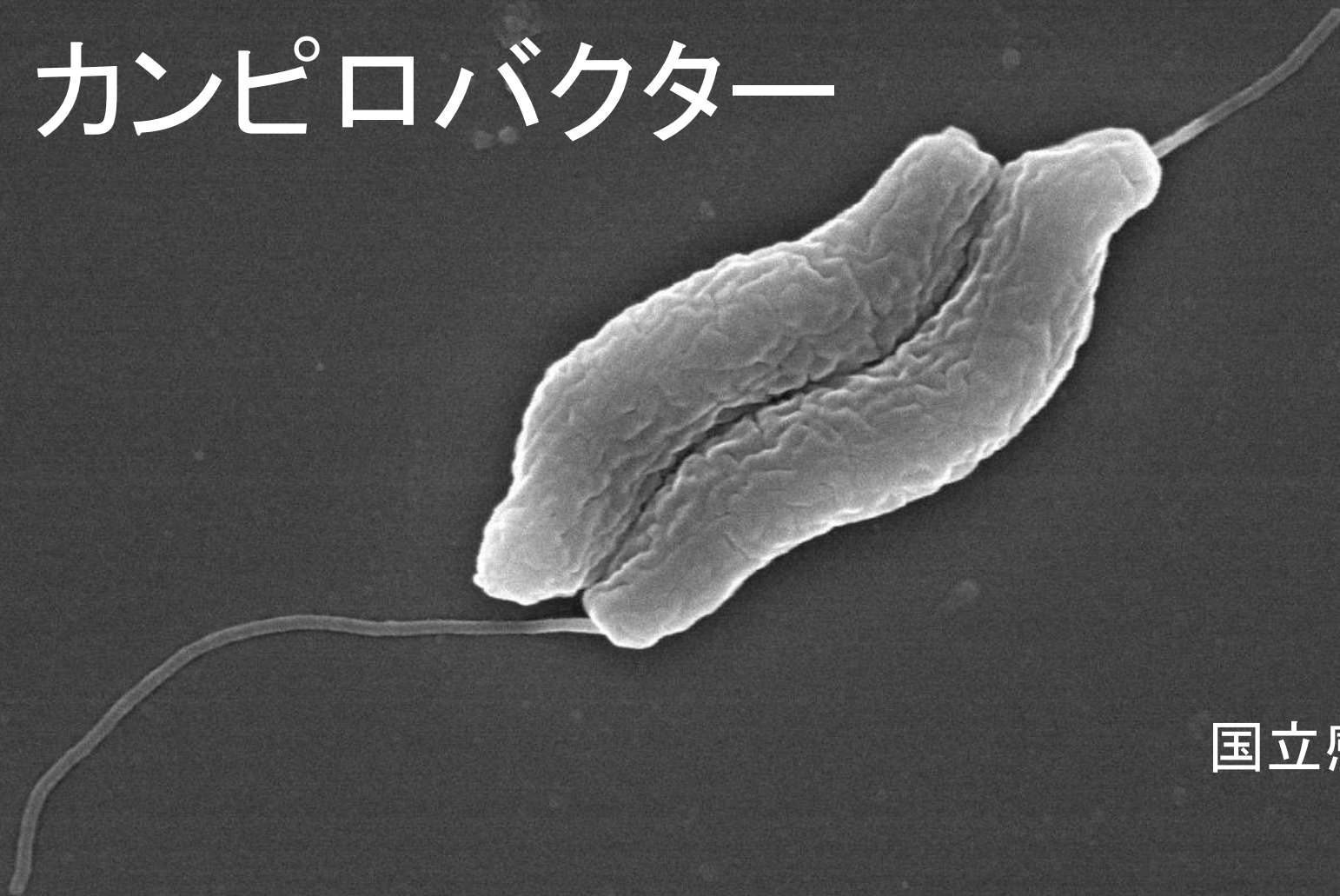


令和6年7月10日(水)
衛生微生物技術協議会第44回研究会
リファレンスセンター会議

カンピロバクター



国立感染症研究所
細菌第一部
山本 章治
yshouji@niid.go.jp

本日の内容

- リファレンスセンター報告
山本 章治(国立感染症研究所・細菌第一部)
公開可能な資料のみ感染研ホームページに後日掲載予定
- 事例報告
緩詰 沙耶(石川県保健環境センター・細菌グループ)
- リファレンスセンター内打ち合わせ

厚労科研：新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業研究 わが国の病原体検査の標準化と基盤強化、ならびに、公衆衛生上重要な感染症の 国内検査体制維持強化に資する研究

I. 研究の背景・意義

- (1) 新型コロナウイルス感染症、薬剤耐性菌等の感染症アウトブレイク、ジカ熱・デング熱等の再興感染症など国民生活に脅威となる感染症は継続的に発生しており、平時から病原体の特定やサーベイランスによる感染拡大状況の把握が必須であるが、全国で統一的な公的検査体制は存在しない。
- (2) 全国的な公的検査体制として、地衛研と感染研で運用しているラボネットワークとしてレファレンスセンターが疾病毎に機能している。公衆衛生上求められる各種病原体検査を全国規模で実施できるレファレンスセンターの活用は、国の感染症対策における検査システムとして現実的な手段である。
- (3) 公衆衛生上重要な感染症が新規に発生した場合も世界的な感染症情報を活用し、国立感染症研究所において病原体のゲノム情報等を解析し検査法を確立することで、迅速に新規の検査を自治体で実施できる体制を整備する必要がある。

II. 研究の目的

- (1) 公衆衛生上重要な感染症の検査を全国規模で正確に行うことを可能にすること。
- (2) 感染症法で対応すべき疾患に関して感染研と全国の地衛研が相互に協力して対応し検査体制および精度の水準を維持すること。
- (3) 公衆衛生上重要な感染症が新規に発生した場合も世界的な感染症情報を活用し、国立感染症研究所において病原体のゲノム情報等を解析し検査法を確立することで、迅速に新規の検査を自治体で実施できる体制を整備する必要がある。

令和6年度カンピロバクターリファレンス委員会

ブロック等	担当者	所属	活動内容
世話人	山本 章治	国立感染症研究所 細菌第一部	<ul style="list-style-type: none"> • 簡便で精度が高い型別法の導入 • その他試験法の改善・導入の検討 • 年あたり散发事例由来100株以上のサーベイランス
北海道・東北	今野 貴之	秋田県健康環境センター 保健衛生部	
関東・甲信越	小西 典子	東京都健康安全研究センター 微生物部	
東海・北陸	山田 和弘	愛知県衛生研究所 生物学部	
近畿	坂田 淳子	大阪健康安全基盤研究所 微生物部	
中国・四国	大塚 仁	山口県環境保健センター 保健科学部	
九州・沖縄	伊豆 一郎	熊本県保健環境科学研究所 微生物科学部	
オブザーバー	山崎 栄樹	国立医薬品食品衛生研究所 食品衛生管理部	

カンピロバクター食中毒(≒腸炎)

感染後2日から7日程度の潜伏期間を経て発症する下痢を主症状とした腸炎

カンピロバクター属細菌のうち

食中毒の原因となる種は. . . .

Campylobacter jejuni subsp. *jejuni*: 90%以上

Campylobacter coli: 数%

食品衛生法:カンピロバクター食中毒
感染症法:感染性胃腸炎(5類感染症)
バイオセーフティレベル:BSL2

腸炎による致死率は極めて低いが (< 0.1%)、**ギラン・バレー症候群(GBS)**、**反応性関節炎**、**炎症性腸疾患**などを併発し、健康に重大な被害を及ぼす場合がある。

その他、敗血症、髄膜炎などの症状

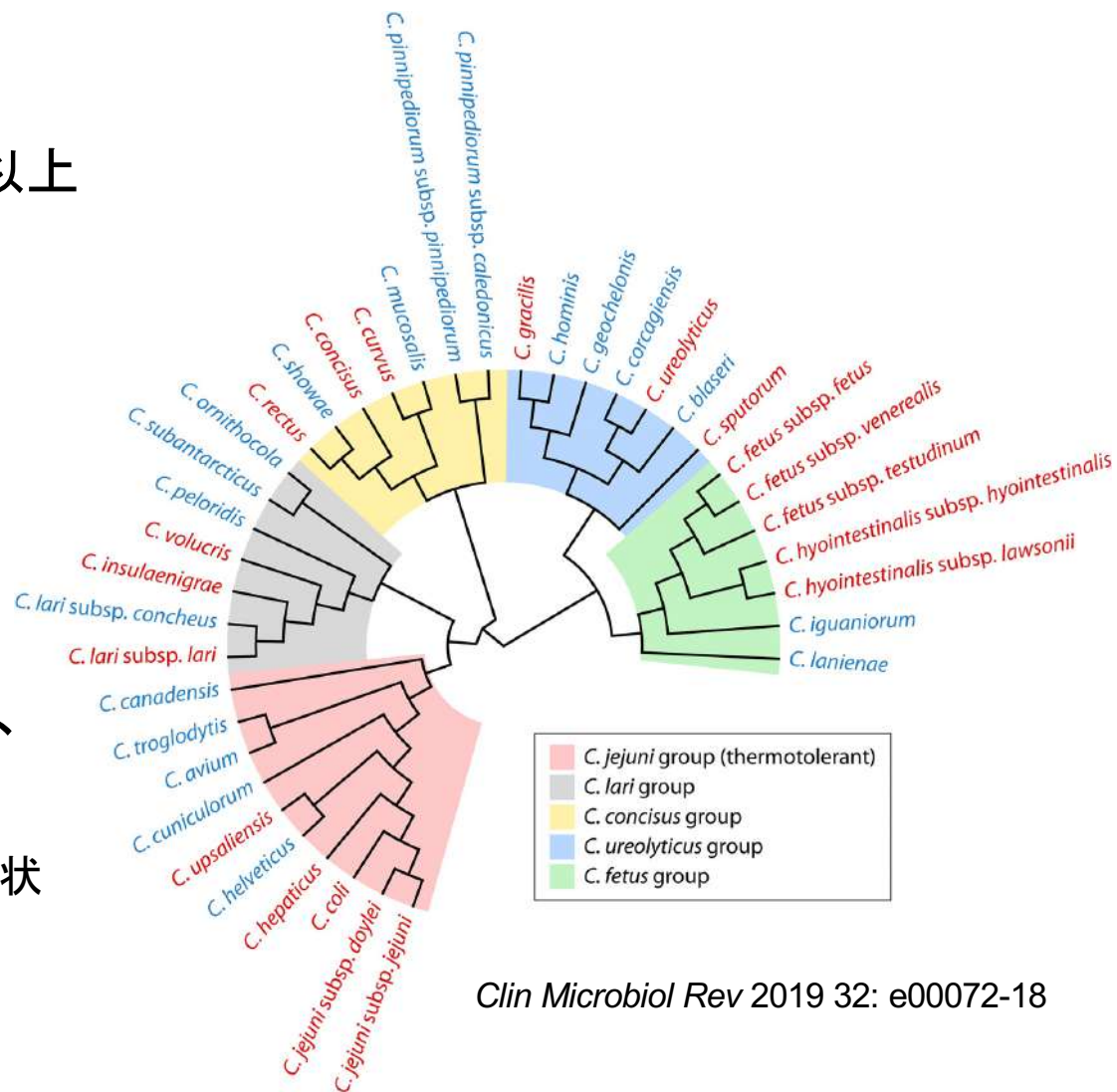
C. fetus subsp. *fetus*

C. lari subsp. *lari*

C. upsaliensis

C. ureolyticus

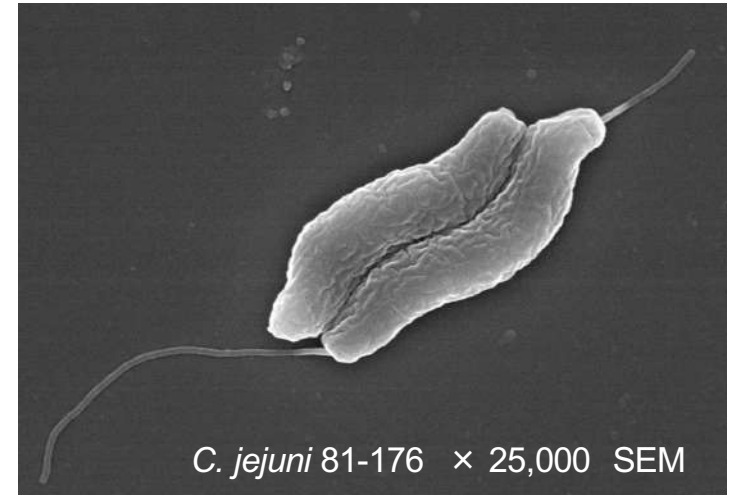
など



Clin Microbiol Rev 2019 32: e00072-18

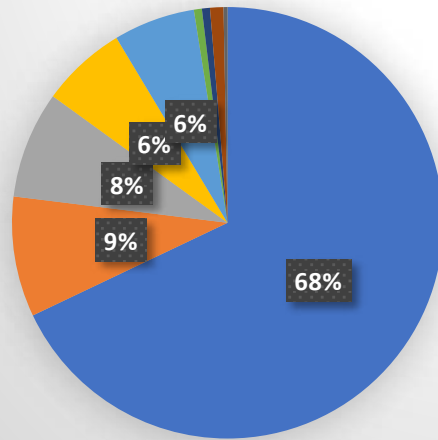
細菌学的特性

- グラム陰性細菌
- 特徴的なS型螺旋状の形態
- 両極にべん毛を保有、高い運動性あり
- 微好気性(3~15% O₂)で大気中では増殖不能
- 好湿性で乾燥に弱い
- 30~46°Cの範囲で増殖可能(一部例外あり)
- オキシダーゼ陽性、カタラーゼ陽性、その他生化学的性状の有無
- アミノ酸代謝系が発達、糖代謝系は未発達(一部例外あり)
- 病原因子としてべん毛、LOS、CPSなどの菌体表層構造やCDT毒素が挙げられる(腸炎の発症に関わる決定的な因子は不明、GBSの発症には特異的なLOS構造が関与)
- 相変異によって理論的に1つの菌個体から26万~5,500億通りの遺伝的に異なるバリエーションをつくるのが可能



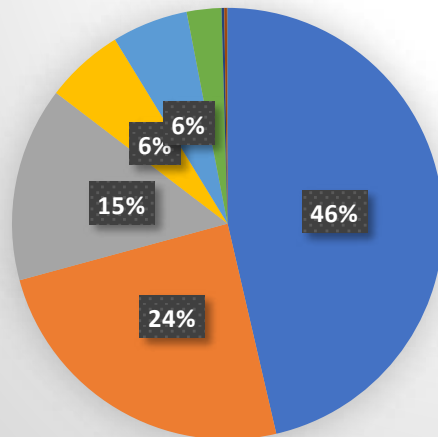
2023年 細菌性食中毒の国内発生状況

事件数 (311)



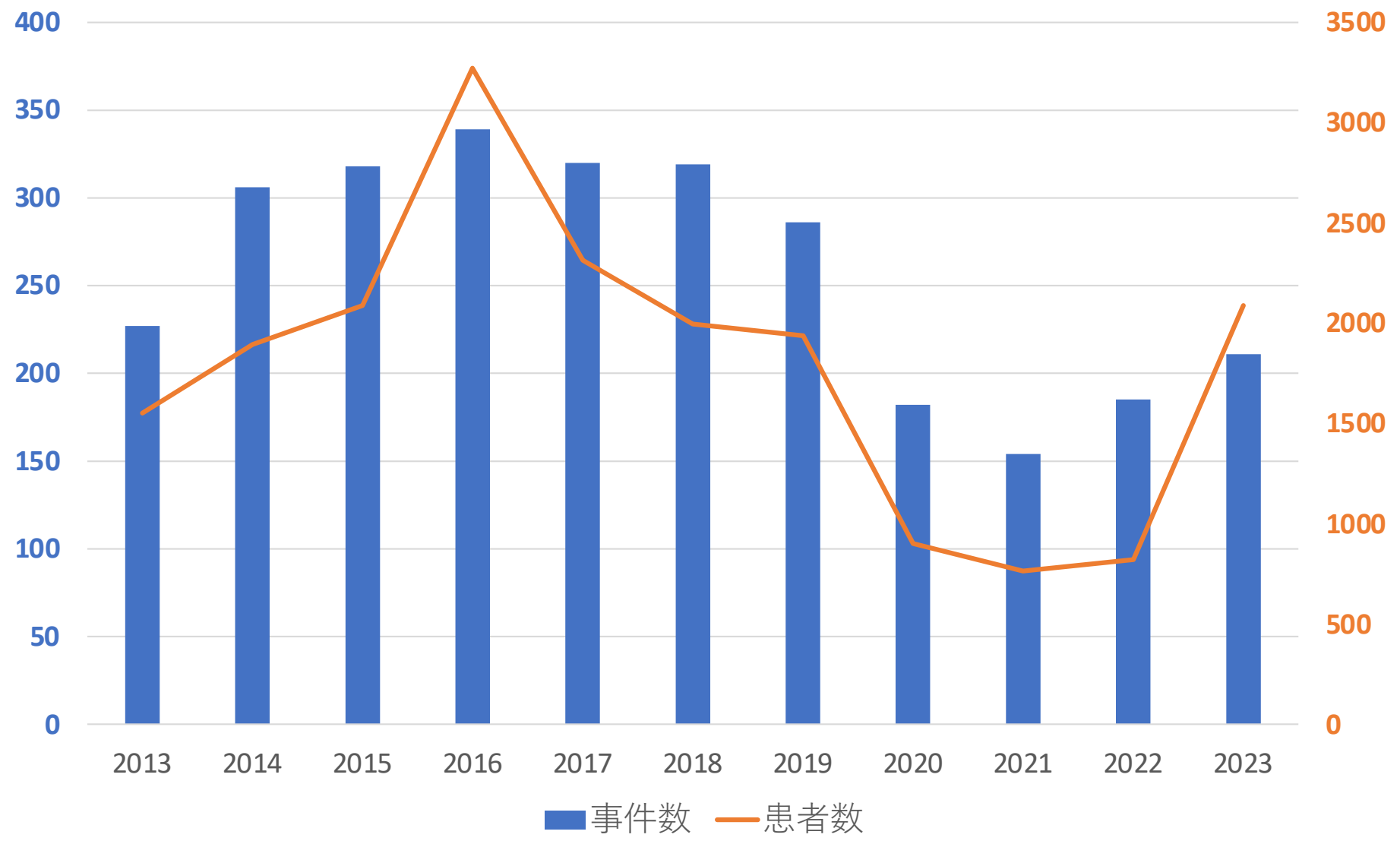
- カンピロバクター・ジェジュニ/コリ
- ウエルシュ菌
- サルモネラ属菌
- ぶどう球菌
- 腸管出血性大腸菌 (VT産生)
- 腸炎ビブリオ
- セレウス菌

患者数 (4,501人)



- カンピロバクター・ジェジュニ/コリ
- ウエルシュ菌
- サルモネラ属菌
- 腸管出血性大腸菌 (VT産生)
- ぶどう球菌
- その他の病原大腸菌
- セレウス菌

カンピロバクター食中毒の国内発生動向



データ出典:厚生労働省食中毒統計資料

カンピロバクター食中毒の特徴

他の細菌性食中毒に比べて事件数あたりの患者数が少ない、もしくは集団事例が少ないが、事件数が多いために患者総数が多くなる

細菌	事件あたりの患者数					
	2018年	2019年	2020年	2021年	2022年	2023年
ウエルシュ菌	72.5	53	56	63.9	66.7	39.2
カンピロバクター・ジェジュニ/コリ	6.3	6.8	4.9	4.9	4.4	9.9
サルモネラ属菌	35.6	22.7	26.1	39.8	31.7	26.2
ブドウ球菌	15.6	17.1	12.4	15.8	15.4	12.9
腸管出血性大腸菌	14.3	8.3	6	4.7	9.8	13.9

データ出典: 厚生労働省食中毒統計資料

Comparing Sporadic and Outbreak Foodborne Illness

Table 1. Number of outbreak cases versus sporadic cases and outbreak fraction, FoodNet data, United States, 2004–2011*

Pathogen	Outbreak cases	Sporadic cases	Outbreak fraction, %
<i>Campylobacter</i>	195	42,744	0.5
<i>Escherichia coli</i> O157	730	3,117	19.0
<i>Listeria</i>	56	1,024	5.2
<i>Salmonella</i>	3,161	50,690	5.9

*Representing 101,717 reports with complete data for all study variables out of 110,157 total reports. FoodNet, Foodborne Diseases Active Surveillance Network.

国内大規模集団事例(2023)

三重県 令和5年1月 某飲食店

喫食者:85名

有症者:41名、19歳・20歳の男女(複数名から*C. jeuni*検出)

原因食品:不明(夕食に提供したコース料理)

高知県 令和5年7月 某保育園

喫食者:65名

有症者:58名、10歳未満~20歳代・40歳代の男女(複数名から*C. jeuni*検出)

原因食品:不明(給食)

石川県 令和5年8月 某飲食店

喫食者:

有症者:892名、10歳未満~20歳代・40歳代の男女(複数名から*C. jeuni*検出)

原因食品:提供された食事(湧水を用いて調理されたもの)

長野県 令和5年10月 某旅館

喫食者:47名

有症者:44名、10歳代~40歳代の男女(複数名から*C. jeuni*検出)

原因食品:提供された食事

海外の状況

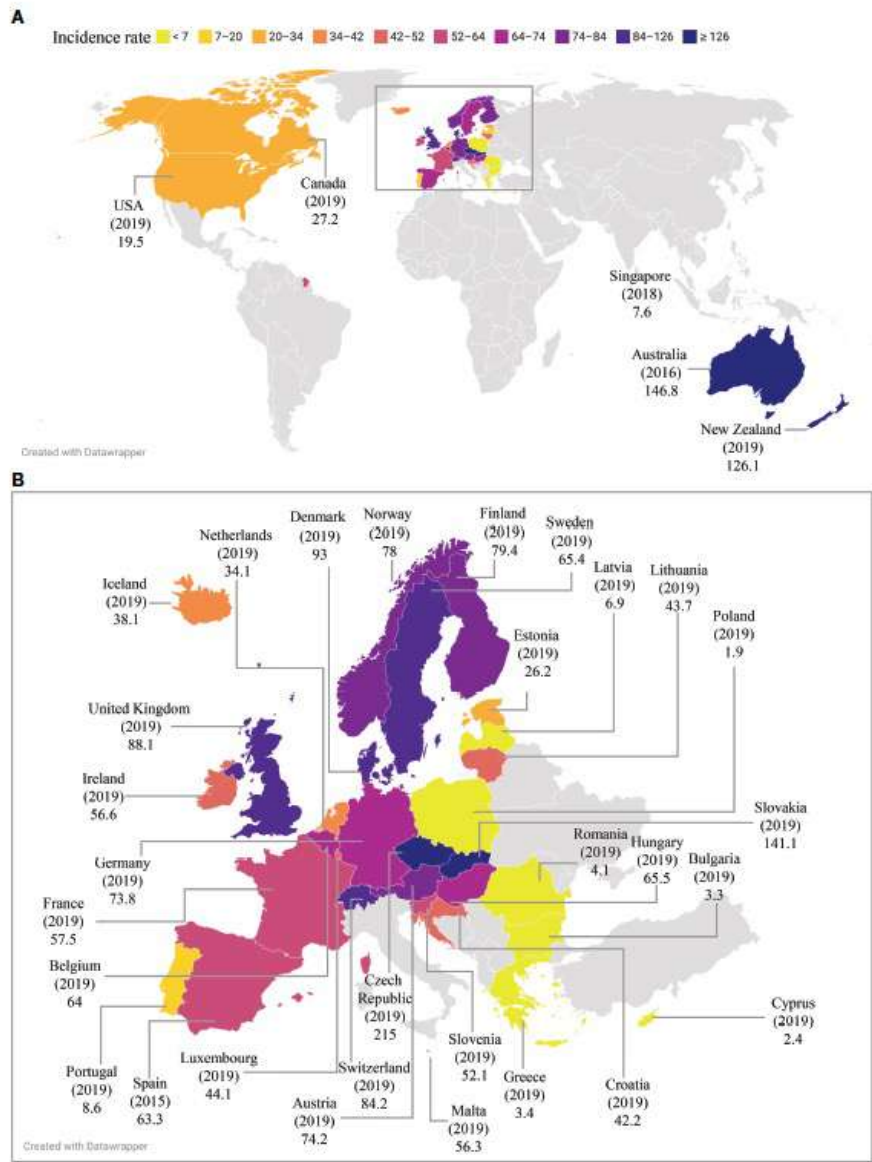
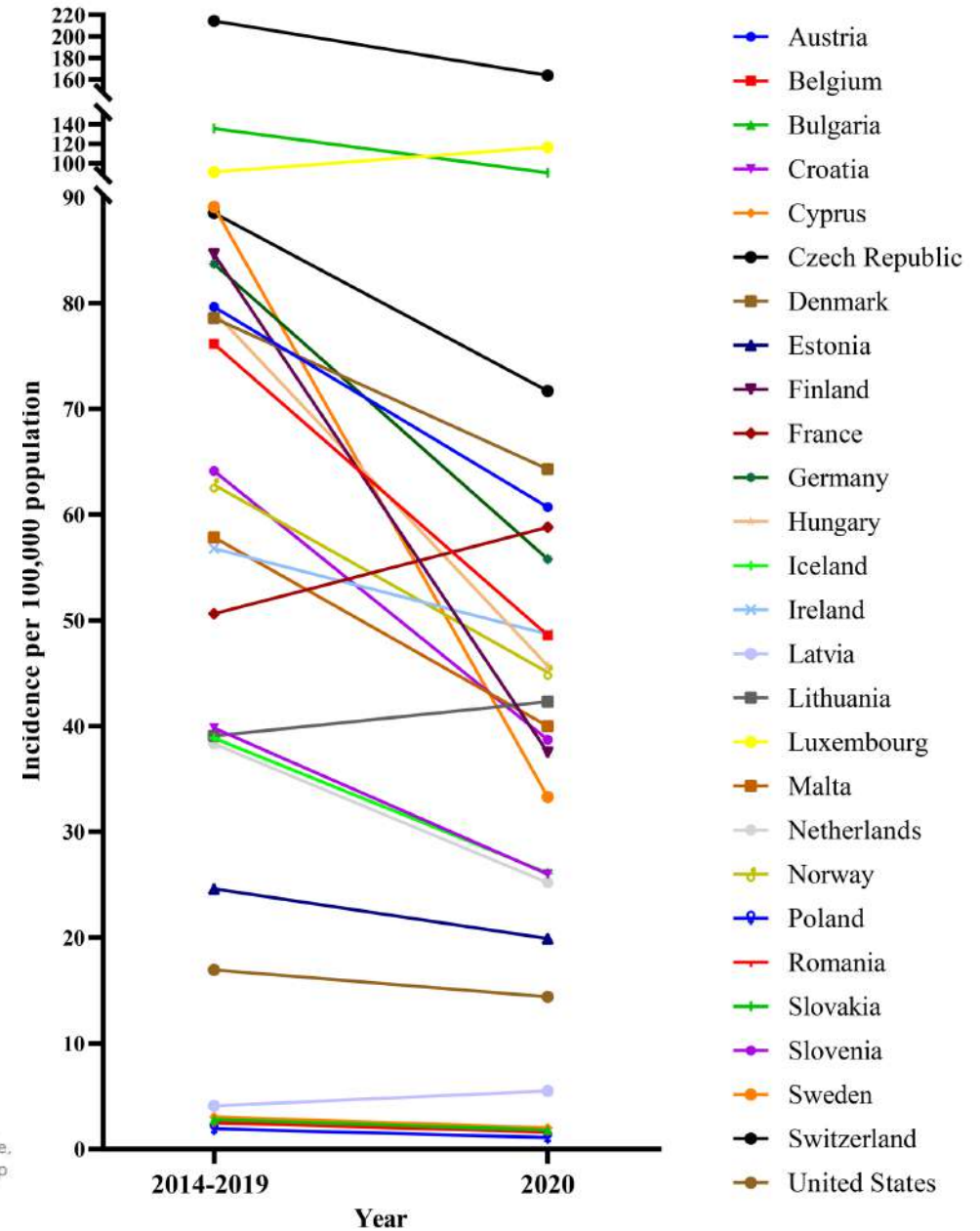


FIGURE 1
Reported global incidence of campylobacteriosis. Reported incidence rates of campylobacteriosis worldwide (A) and in Europe (B) are presented as per 100,000 population. Data presented in the figure were mainly from 2019. In countries where the 2019 data were not available, data from a previously available year were used. Countries with no reported incidence of campylobacteriosis available were in grey colour. Map was created with Datawrapper.

Impact of COVID-19 on the incidence of campylobacteriosis



カンピロバクター由来ギラン・バレー症候群 (GBS) の集団発生 (ペルー)

2019年

Large Outbreak of Guillain-Barré Syndrome, Peru, 2019

Emerging Infect Dis 2020 11: 2778-2780

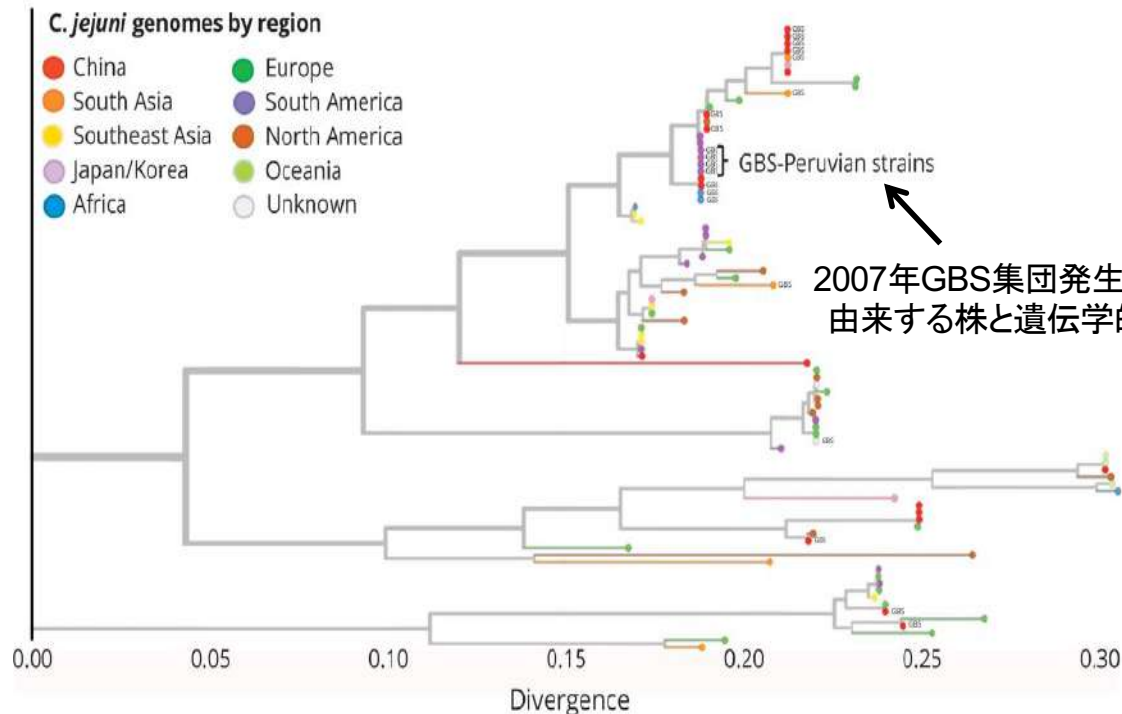
2017年 0.19人/人口100,000人

2018年 0.81人/人口100,000人

2019年 3.44人/人口100,000人 (4月から7月がピーク)

43検体のうち、28検体 (65%) が *C. jejuni* の先行感染の疑い

全て **ST2993:HS41** であった



Neurol Neuroimmunol Neuroinflamm 2021 8:e952

Whole genome MLST

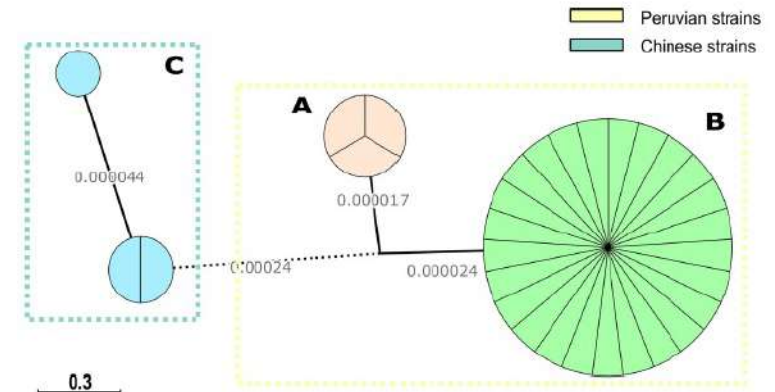


FIG 3 Whole-genome MST of *C. jejuni* ST-2993 used in this study. The numbers over branches infer relatedness by stating the substitution per sequence site. Branches spanning <math><0.00001</math> substitutions per site were collapsed for clarity. A represents Peruvian Amazon strains while B represents Peruvian GBS strains. C represents Chinese GBS strains.

Microbiol Spectr 2022 10:01187-22

2023年



Briefing Note:
Increase in cases
Guillain-Barré Syndrome
Peru

10 July 2023

2023年6月10日から7月15日の間にGBSの疑い例が130例報告された。このうち44例が確定診断済みであり、予測を上回る症例数が確認された。22検体のうち14検体 (63%) が *C. jejuni* 陽性。ST2993の関与が示唆された。

藥劑耐性

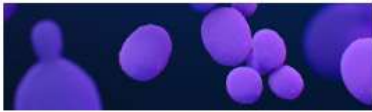
緊急

Urgent Threats

These germs are public health threats that require urgent and aggressive action:



CARBAPENEM-RESISTANT
ACINETOBACTER



CANDIDA AURIS



CLOSTRIDIODES DIFFICILE



CARBAPENEM-RESISTANT
ENTEROBACTERIACEAE



DRUG-RESISTANT
NEISSERIA GONORRHOEAE

懸念

Concerning Threats

These germs are public health threats that require careful monitoring and prevention action:



ERYTHROMYCIN-RESISTANT
GROUP A STREPTOCOCCUS



CLINDAMYCIN-RESISTANT
GROUP B STREPTOCOCCUS

深刻

Serious Threats

These germs are public health threats that require prompt and sustained action:



DRUG-RESISTANT
CAMPYLOBACTER



DRUG-RESISTANT
CANDIDA



ESBL-PRODUCING
ENTEROBACTERIACEAE



VANCOMYCIN-RESISTANT
ENTEROCOCCI



MULTIDRUG-RESISTANT
PSEUDOMONAS AERUGINOSA



DRUG-RESISTANT
NONTYPHOIDAL SALMONELLA



DRUG-RESISTANT
SALMONELLA SEROTYPE TYPHI



DRUG-RESISTANT
SHIGELLA



METHICILLIN-RESISTANT
STAPHYLOCOCCUS AUREUS



DRUG-RESISTANT
STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE



DRUG-RESISTANT
TUBERCULOSIS



【抗菌薬による治療】

一般的には補液などの対症療法のみで自然軽快することがほとんどである。しかし、重症例や免疫不全者の場合などには抗菌薬の投与が適応となる。カンピロバクターは世界的にキノロン系薬の耐性化がすすんでいる²⁶⁾。このため、現在はマクロライド系薬が第一選択となっているが、近年マクロライド耐性の菌も出現しており問題となっている²⁷⁾。免疫不全者などにおけるマクロライド抗菌薬による早期の治療は、菌の排出期間短縮と症状の軽減が報告されている^{28)~30)} (B II)。

推奨される治療薬

- CAM 経口 1回 200mg・1日2回・3~5日間
- AZM 経口 1回 500mg・1日1回・3~5日間
- EM 経口 1回 200mg・1日4回・3~5日間

日本化学療法学会雑誌 2016 vol. 64 no. 1

	PERCENTAGE OF CAMPYLOBACTER*	ESTIMATED NUMBER OF INFECTIONS PER YEAR	ESTIMATED INFECTIONS PER 100,000 U.S. POPULATION
DECREASED SUSCEPTIBILITY TO CIPROFLOXACIN	28%	429,600	130
DECREASED SUSCEPTIBILITY TO AZITHROMYCIN	4%	55,600	20
DECREASED SUSCEPTIBILITY TO CIPROFLOXACIN OR AZITHROMYCIN	29%	448,400	140
DECREASED SUSCEPTIBILITY TO CIPROFLOXACIN AND AZITHROMYCIN	2%	36,800	10

Antibiotic susceptibility helps describe how sensitive germs are to particular antibiotics. An antibiotic can stop the growth of or kill a susceptible germ.

*Average (2015–2017), includes *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli*.

CDC. Antibiotic Resistance Threats in the United States, 2019. Atlanta, GA: U.S. Department of Health and Human Services, CDC; 2019

令和5年5月31日

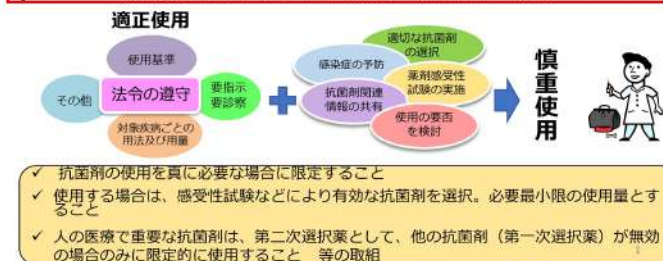
都道府県知事 殿

農林水産省消費・安全局長

薬剤耐性 (AMR) 対策アクションプラン (2023–2027) の策定に基づく
薬剤耐性対策の推進について

抗菌剤の慎重な使用

- ▶ 適切な診断に基づいて抗菌剤の使用を真に必要な場合に限定。使用する必要がある場合は、有効な抗菌剤を適切に選ぶとともに、必要最小限の使用量とする。→ 薬剤耐性菌の出現を最小限に抑える。
 - ▶ 法令等に基づく適正使用^(※)よりも、更に注意して抗菌剤を使用(慎重使用)。
- 【※ 適正使用：獣医師の指示に基づく販売、獣医師自らの診察に基づく投与や指示書の発行等を定めた法令及び用法・用量を遵守し、使用上の注意にしたがって使用すること。】



農水省ホームページ

<https://www.maff.go.jp/j/syoutan/tikusui/yakuzi/torikumi.html#tekisei>

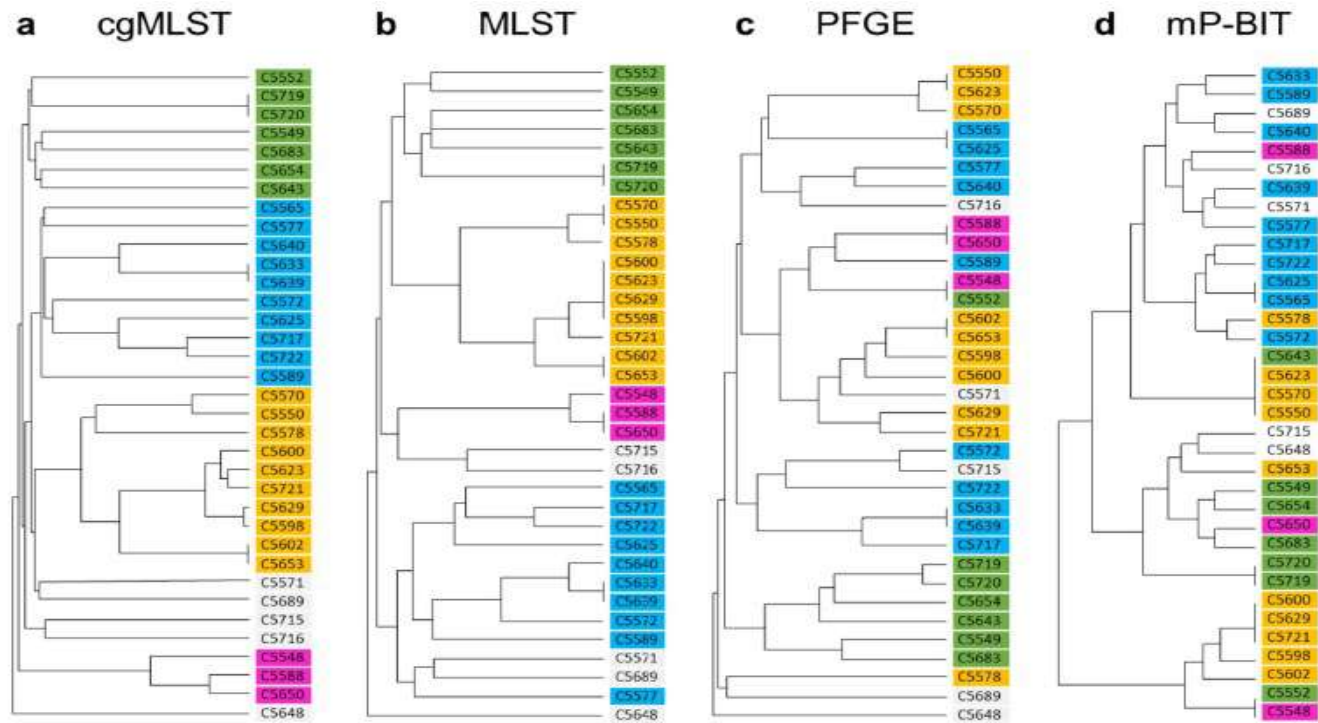
2023年度のリファレンス活動

2022年度(124株)	2023年度(114株)
・遺伝子型別	・遺伝子型別
Penner遺伝子型	Penner遺伝子型
mP-BIT	mP-BIT
	MLST
・薬剤感受性	・薬剤感受性
エリスロマイシン	エリスロマイシン
シプロフロキサシン	クラリスロマイシン
テトラサイクリン	アジスロマイシン
アンピシリン	シプロフロキサシン
	テトラサイクリン
	アンピシリン

→ データの汎用化、型別能の評価、GBSリスクの把握

→ マクロライド耐性の把握

カンピロバクターにおける遺伝子型別法の比較(性能別)



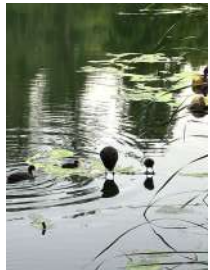
Folia Microbiologica
<https://doi.org/10.1007/s12223-023-01093-5>

Penner型

標的遺伝子	1,142遺伝子 (保存性高)	7遺伝子 (ハウスキーピング)	-	18遺伝子 (病原性・薬剤耐性等)	CPS生合成遺伝子
遺伝子型数	81,510型(現時点)	14,093型(現時点)	-	262,144型(理論値)	47型
多様性	高	中	中	中	低
Simpsonの多様度指数 (リファレンス委員会)	-	0.9510	-	0.9315	0.899
系統識別能	高	中	低	低	低
データ汎用性	高	高	低	低	低
簡便性	低	中	低	高	高
コスト	高	中	低	低	低

カンピロバクターにおける遺伝子型別法の比較(用途別)

感染源？



患者



通常の食中毒対応

事例間の調査・研究

Penner型
mP-BIT
MLST
ゲノム解析

Penner型
mP-BIT
MLST
ゲノム解析

比較

OK

原因株

他事例株

OK

比較

同一事例
患者株

- 時間的・地理的な背景が異なるが、発生源が同じ可能性が高い株の解析
- 特に、深刻な健康被害が懸念される事例の発生源の解明

Penner遺伝子型の成績

リファレンス委員会2022年

遺伝子型	株数	頻度 (%)
gB:HS2	28	22.6
gD:HS4	21	16.9
gG:HS8/17	15	12.1
gO:HS19	9	7.3
gC:HS3	6	4.8
gE:HS5	6	4.8
gI:HS10	6	4.8
gY:HS37	6	4.8
gR:HS23/36/53	5	4
gA:HS1	4	3.2
gU:HS31	3	2.4
gZ6:HS55	3	2.4
gF:HS6/7	2	1.6
gK:HS12	1	0.8
gS:HS27	1	0.8
gZ7:HS57	1	0.8
型別不能	7	5.6
計	124	100.0

リファレンス委員会2023年

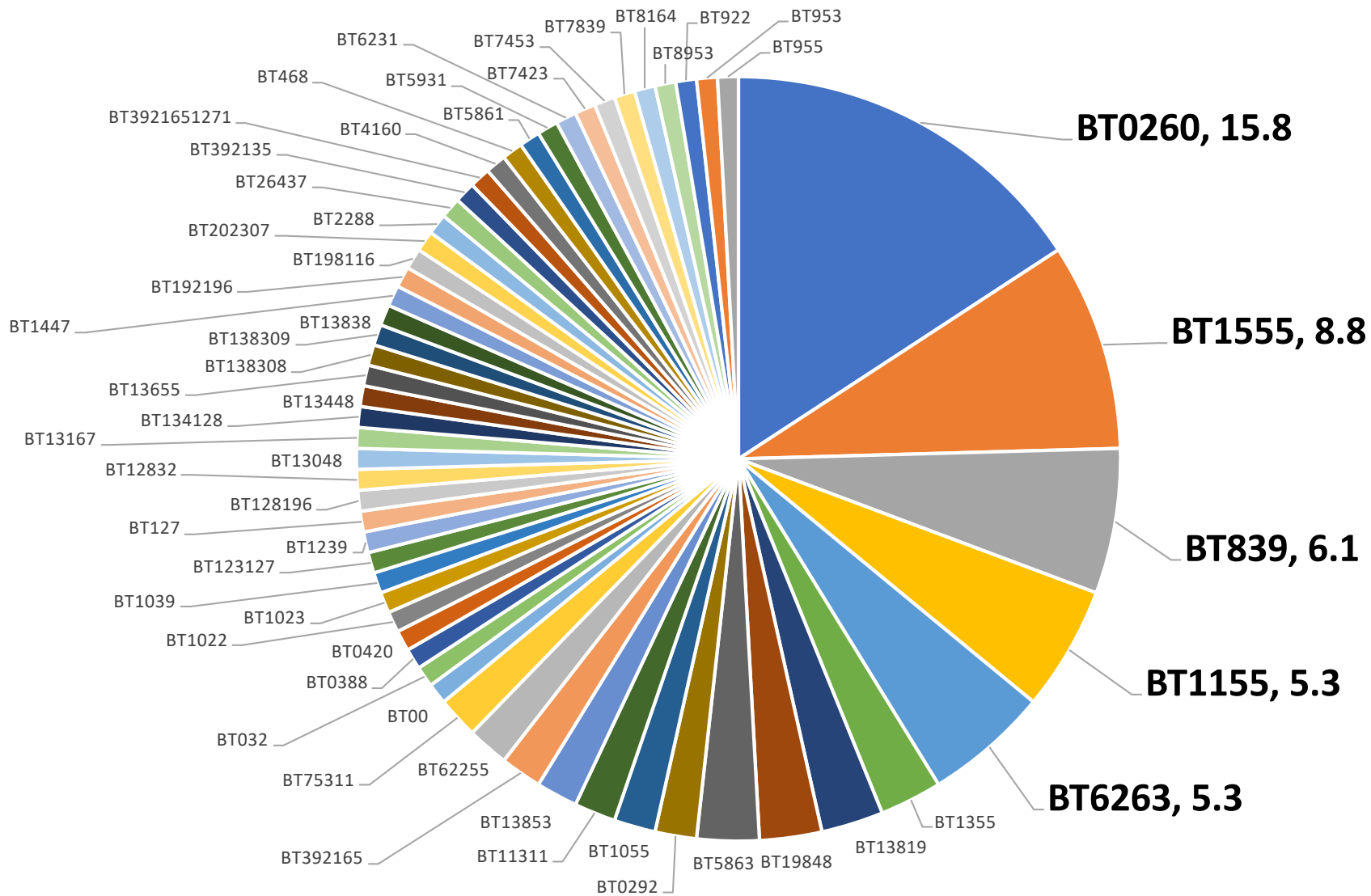
遺伝子型	株数	頻度 (%)
gO:HS19	16	14.0
gB:HS2	14	12.3
gD:HS4	13	11.4
gI:HS10	11	9.6
gC:HS3	9	7.9
gE:HS5	7	6.1
gR:HS23/36/53	6	5.3
gG:HS8/17	6	5.3
gY:HS37	5	4.4
gA:HS1	4	3.5
gJ:HS11	3	2.6
gU:HS31	2	1.8
gF:HS6/7	2	1.8
gP:HS21	1	0.9
gL:HS15	1	0.9
gK:HS12	1	0.9
型別不能	13	11.4
計	114	100.0

7協力機関2019-2023年

遺伝子型	株数	頻度 (%)
gB:HS2	66	24.1
gD:HS4	36	13.1
gO:HS19	26	9.5
gG:HS8/17	22	8.0
gE:HS5	18	6.6
gY:HS37	14	5.1
gD:HS4B	13	4.7
gR:HS53	11	4.0
gA:HS1	10	3.6
gC:HS3	9	3.3
gI:HS10	9	3.3
gZ7:HS57	5	1.8
gF:HS6/7	4	1.5
gS:HS27	4	1.5
gU:HS31	4	1.5
gK:HS12	3	1.1
gN:HS18	2	0.7
gR:HS23/36	2	0.7
gZ5:HS52	2	0.7
gP:HS21	1	0.4
gV:HS32	1	0.4
gZ6:HS55	1	0.4
型別不能	24	8.8
計	274	100.0

- 2023年度はgHS19が最も多かった
- 外部機関でも高い型別能(91.2%)が示された

mP-BITの成績(%)



Penner遺伝子型ごとのmP-BITサブタイピング(上位5型)

2022年

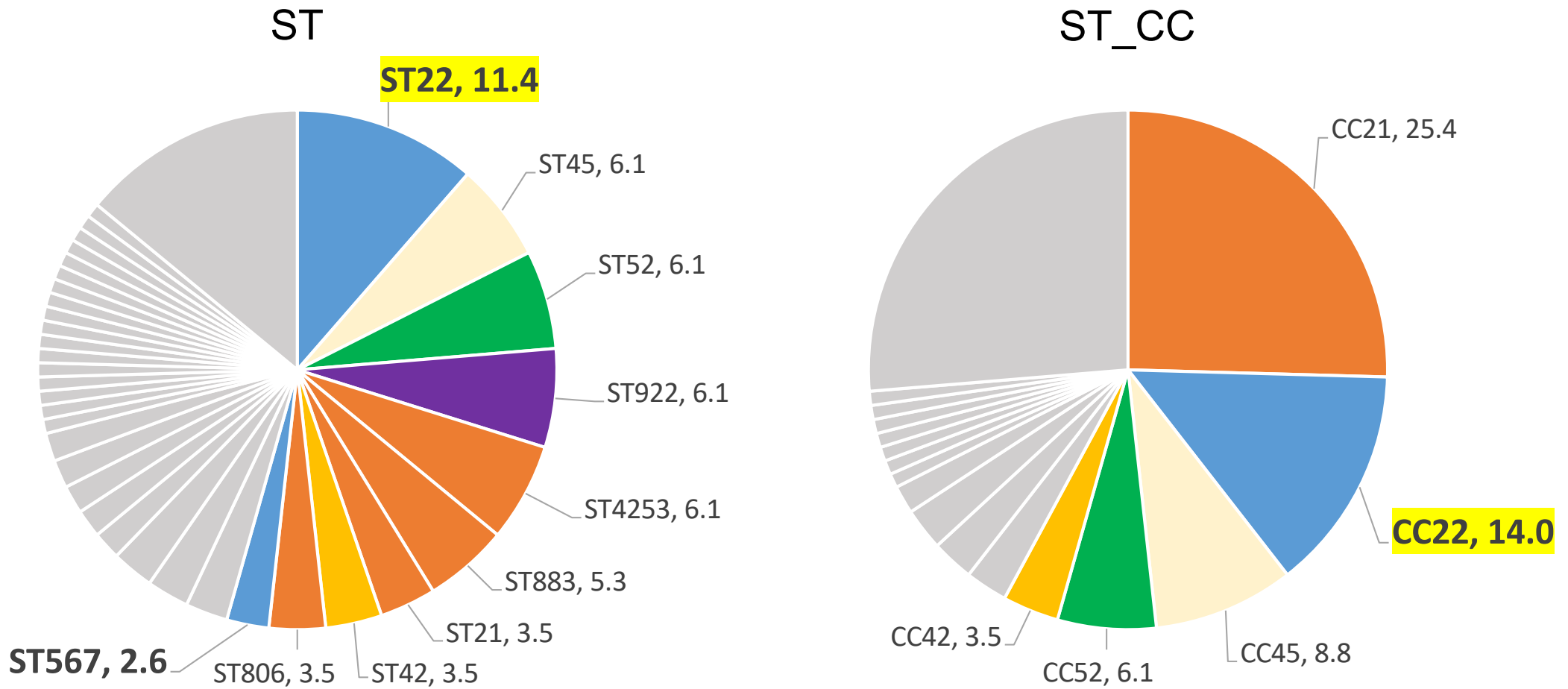
PN	BT	頻度 (%)	ブロック数	Shannon equitability index
gHS2 28株	1555	32.1	2	0.822
	79311	25.0	2	
	62255	10.7	1	
	138181	7.1	1	
	13852	3.6	1	
	59127	3.6	1	
	62127	3.6	1	
	71311	3.6	1	
	7155	3.6	1	
	75311	3.6	1	
	839	3.6	1	
gHS4 21株	4288	28.6	3	0.876
	1155	23.8	4	
	1053	9.5	1	
	13923	9.5	1	
	1120	4.8	1	
	1239	4.8	1	
	127	4.8	1	
	1555	4.8	1	
	18661	4.8	1	
	432	4.8	1	
gHS8/17 15株	202307	86.7	4	0.441
	7423	6.7	1	
	1155	6.7	1	
gHS19 9株	0260	44.4	4	0.912
	0388	22.2	2	
	644	22.2	1	
	8260	11.1	1	
gHS3 6株	1053	33.3	1	0.959
	1155	33.3	1	
	1017	16.7	1	
	7555	16.7	1	

2023年

PN	BT	頻度 (%)	ブロック数	Shannon equitability index			
gHS19 16株	0260	100	5	-			
	gHS2 14株	1555	50.0		4		
		75311	14.3		1		
		62255	14.3		2		
		123127	7.1		1		
		5861	7.1		1		
		138308	7.1		1		
		0.819					
		gHS4 13株	1155		15.4	2	0.988
			032		7.7	1	
1039	7.7		1				
1239	7.7		1				
127	7.7		1				
13167	7.7		1				
138309	7.7		1				
2288	7.7		1				
622551271	7.7		1				
7839	7.7		1				
8164	7.7		1				
955	7.7		1				
gHS10 10株	6263		54.5	2	0.808		
	1555	27.3	1				
	202307	9.1	1				
	7423	9.1	1				
gHS3 9株	1155	33.3	2	0.91			
	1355	33.3	1				
	13853	11.1	1				
	8953	11.1	1				
	953	11.1	1				

- Penner型とmP-BITの併用で識別能が上がる可能性あり

MLSTの成績(%)

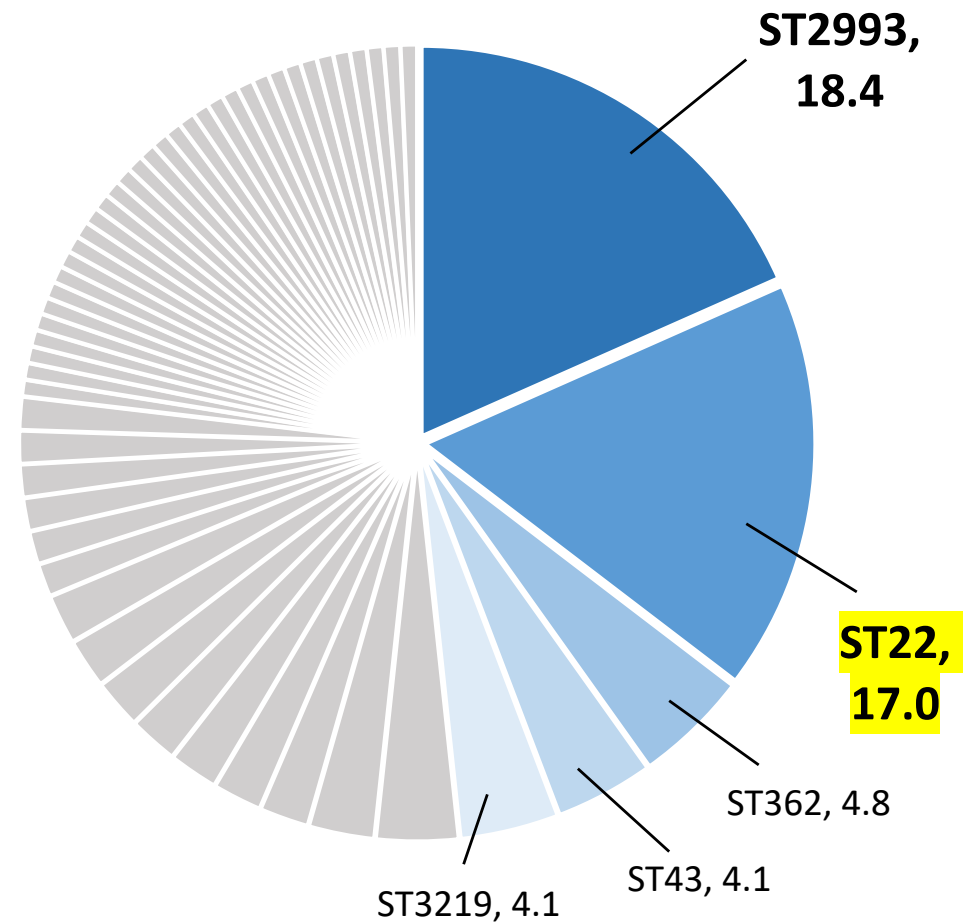
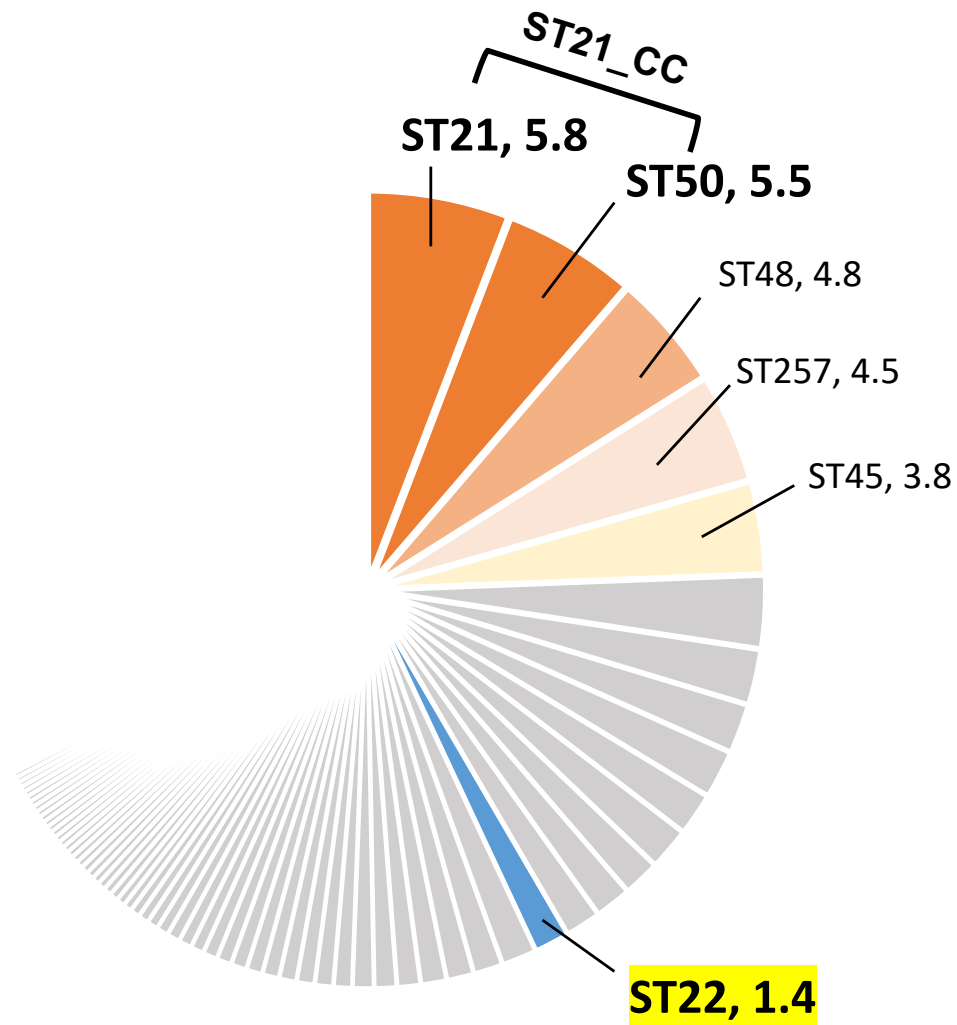


- ST22が最も多かった
- 日本では近年ST22が最も多く分離されるケースあり(*J Vet Med Sci* 2023 85:463-470; 谷ら、第16回カンピロバクター研究会総会)

PubMLST登録済み菌株のSTの比率(%)

腸炎由来: 25,638株

GBS由来: 147株



薬剤感受性試験 (CLSIディスク拡散法) の成績

EM	CAM	AZM	TC	CPFX	APBC	株数	頻度 (%)	分離 ブロック数
S	S	S	R	R	R	6	5.3	4
S	S	S	R	R	I	3	2.6	2
S	S	S	R	R	S	18	15.8	5
S	S	S	R	S	R	2	1.8	1
S	S	S	S	R	R	7	6.1	4
S	S	S	R	S	S	2	1.8	1
S	S	S	S	R	I	2	1.8	1
S	S	S	S	R	S	29	25.4	6
S	S	S	S	S	R	14	12.3	6
S	S	S	S	S	I	2	1.8	2
S	S	S	S	S	S	28	24.6	5
未実施	未実施	未実施	未実施	未実施	未実施	1	0.9	1
計						114	100	

- マクロライド耐性株は検出されなかった
- CPFX、TC、APBCに対してはそれぞれ57%、27.2%、25.4%が耐性であった
- CPFX、TC、APBCの全てに耐性を示す株が5.3% (6株) 検出された

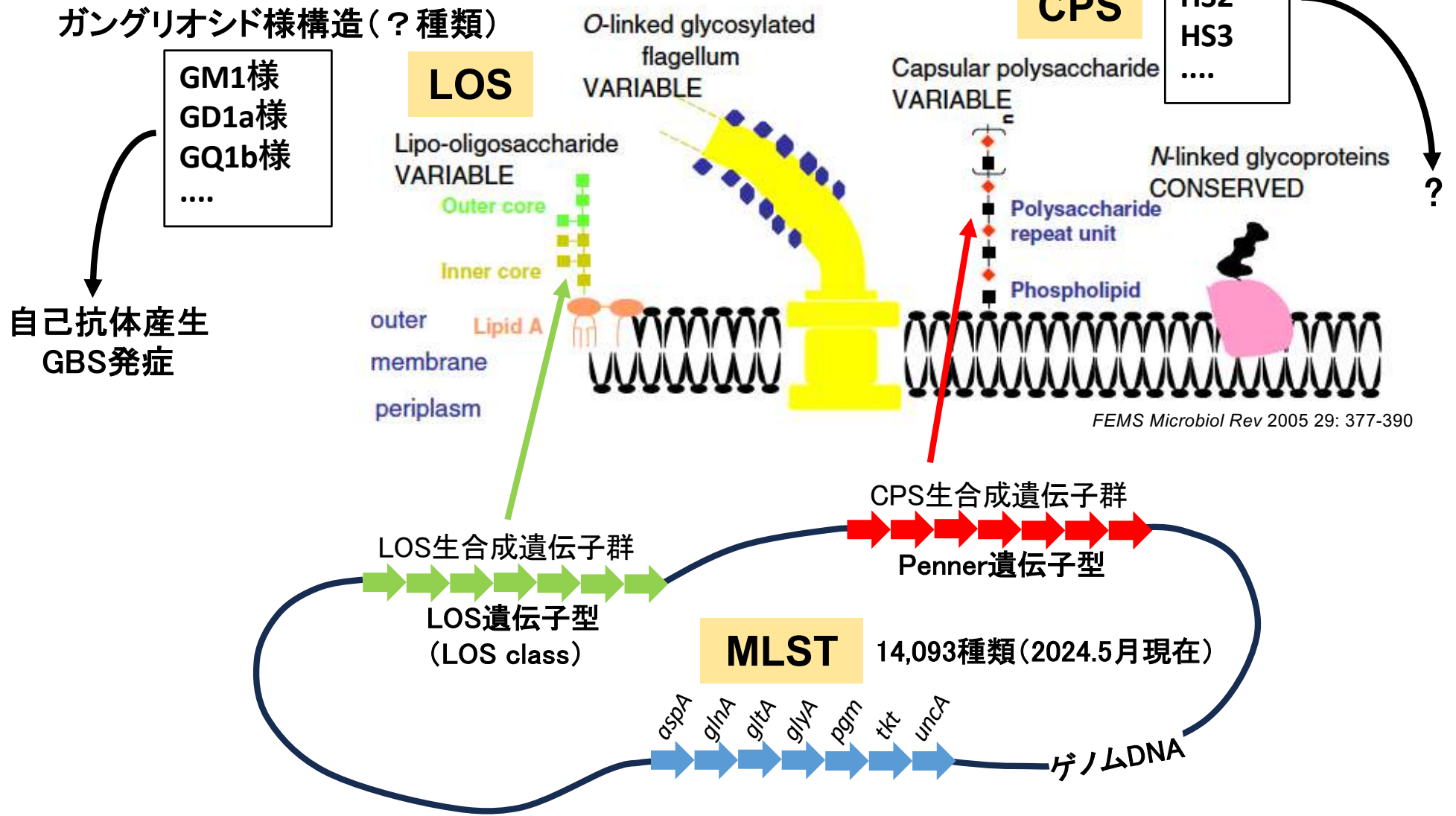
ST	PN	BT	分離ブロック
45	型別不能	134128	A
50	gHS1	6231	D
922	型別不能	1155	D
922	gHS3	1155	C
982	gHS2	62255	B
982	型別不能	1447	C

2024年度のリファレンス活動計画

2023年度	2024年度	
・遺伝子型別	・遺伝子型別	
Penner遺伝子型	Penner遺伝子型	
mP-BIT	mP-BIT	
MLST	MLST	
	LOS遺伝子型(クラス)	→ GBSリスクの把握
	SNP(一塩基多型性)解析の練習	→ ゲノム解析法の理解
・薬剤感受性	・薬剤感受性	
エリスロマイシン	エリスロマイシン	
クラリスロマイシン	クラリスロマイシン	
アジスロマイシン	アジスロマイシン	
シプロフロキサシン	シプロフロキサシン	
テトラサイクリン	テトラサイクリン	
アンピシリン	アンピシリン	
	・病原体検出マニュアル作成	→ ここ数年の活動内容のまとめ

GBSに関連した菌側の因子

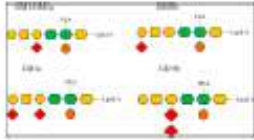

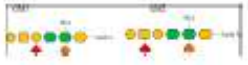
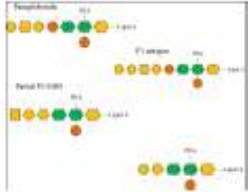


Penner血清型(47種類)



GBS由来株の多くはLOS、CPS、MLSTの特定の組み合わせ型をもつ
代表的な例) GM1/GD1a (LOS class A) : HS19 : ST22
GM1/GD1a (LOS class A) : HS41 : ST2993

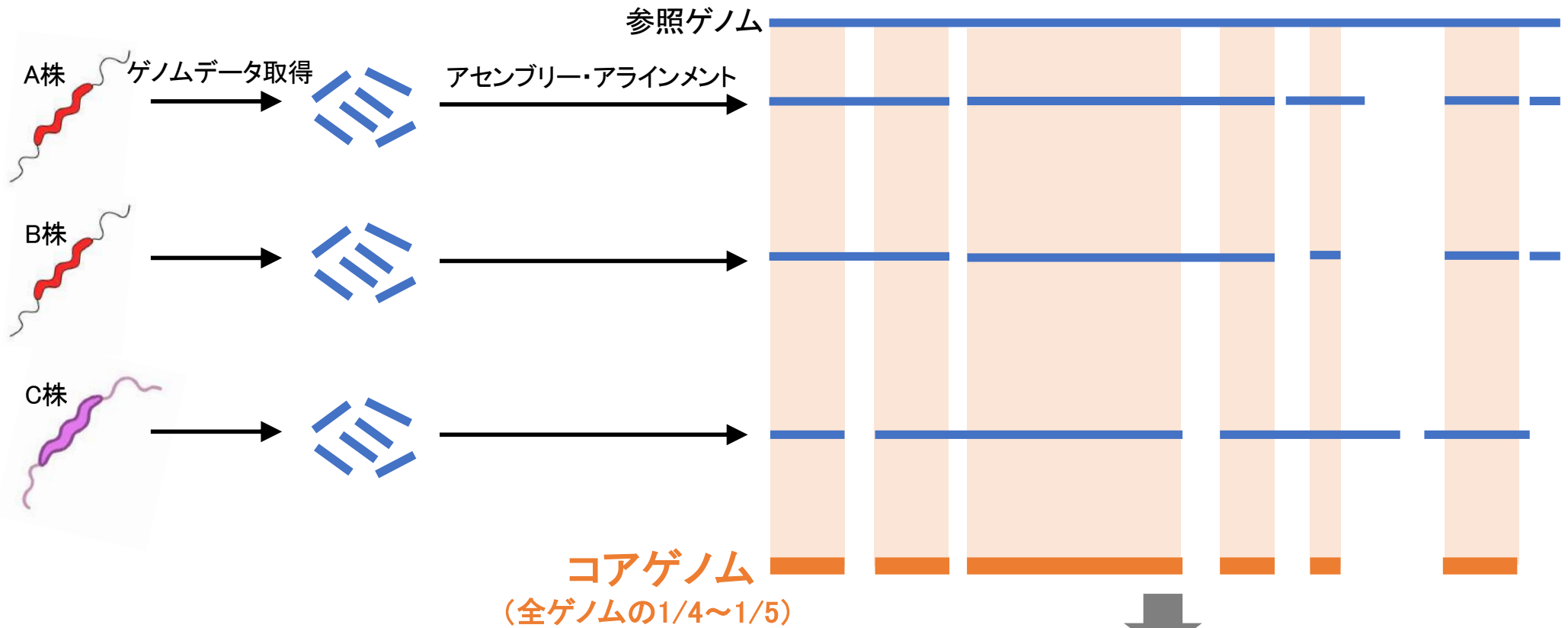
GBSリスクが高い
クラスのみ検出

TABLE 1 | Variable lipooligosaccharide (LOS) structures synthesized by different *C. jejuni* LOS locus types.

LOS locus class (reference strain and accession no.)	LOS structural epitopes	Mimicry (reference)
A (RM1048/ATCC43432 AF215659)		Human ganglioside glycosphingolipid (Nachamkin et al., 2002; Godschalk et al., 2004; Mortensen et al., 2009)
B (81-176 CP000538.1)		Human ganglioside glycosphingolipid (Godschalk et al., 2004; Mortensen et al., 2009)
C (11168 AL111168.1)		Human ganglioside glycosphingolipid (Linton et al., 2000)
D (RM3418 EU404109)	Human ganglioside-like LOS structures other than GM1, GD1, and GQ1b (unknown)	Unknown (Godschalk et al., 2004)
E (81116 CP000814)	Human ganglioside-like LOS structures other than GM1, GD1, and GQ1b (unknown)	Unknown (Godschalk et al., 2004)
F (RM1221 CP000025)		P1 blood group glycosphingolipid Partial P1 blood group glycosphingolipid Partial human ganglioside glycosphingolipid (Houliston et al., 2011)
M (RM1503 EF140720)		Lewis type-1 glycosphingolipid (Houliston et al., 2011)
P (4031 HG428754.1)	Non-sialylated LOS with N-acetyl quinovosamine	No mimics (Poly et al., 2008)
R (GC149 AY962325)		Human ganglioside glycosphingolipid Partial P1 blood group glycosphingolipid Partial human ganglioside glycosphingolipid (Houliston et al., 2011)

Experimentally characterized LOS structures to date. Hypothetical structures are not included here. Glycans in LOS structures were drawn according to the Symbol Nomenclature For Glycans (SNFG).

ゲノムSNPを用いた系統解析



- GUI (Graphical User Interface) ベースのソフトのセッティング
- 同一ST株のデータ(集団事例株とそれ以外の株が混在)を用いて練習

コアゲノムにおける位置	参照ゲノム	A株	B株	C株
10	A	A	A	C
59	C	C	C	G
73	G	C	C	A
153	G	G	G	G
・	・	・	・	・
・	・	・	・	・

SNPを基にした系統解析

謝辞

2023年度 厚生労働行政推進調査事業費

「わが国の病原体検査の標準化と基盤強化、ならびに、公衆衛生上重要な感染症の国内検査体制維持強化に資する研究」

代表者・宮崎 義継、分担者・山本 章治(2023年度～2024年度)

2023年度カンピロバクターリファレンス委員会

赤瀬 悟(東京都健康安全研究センター)

伊豆 一郎(熊本県保健環境科学研究所)

大塚 仁(山口県環境保健センター)

今野 貴之(秋田県健康環境センター)

坂田 淳子(大阪健康安全基盤研究所)

山田 和弘(愛知県衛生研究所)

協力機関

石川県保健環境センター

岩手県環境保健研究センター

愛媛県立衛生環境研究所

岐阜県保健環境研究所

京都市衛生環境研究所

埼玉県衛生研究所

静岡市環境保健研究所

