単

1. Rancher Desktop/Docker Engine/
Docker Desktopをインストール

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

File Edit View Run Kernel Tabs Settings Help

Filter files by name

/ new_analysis_2025-04-28 /

Name Last Modified

qc_assembly_20250428_103727_list_fastq.tsv 22 days ago

qc_assembly_20250430_114017_list_fastq.tsv 22 days ago

snpcaster_20250509_144130_list_2.txt 13 days ago

configuration_ehec.txt a month ago

DRR147067_500_L001_R1_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147067_500_L001_R2_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147069_500_L001_R1_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147069_500_L001_R2_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147072.fas 2 years ago

DRR147075_500_L001_R1_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147075_500_L001_R2_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147079_500_L001_R1_001.fastq.gz 2 years ago

DRR147079_500_L001_R2_001.fastq.gz 2 years ago

grape_qc_assembly.ipynb 22 days ago

grape_qc_assembly.log 22 days ago

list_2.txt 22 days ago

list_art 2 years ago

list_fastq.tsv 22 days ago

list_test 2 years ago

list.txt 24 days ago

mask.tsv 2 years ago

O111_11128.fas 3 years ago

O26_11368.fas 3 years ago

SNPcaster_quickstart.ipynb 13 days ago

SNPcaster.ipynb a month ago

SNPclipper_gubbins.ipynb a month ago

SNP解析 (SNPcaster) Notebook

解析手順

※ 解析前にデータのQuality check(grape_qc_assembly)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ク&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、菌株名で始め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。

- イルミナフォーマット (e.g. strain_500_L001_R1_001.fastq.gz)
- シンプルフォーマット (e.g. strain_R1.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

コーディングや完全配列しかない場合には、art_fq_generator.shでFASTQファイルを作製します。

ファイルブラウザ

ファイル名とそれに紐づくRead1・2ファイル名を記載したtsv(タブ区切り)ファイルを指定する。

fastq_listは以下のフォーマットで入力してください

strain1 strain1_R1.fastq.gz strain1_R2.fastq.gz

strain2 strain2_R1.fastq.gz strain2_R2.fastq.gz

!!! コマンド実行 !!!

```
[ ]: ##### パラメータを設定 #####
# 参照FASTQファイル
reference = 'Sakai_BA000007.fastq'
# 参照リストファイル
list = 'list.txt'
# RefSNPのアレル頻度 (--allele-freq)
allele_freq = 0.9
# 集団SNP (cluster SNP) で削除したい期間
cluster = 0
# gubbins実行する1、しない0
gubbins = 0
# RefSNP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#を追加してください
fastq_list = 'list_fastq.tsv'
# mask処理を行う場合、以下の行の#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 SNPcaster #####
extra_options = ""
extra_options += "-f" if (fastq_list) and "fastq_list" in locals() and fastq_list else ""
extra_options += "-d" if (mask) and "mask" in locals() and mask else ""

bash snpcaster.sh \
  -r reference \
  -i list \
  -a allele_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

必要なPCスペック

- どのOSでもOK



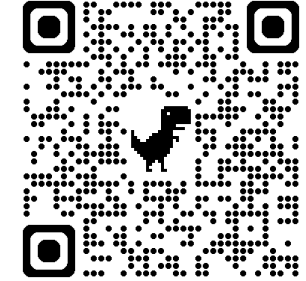
- メモリは10GB位～
- 50GB～の空き容量

→ 高級なPCでなくてもOK

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

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

2025年9月以降に、インストール・使用法の講習会(Zoom)を予定しています。

希望される方は、下記サイトからご登録ください。
日程が決定次第、ご連絡します。

<https://forms.gle/JaFiv6oUQeRm5veK6>

または李までメール(leek@niid.go.jp)

不明な点は衛微協(札幌)でも聞いてください！

