

鹿児島県

ウイルス型	年齢区分	検査数	H1抗体価の分布										10倍以上		40倍以上			
			<10	10	20	40	80	160	320	≥640	例数	(%)	例数	(%)				
A/北京 /262/95	0-4	15	15															
	5-9	21	13	5		1					1			8	38	3	14	
	10-14	18	5	6	4	3								13	72	3	17	
	15-19	10	5	1	2	2								5	50	2	20	
	20-29	37	27	5	4	1								10	27	1	3	
	30-39	45	39	1	3	1					1			6	13	2	4	
	40-49	50	44	4	1	1								6	12	1	2	
	50-59	28	27	1										1	4			
	60-	32	27	2	2	2								5	16	1	3	
	計		256	202	25	16	10				2			54	21	13	5	
A/石川 /42/98	0-4	15	15															
	5-9	21	16	3		1				1				5	24	2	10	
	10-14	18	12	6										6	33			
	15-19	10	8	1	1									2	20			
	20-29	37	28	6	1	2								9	24	2	5	
	30-39	45	36	7	2	2								9	20	2	4	
	40-49	50	42	5	3									8	16			
	50-59	28	27	1										1	4			
	60-	32	28	1	3									4	13			
	計		256	212	30	8	4				1			44	17	6	2	
A/サマラ /234/99	0-4	15	15															
	5-9	21	10	2	4	4					1			11	52	5	24	
	10-14	18	5	4	3	4				2				13	72	6	33	
	15-19	10	2	1	2	4				1				8	80	5	50	
	20-29	37	19	9	4	5								18	49	5	14	
	30-39	45	33	6	4	2								12	27	2	4	
	40-49	50	38	9	3									12	24			
	50-59	28	28															
	60-	32	29	2	2	1								3	9	1	3	
	計		256	179	33	20	20				3			77	30	24	9	

鹿児島県

ウイルス型	年齢区分	検査数	H1抗体価の分布										10倍以上		40倍以上	
			<10	10	20	40	80	160	320	≥640	例数	(%)	例数	(%)		
A/シドニー /5/97	0-4	15	7		1	2	1	1	3				8	53	7	47
	5-9	21	2	2	4	3	3	4	1	2			19	90	13	62
	10-14	18	4	1	3	3	3	3	1				14	78	10	56
	15-19	10	2	1	1	3	3						8	80	6	60
	20-29	37	5	8	10	6	8						32	86	14	38
	30-39	45	12	9	8	6	8	1		1			33	73	16	36
	40-49	50	25	8	7	4	3		3				25	50	10	20
	50-59	28	11	2	7	7		1					17	61	8	29
	60-	32	22	1	3	4	2						10	31	6	19
	計	256	90	32	44	38	31	10	8	3	166	65	90	35		
A/福島 /99/98	0-4	15	8	2	1	2	2	2	2				7	47	4	27
	5-9	21	6	2	5	4	3	1					15	71	8	38
	10-14	18	5	2	4	4	2	1					13	72	7	39
	15-19	10	3	1	3	4	1	1					7	70	6	60
	20-29	37	14	9	6	6	2						23	62	8	22
	30-39	45	26	13	4	1		1					19	42	2	4
	40-49	50	35	7	3	4	1						15	30	5	10
	50-59	28	19	7	2								9	32		
	60-	32	23	3	4	2							9	28	2	6
	計	256	139	46	29	25	11	5	1	117	46	42	16			
A/四川 /346/98	0-4	15	9	1	1	3	1						6	40	4	27
	5-9	21	3	3	7	5	1	1	2				18	86	8	38
	10-14	18	5	1	6	3	2	1					13	72	6	33
	15-19	10	3	1	3	2	1						7	70	3	30
	20-29	37	14	9	7	7							23	62	7	19
	30-39	45	25	9	2	8	1						20	44	9	20
	40-49	50	35	7	5	1	2						15	30	3	6
	50-59	28	16	9	2		1						12	43	1	4
	60-	32	23	5	2	2							9	28	2	6
	計	256	133	45	35	31	8	2	2	123	48	43	17			

鹿児島県

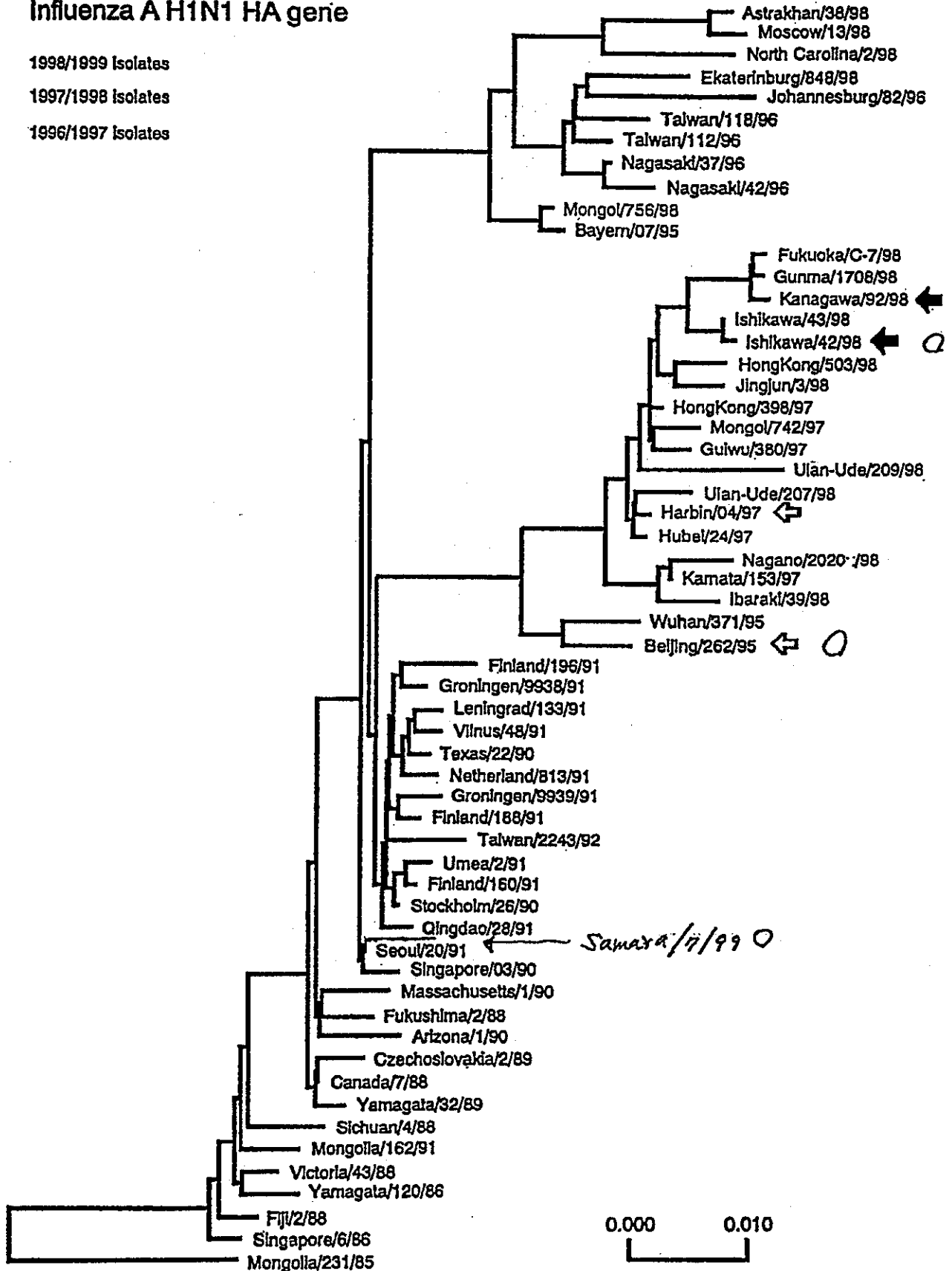
ウイルス型	年齢区分	検査数	H1抗体価の分布										10倍以上		40倍以上	
			<10	10	20	40	80	160	320	≥640	例数 (%)	例数 (%)	例数 (%)	例数 (%)		
B/山東 /7/97	0-4	15	14	1									1	7		
	5-9	21	21										1	6	1	6
	10-14	18	17		1								3	30		
	15-19	10	7	3									20	54	2	5
	20-29	37	17	15	3	2							4	9		
	30-39	45	41	3	1								2	4	1	2
	40-49	50	48	1	1								1	4		
	50-59	28	27	1									1	4		
	60-	32	25	6	1								7	22	1	3
	計		256	217	30	4	5						39	15	5	2
B/山梨 /166/98	0-4	15	14		1								1	7		
	5-9	21	9	6	4	2							12	57	2	10
	10-14	18	7	5	4	1	1						11	61	2	11
	15-19	10	3	3	2	2							7	70	2	20
	20-29	37	20	11	4	2							17	46	2	5
	30-39	45	32	10	3								13	29		
	40-49	50	38	6	5	1							12	24	1	2
	50-59	28	24	4									4	14		
	60-	32	28	3	1								4	13		
	計		256	175	48	24	7	2					81	32	9	4
B/高知 /193/99	0-4	15	11	2	1		1						4	27	1	7
	5-9	21	5	1	5	1	7	2					16	76	10	48
	10-14	18	3		7	2	2	3	1				15	83	8	44
	15-19	10			2	4	2	2					10	100	8	80
	20-29	37	10	4	7	9	5	2					27	73	16	43
	30-39	45	17	8	9	7	4						28	62	11	24
	40-49	50	31	5	5	3	4	1					19	38	9	18
	50-59	28	21	2	1	4							7	25	4	14
	60-	32	25	3	1	3							7	22	3	9
	計		256	123	25	38	33	25	10	2			133	52	70	27

Influenza A H1N1 HA gene

1998/1999 Isolates

1997/1998 Isolates

1996/1997 Isolates



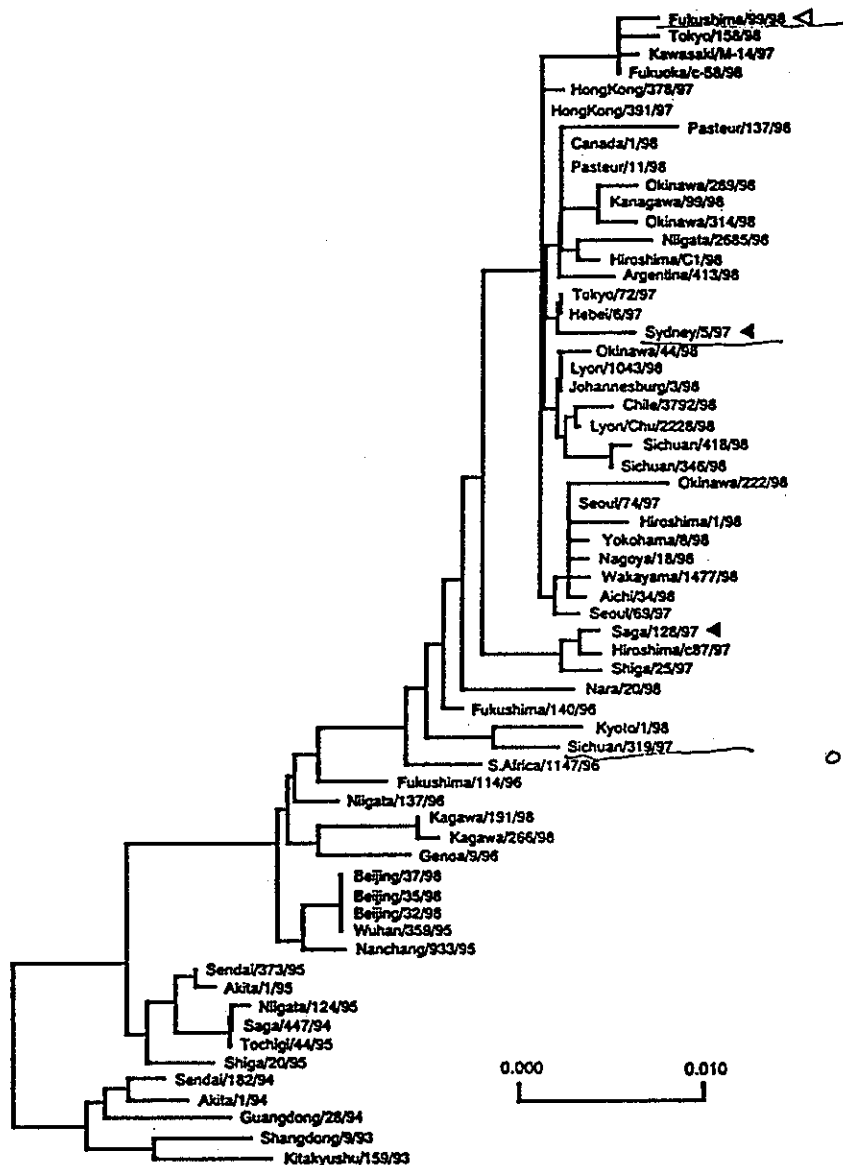


図3 1998/99シーズンに分離されたA香港型ウイルスの進化系統樹

して今シーズンに利用することに決定した。そして、1999年9月のWHO ワクチン選定会議で本ウイルスをワクチン株の候補として認定した。

本サーベイランス情報は地方衛生研究所との共同で実施されたものである。ここで改めて感謝の意を表したい。

国立感染症ウイルス一部呼吸器ウイルス室
WHO インフルエンザ・呼吸器ウイルス
協力センター 根路銘国昭

<情報>

インフルエンザ流行に伴う超過死亡について

インフルエンザが大流行したシーズンには、非流行年と比べ多くの死亡が観察されることが知られており、これを超過死亡 (excess death, excess mortality) と呼んでいる。この超過死亡は、インフルエンザ、肺炎、急性気管支炎をはじめとする急性呼吸器疾患を原死因とする死亡に限らず、循環器疾患、脳血管障害、糖尿病など様々な原死因の超過死亡現象をももたらし、ひいては国民総死亡数にも観察されることが確認されている。

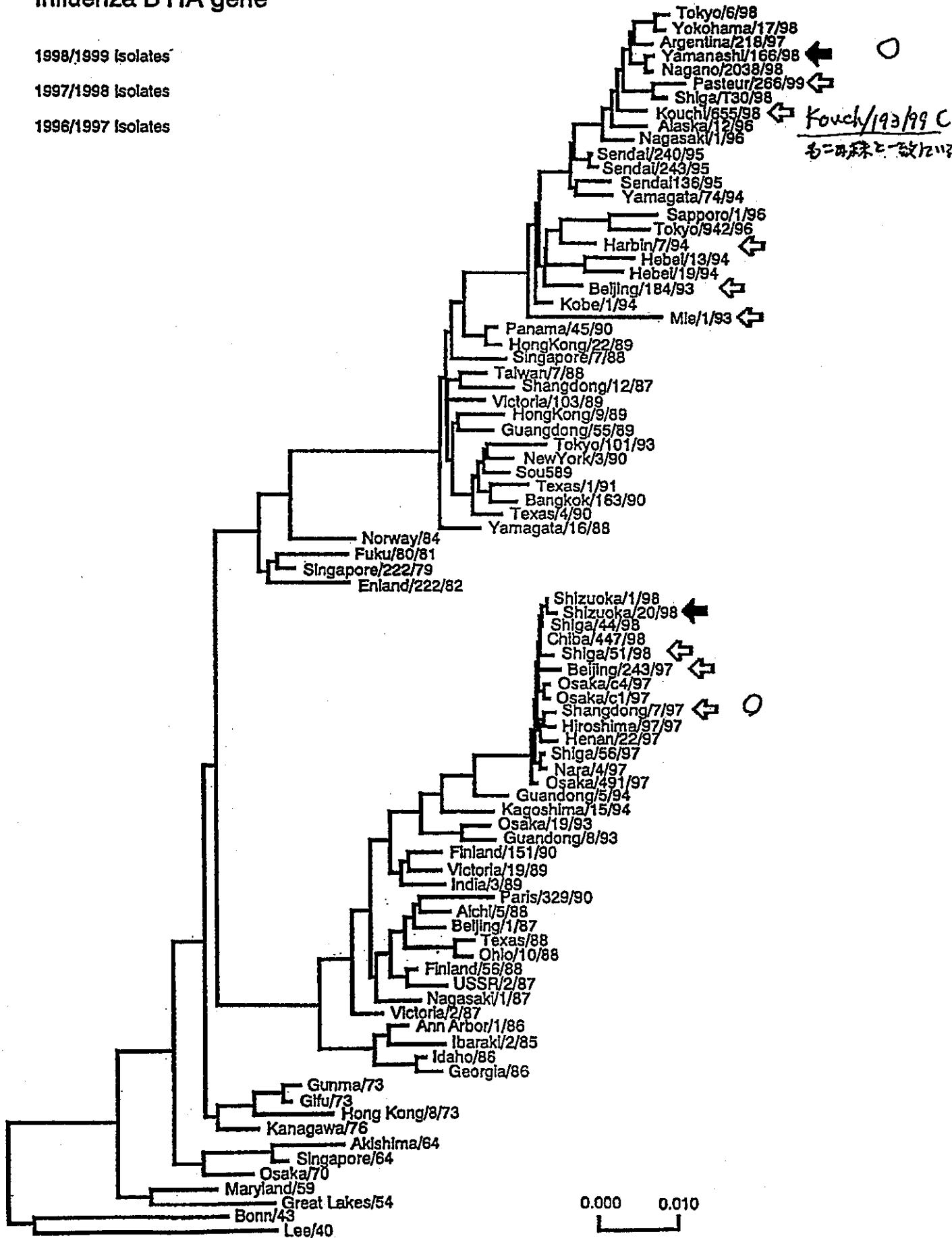
インフルエンザによる死亡は、多くの場合、呼吸器感染症の終末像として肺炎死と診断されるため、インフルエンザ流行のインパクトを死亡数で検討する場合、インフルエンザ死亡数 (例年数百程度) に肺炎死亡数

Influenza B HA gene

1998/1999 Isolates

1997/1998 Isolates

1996/1997 Isolates



インフルエンザウイルスの分子進化ソフトの開発

分担研究者：杉田 繁夫（JRA 競走馬総合研究所）

研究要旨：インフルエンザウイルスの抗原変異を適切に解析し、ワクチンを選定する目的で、遺伝子レベルの進化、抗原決定基など蛋白質レベルの変異、HI試験に基づくデータを適切に評価するために、抗原解析と発症シミュレーション、分子進化解析と抗原解析、抗原決定基の立体構造を含む解析ソフトを作製した。また、医療機関、一般人、研究者を繋ぐことのできる「インフルエンザ研究者交流の会」のホームページについても作製した。

A. 研究目的

インフルエンザウイルスの抗原変異を適切に解析、評価し、ワクチンを選定するためには、遺伝子レベルの分子進化解析データ、抗原決定基など HA 蛋白分子上のアミノ酸配列の変化および HI 試験等による抗原解析データの3つのデータを有機的に結びつけて解析することが重要である。そこで、これらの解析を支援するソフトウェアを開発した。なお、開発したソフトウェアは、全世界の研究者が利用できるように、全て、インターネットブラウザ上で利用できるように設定した。

B. 研究方法

ファイルメーカー社のデータベースソフトウェアパッケージであるファイルメーカー Pro ver. 4 のインターネット cgi 機能をベースに、インターネット上で、公開、利用できるデータベースおよび計算式をプログラムした。

C. 研究結果

図 1 に示すように、
<http://uma.equinst.go.jp/epizoo>

[/influenza](#) に利用できるメニューを表示した。各ソフトウェアは、このページのリンクを通じて利用出来る。

系統樹と抗原解析

分子進化系統樹と抗原解析結果をリンクしたプログラムでは、系統樹上のウイルスにマウスを持っていくと、詳細なウイルスのデータを表示し、クリックすると HI データとリンクするようにプログラムした。系統樹上のクラスターと抗原の関係が一目でわかるため、変異ウイルスの分子進化の様子が HI データと共に解析できるのがメリットであると思われた（図2）。実際に、海外の研究者との意見交流のために利用している。

発症シミュレーションソフト

抗原解析結果を元にした発症シミュレーションプログラムを作成した（図3）。ヒトでは、ワクチン管理等が難しいので、1992年の香港でのウマインフルエンザウイルス流行を元にしたシミュレーションプログラムを作製した。ウマのデータを用いるメリットは、ウマは、完全に管理されているため、感染前の血清が

残されており、その HI 抗体価と発症率の関係を調べることができる。その結果、感染率 = $152.3 + 28.5 * (\log_2 < \text{HI 抗体価} > / 2)$ の関係を得た。上記の結果を元に、図 3 の表中に、HI 抗体価の分布を入力するとそのウイルスに暴露された場合の感染率（発症率）が計算された。シミュレーションは、香港の競馬場でのデータを元にしたものではあるが、ヒトで考えられている HI 価と感染の関係とほぼ同じであり、ヒトでも十分に応用できると思われる。

ウマの場合、アメリカとヨーロッパで流行しているウイルスでは抗原性が違うため、アメリカ型ウイルスで、100%感染できる 1:160 の抗体価血清を用いて、ヨーロッパ型ウイルスを抗原とした HI を試みたところ、1:20 の抗体価が得られた。Siite B に 1 アミノ酸の抗原変異があるだけであるにも関わらず、HI 価は、1/8 に減少し、感染予想率は、58%だった。ワクチン抗体価が非常に高くてもドリフト変異ウイルスが出現した場合、感染を防げない可能性がシミュレーションされた。

抗原決定基解析ソフト

図 4 に抗原決定基のみのデータベースソフトを示す。H3 型 HA 蛋白立体構造も解析されており、抗原決定基も立体構造上にプロットされている。しかし、一般的に遺伝子配列を決定してもどの配列が抗原決定基やレセプター結合サイトに重要なかを抜き出すためには、通常、ワープロ等を用いた作業に頼っており、時間と量力がかかる作業である。このソフトは、H3 のアミノ酸データを入力すると自動的に抗原決定基のみが抜き出されるように設計されている。つまり、遺伝子データバンク

などからアミノ酸配列データを入力するだけで、抗原決定基のみのデータベース、あるいは、レセプター解析が出来る。メチオニンから始まるアミノ酸配列の場合は、自動的にシグナル配列を除去し、その他の場合は、HA1 から始まるアミノ酸配列データと解釈し、配列の抜き出しとデータベースを作製する。実際に、抗原決定基の変異したウイルスを簡単に検出でき HI 価の成績と一致した。

RNA PCR 計算ソフト

図 5 は、RNA PCR の計算ソフトである。インフルエンザウイルスのゲノムを検出する人たちの便宜を図り、サンプル数などを入力するだけで、RT-PCR のプロトコールが自動的に作製される。今後、このソフトにプライマーデータを追加することによって、多くの研究者が遺伝子を検出したり遺伝子配列を決定するための補助研究手段として役立つように、改良を進めていく予定である。研究者の便宜を考え、PCR プライマーの濃度計算等を行なうソフトも作製した。

インフルエンザ交流の会

図 6 は、インフルエンザ研究者交流の会のためのホームページである。このページの URL は、<http://wwwsoc.nacsis.ac.jp/jsci> であり、文部省学術情報センターのサーバーを利用している。研究者、医療関係者、一般人の 3 つの関係を繋ぐ役割を目指した BBS、掲示板関連のプログラムを導入した。また、昨年までは演題の申し込みをインターネットで行なっていたが、本年から、演題の抄録に関しても、インターネットで公開できるようにした。手法としては我々の研究所のサーバ

ーにリンクさせ、ファイルメーカー Pro を利用し、データベースとして使えるようにした。ワープロで作製した表などを含む文章をそのまま表示できる他、データベース検索できるようにになっている。

今年の演題申し込みは、1 演題を除く全てがインターネット経由であり、メーリングリストによるインフルエンザ研究者の連絡網は、現在、140 登録に達している。このメーリングリストは、万一、パンデミックが起った場合などの協力体制の確立に重要な意味を持つと考えられる。

D. 考察

インフルエンザウイルスは、流行速度が速く、国際的な監視体制と協力の元に研究を進めていかなければ、迅速なワクチン選定のみならず、新型ウイルスの出現に備えることは困難である。そこで、個人の研究者のためのソフトではなく、全世界の研究者がリアルタイムに共同して利用できるソフトおよびデータベースが重要と思われる。そのためには、インターネットをベースにしたソフトおよびデータベースが大いに力を発揮すると思われる。これらの観点から考えると有用なソフトであると考えられる。

しかしながら、データベースを入力、更新しなければソフトの協力は失われる。もちろん、研究者のオリジナリティーの保護も大切であるが、これらのソフトを有効に活用するためには、研究者の大きなネットワークとその中でのお互いの信頼関係を作ることが大切である。その点において、インフルエンザ研究者間のネットワークである私が、管理しているインフルエンザ研究者交流の会の

ホームページとの連携を図りながら、多くの研究者の同意が計られれば、これらのソフト資産は、大きな力となると思われる。

また、研究者のネットワークのみならず、医療関係者の協力を得ることによって、速やかに医療現場との協力体制が確立されること、また、正確で科学的な知識を一般人に伝達することによって、正しいワクチンの知識や新型ウイルスの出現時などに対応できるものと考え、その第一歩であるが、インフルエンザ研究者交流の会のホームページを充実した。その結果、多くの医療関係者の問い合わせがあったことを最後に付け加える。

E. 成果の発表

インフルエンザの研究関連ソフトのホームページ

<http://uma.equinst.go.jp/epizoo/influenza>

発症シミュレーションソフト

<http://uma.equinst.go.jp/epizoo/influenza/ifvsim/ifvsim.new.htm>

抗原決定基解析ソフト

<http://uma.equinst.go.jp/epizoo/influenza/antisites/ptn/default.htm>

RNA PCR 計算ソフト

<http://uma.equinst.go.jp/epizoo/PCR/ifv/default.htm>

プライマー濃度計算ソフト

http://uma.equinst.go.jp/epizoo/primer/primer_new.htm

インフルエンザ交流の会

<http://wwwsoc.nacsis.ac.jp/jsci>

インフルエンザウイルスの分子進化解析ソフト
<http://uma.equinst.go.jp/epizoo/influenza>

Netscape: Welcome to Gene Analysis Server

Location: <http://uma.equinst.go.jp/epizoo/influenza/>

Influenza virus

Service Menu

- [influenza virus antigen and receptor binding site analysis](#)
- [influenza virus outbreak simulation](#)
- [Evolve Influenza Virus RNA PCR \(Manual and calculation for PCR reagent\)](#)
- [PCR primer design program \(Japanese\)](#)
- [OIE Standard Manual for Equine Influenza \(Japanese\)](#)

About influenza virus (Under construction)

[About influenza virus evolution](#) [About calculation programs](#)
[About molecular biology of influenza virus](#) [Script in Japanese but figures in English](#)

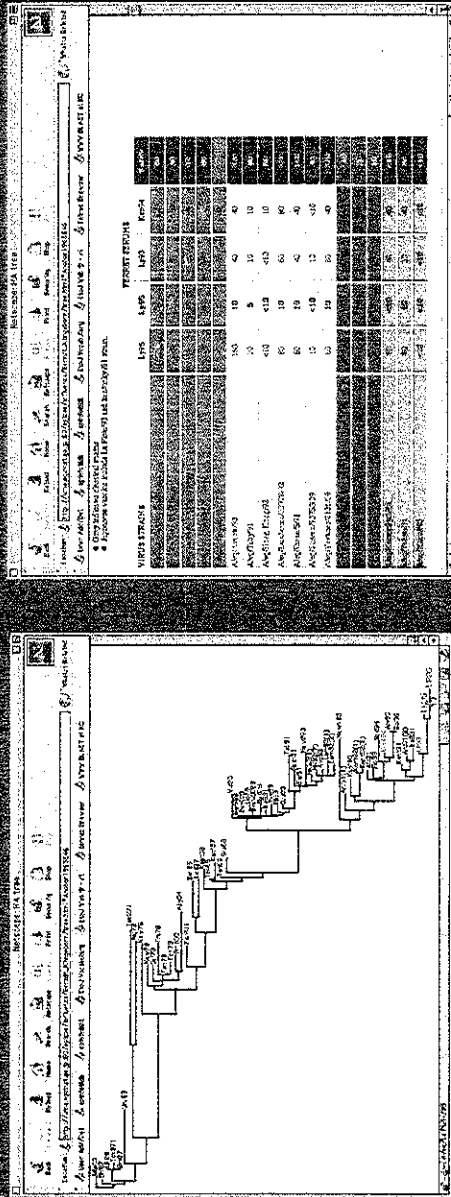
Links

- [Influenza Sequence Database](#)

Contact to: [Shigen Saito \(shigen@uma.equinst.go.jp\)](mailto:Shigen Saito (shigen@uma.equinst.go.jp))



分子進化系統樹と抗原解析結果



ウイルス略名にマウスを持っていくとウイルス名表示
をクリックするとHI成績にリンク

図2

抗原解析結果と発症シミュレーション

Influenza HI Simulation for infection possibility

Your Name: _____
 Title: _____
 Comment: _____

Enter	<1.8	1.8	1.16	1.32	1.64	1.128	1.256	>1.512
Rate	1	0.834	0.667	0.395	0.097	0	0	0
No. of horses	5	6	8	10	20	31	5	1
No. of sick	5	5.004	5.338	3.85	1.94	0	0	0

Total no. of samples: 86
 Total no. of sick horses: 21.73
 Percentage of predicted sick horses: 24.5748
 CM value = 54.47

1. Entry next calculation
 2. Back to Data control system home page.
 3. Back to Epidemic Res. Sp. Home Page.

Influenza HI Simulation for infection possibility

Your Name: _____
 Title: _____
 Comment: _____

Enter	<1.8	1.8	1.16	1.32	1.64	1.128	1.256	>1.512
Rate	1	0.834	0.667	0.395	0.097	0	0	0
No. of horses	5	6	8	10	20	31	5	1
No. of sick	5	5.004	5.338	3.85	1.94	0	0	0

Total no. of samples: 86
 Total no. of sick horses: 21.73
 Percentage of predicted sick horses: 24.5748
 CM value = 54.47

1. Entry next calculation
 2. Back to Data control system home page.
 3. Back to Epidemic Res. Sp. Home Page.

図3

1992年の香港の沙田（シャティン）競馬場におけるインフルエンザウイルスの流行時に調査された成績をもとにウイルス流行をSimulationするソフトを開発した。用いたパラメーターは、変更可能になるようにソフトを設計した。

抗原決定基の解析ソフト

抗原決定基データベース (抗原決定基変異を見つける)

Host	Accession	Length	Sequence
Human	A118	118	...TISGWS D164-165
Human	A119	119	...TISGWS D164-165
Human	A120	120	...TISGWS D164-165
Human	A121	121	...TISGWS D164-165
Human	A122	122	...TISGWS D164-165
Human	A123	123	...TISGWS D164-165
Human	A124	124	...TISGWS D164-165
Human	A125	125	...TISGWS D164-165
Human	A126	126	...TISGWS D164-165
Human	A127	127	...TISGWS D164-165
Human	A128	128	...TISGWS D164-165
Human	A129	129	...TISGWS D164-165
Human	A130	130	...TISGWS D164-165
Human	A131	131	...TISGWS D164-165
Human	A132	132	...TISGWS D164-165
Human	A133	133	...TISGWS D164-165
Human	A134	134	...TISGWS D164-165
Human	A135	135	...TISGWS D164-165
Human	A136	136	...TISGWS D164-165
Human	A137	137	...TISGWS D164-165
Human	A138	138	...TISGWS D164-165
Human	A139	139	...TISGWS D164-165
Human	A140	140	...TISGWS D164-165
Human	A141	141	...TISGWS D164-165
Human	A142	142	...TISGWS D164-165
Human	A143	143	...TISGWS D164-165
Human	A144	144	...TISGWS D164-165
Human	A145	145	...TISGWS D164-165
Human	A146	146	...TISGWS D164-165
Human	A147	147	...TISGWS D164-165
Human	A148	148	...TISGWS D164-165
Human	A149	149	...TISGWS D164-165
Human	A150	150	...TISGWS D164-165
Human	A151	151	...TISGWS D164-165
Human	A152	152	...TISGWS D164-165
Human	A153	153	...TISGWS D164-165
Human	A154	154	...TISGWS D164-165
Human	A155	155	...TISGWS D164-165
Human	A156	156	...TISGWS D164-165
Human	A157	157	...TISGWS D164-165
Human	A158	158	...TISGWS D164-165
Human	A159	159	...TISGWS D164-165
Human	A160	160	...TISGWS D164-165
Human	A161	161	...TISGWS D164-165
Human	A162	162	...TISGWS D164-165
Human	A163	163	...TISGWS D164-165
Human	A164	164	...TISGWS D164-165
Human	A165	165	...TISGWS D164-165
Human	A166	166	...TISGWS D164-165
Human	A167	167	...TISGWS D164-165
Human	A168	168	...TISGWS D164-165
Human	A169	169	...TISGWS D164-165
Human	A170	170	...TISGWS D164-165
Human	A171	171	...TISGWS D164-165
Human	A172	172	...TISGWS D164-165
Human	A173	173	...TISGWS D164-165
Human	A174	174	...TISGWS D164-165
Human	A175	175	...TISGWS D164-165
Human	A176	176	...TISGWS D164-165
Human	A177	177	...TISGWS D164-165
Human	A178	178	...TISGWS D164-165
Human	A179	179	...TISGWS D164-165
Human	A180	180	...TISGWS D164-165
Human	A181	181	...TISGWS D164-165
Human	A182	182	...TISGWS D164-165
Human	A183	183	...TISGWS D164-165
Human	A184	184	...TISGWS D164-165
Human	A185	185	...TISGWS D164-165
Human	A186	186	...TISGWS D164-165
Human	A187	187	...TISGWS D164-165
Human	A188	188	...TISGWS D164-165
Human	A189	189	...TISGWS D164-165
Human	A190	190	...TISGWS D164-165
Human	A191	191	...TISGWS D164-165
Human	A192	192	...TISGWS D164-165
Human	A193	193	...TISGWS D164-165
Human	A194	194	...TISGWS D164-165
Human	A195	195	...TISGWS D164-165
Human	A196	196	...TISGWS D164-165
Human	A197	197	...TISGWS D164-165
Human	A198	198	...TISGWS D164-165
Human	A199	199	...TISGWS D164-165
Human	A200	200	...TISGWS D164-165



RNA PCRのための計算ソフト

RNA PCRで用いる試薬量の計算結果

RNA PCR

Host: Intelligence evolution JP (Only English)
 Host: Shiga SUDPA (Only English)
 Organization: Reiwa Research Institute, IRI
 Department: Reiwa Research Institute, IRI
 Target gene: Epstein-Barr Virus (EBV) IRI gene PCR
 Kit: TAKARA RNA PCR Ver. 2

No. of samples: 12 Total vol: 100 μ l
 Calculation condition: Final conc.
 % Excess to product A: 10 Your primer conc: 10

Return size condition: Final conc.
 MgCl₂: 1.00
 dNTP mix: 1.00
 RNase Inhibitor: 1.00
 Reaction Time (min): 30
 DTT: 0
 Reaction buffer: 1.00
 Control: 1.00

Remarks:
 * Using Control, please change 2.5
 *
 * Using Control, please change 0.50
 * Using Control, please change 0.75
 * Using Control, please change 1.00
 * Using Control, please change 1.25

Your RNA PCR Conditions

No.: 55 Date: 2000/16
 Your email: shiga@pcapco.equest.go.jp
 Organization: Reiwa Research Institute, IRI
 Target gene: Epstein-Barr Virus (EBV) IRI gene PCR
 Target enzyme: Epstein-Barr Virus (EBV) IRI gene
 No. of samples: 12 Total vol: 100 μ l
 Calculation Excess: 10 (%) Your primer conc: 10 μ l

Primer equipment:
 * IFV-4194 600 μ g 100 μ l 600 μ g 100 μ l
 * IFV-H3-R 600 μ g 100 μ l 600 μ g 100 μ l

Return size:
 * 5.00 μ l 25 μ l
 * 2.50 μ l 12.5 μ l
 * 1.25 μ l 6.25 μ l
 * 0.75 μ l 3.75 μ l
 * 0.50 μ l 2.50 μ l

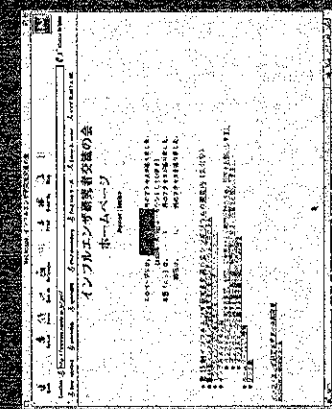
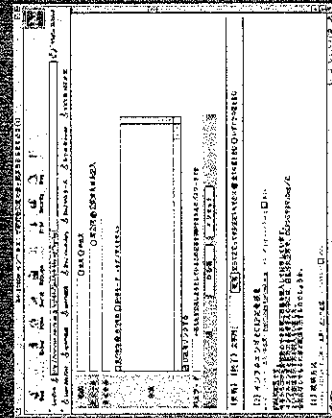
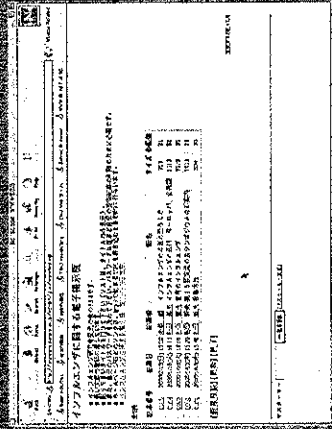
Component	Volume per Reaction (μ l)	Final Concentration	Stock Concentration	Reaction Mix (μ l)
MgCl ₂	4	1.00	25	52.8
dNTP	2	1.00	25	26.4
RNase free DDW	8.5	1.00	112.2	112.2
Control Mix	2	1.00	10	26.4
Primer Inhibitor	5	1.00	40	8.6
Reaction Time (min)	30	1.00	30	19.2



インフルエンザ研究者交流の会ホームページ

情報の交換のための電子掲示板

開業医をはじめ、医療関係者との連携



インフルエンザウイルスの分子進化解析ソフト
<http://uma.equinst.go.jp/epizoo/influenza>

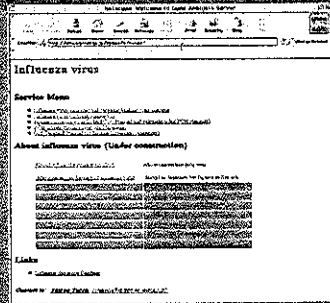


図1

分子進化系統樹と抗原解析結果

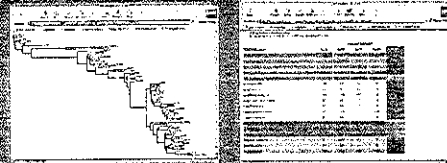


図2

ウイルス種名にマウスを合わせていくとウイルス名が表示
 クリックするとH抗原にリンク

抗原解析結果と抗原シミュレーション

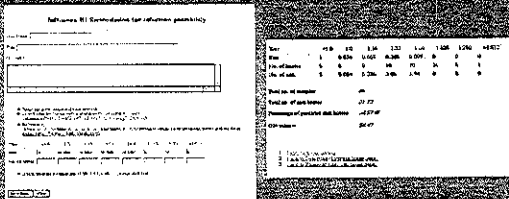


図3

1年毎の推定結果 (0年=1997年) を表にすると、グラフも表示
 1年毎の推定結果 (0年=1997年) を表にすると、グラフも表示
 1年毎の推定結果 (0年=1997年) を表にすると、グラフも表示

抗原シミュレーションの解析ソフト

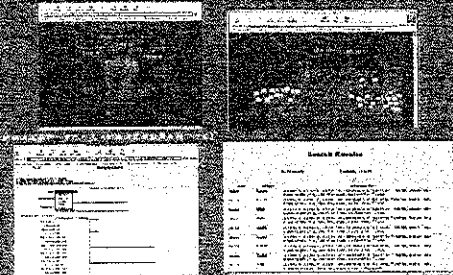


図4

RNA-PCRのための解析ソフト

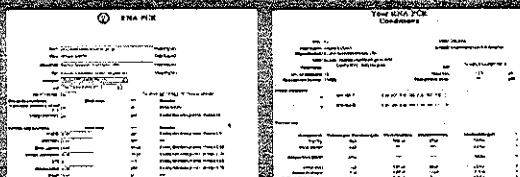


図5

インフルエンザ研究者交流のホームページ



図6