

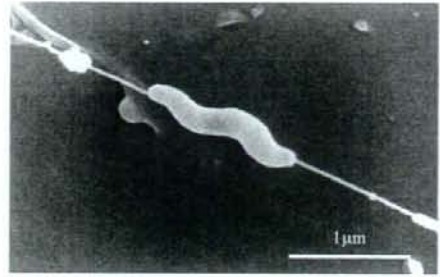
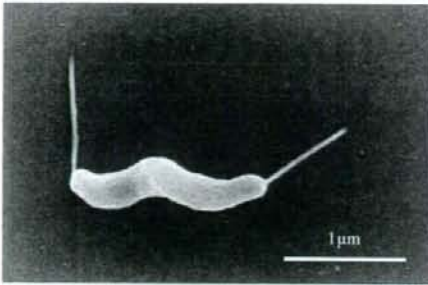
Table 1. In vitro activities of antibacterial agents against *Campylobacter jejuni* (n=85)

Antibacterial agents	MIC ₅₀	MIC ₉₀	Range	% S	% I	% R
Penicillins						
Ampicillin	2	8	0.5-64	97.6	0.0	2.4
Amoxicillin	2	4	0.25-32			
Piperacillin	64	128	1-256	5.9	80.0	14.1
β-lactamase inhibitors						
Sulbactam	8	16	4-64			
Clavulanic acid	1	2	0.5-4			
Tazobactam	64	128	16-256			
Carbapenems						
Imipenem	0.031	0.125	0.016-0.25	100.0	0.0	0.0
Paipenem	0.031	0.063	0.008-0.125			
Biapenem	0.016	0.063	0.004-0.125			
Meropenem	0.016	0.031	0.004-0.125	100.0	0.0	0.0
Monobactams						
Aztreonam	1256	1256	32-256	0.0	0.0	100.0
Carumonam	16	128	4-128			
Aminoglycosides						
Gentamicin	0.5	1	0.125-256	98.8	0.0	1.2
Kanamycin	8	16	1-256	96.4	2.4	1.2
Streptomycin	1	2	0.25-128	98.8	0.0	1.2
Tetracyclines						
Tetracycline	0.25	1256	0.125-256	76.4	1.2	22.4
Doxycycline	0.125	32	0.063-64	78.8	1.2	20.0
Minocycline	0.125	32	0.031-64	77.6	0.0	22.4
Macrolides						
Erythromycin	2	4	0.25-8	100.0	0.0	0.0
Clarithromycin	2	8	0.5-16			
Azithromycin	0.25	0.5	0.063-1	100.0	0.0	0.0
Quinolones						
Nalidixic acid	128	1256	2-256	43.5	0.0	56.5
Norfloxacin	64	1256	0.25-256	44.7	0.0	55.3
Ciprofloxacin	8	32	0.063-32	42.4	0.0	57.6
Ofloxacin	8	32	0.125-32	44.7	0.0	55.3
Levofloxacin	4	16	0.063-16	44.7	18.8	36.5
Enrofloxacin	4	16	0.063-16			
Tosufloxacin	4	16	0.15-256			
Lincosamide						
Clindamycin	0.5	1	0.063-4	96.5	3.5	0.0
Phenolics						
Chloramphenicol	4	8	1-8	100.0	0.0	0.0
Folate pathway inhibitors						
Sulfamethoxazol-trimethoprim	1256	1256	32-256	0.0	0.0	100.0
Nitrofurans						
Furazolidone	0.125	0.5	0.013-1			
Fosfomycins						
Fosfomicin	64	128	4-256	67.1	23.5	9.4

•MIC breakpoints for *C. jejuni* from National Antimicrobial Resistance Monitoring System (NARMS) and Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI): S, susceptible; I, intermediate; R, resistant.

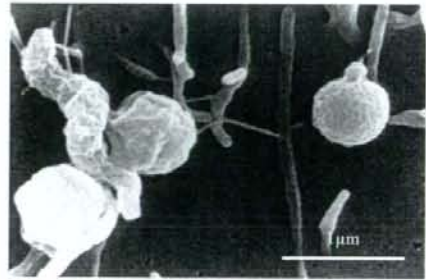
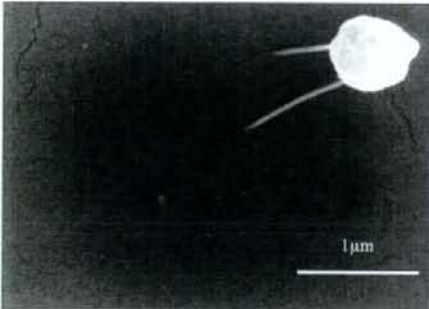
Fig 1. Scanning electron micrographs showing *C. jejuni* morphological changes induced by imipenem and meropenem.

A. Control (no drug)



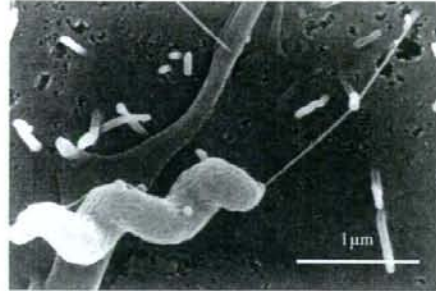
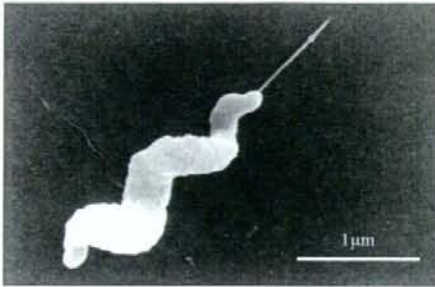
Normal spiral shape with flagella

B. Treatment with imipenem



Coccoid shape with flagella

C. Treatment with meropenem



Slightly elongated and swollen spiral shape

Clostridium difficile 腸炎と芽胞発芽率に関する研究

研究分担者 神谷 茂 杏林大学教授

研究要旨：

C. difficile 腸炎患者より分離された *C. difficile* 菌株 149 株を使用して PCR ribotyping およびパルスフィールド電気泳動 (PFGE) による DNA タイピングを行った。PFGE 法にて 12 種類の Major type に分類された。*C. difficile* 菌株の DNA タイピングは芽胞形成率や発芽率とは関連しなかった。*C. difficile* 菌株の芽胞形成率は再発感染の発生に影響を与えなかったが、再発症例由来の *C. difficile* 菌株は高い発芽率を示した。プロバイオティクスとして使用されている *C. butyricum* MIYAIRI 588 株は高い発芽-増殖率を示すことにより、*C. difficile* の増殖を抑制した。

A. 研究目的

Clostridium difficile は抗菌薬関連下痢症 (AAD) および偽膜性大腸菌 (PMC) の原因菌である。欧米では新たな毒素産生を示す新型 *C. difficile* によるアウトブレイクが発生し、関心を集めている。我が国での上記の如きアウトブレイクは起きていないが、*C. difficile* 腸炎 (CDAD) の病態を解明して行くことが望まれる。本研究では CDAD の病態の一端を解明する目的で本菌のゲノタイプ分類を行うとともに本菌の芽胞形成率および発芽率を調べた。加えて、プロバイオティクス菌株である *Clostridium butyricum* MIYAIRI 588 株の *C. difficile* の増殖への効果についても検討を加えた。

B. 研究方法

1) 供試菌株

東京都老人医療センターおよび杏林大学病院より分離された *C. difficile* 株をそれぞれ 10 株および 139 株使用した。それぞれの分離

菌株の患者氏名は完全に匿名として (分与機関から研究者には通知されていない)、個人情報保護を行った。

2) 分離菌株の毒素遺伝子検出

トキシン A および B の遺伝子検出はそれぞれの遺伝子配列をプライマーとした PCR 法によった。

3) DNA タイピング

PCR ribotyping および Pulsed field gel electrophoresis (PFGE) の 2 法に基づいた。前者では 16A-23S rRNA gene intergenic spacer region を使用した。後者では 3 fragments 以上の相違が示されたものを Major PFGE type とした。

4) 芽胞形成率の測定

被験菌株を GAM 培地にて嫌氣的に 37℃、5 日間培養した。滅菌生理食塩水に菌を懸濁し、遠心洗浄した後、位相差顕微鏡にて芽胞数を計測した。芽胞形成率は以下の式により計算した。

芽胞形成率 = 芽胞数 / 全細菌数 x 100 (%)

5) 発芽率の測定

被験菌株を GAM 培地にて嫌氣的に 37℃、5 日間培養した。滅菌生理食塩水に菌を懸濁し、遠心洗浄した後、70℃ 10 分加熱し、栄養型細胞を死滅させた。加熱菌液中の芽胞数は前記のごとく位相差顕微鏡にて計測した。加熱菌液を GAM 寒天培地および GAM-TC (sodium taurocholate 含有) 寒天培地にて接種し、嫌氣的に培養した。発芽率は以下の式により計算した。

発芽率 = 形成されたコロニー数 / 全芽胞数 × 100 (%)

6) *C. difficile* 菌株と *Clostridium butyricum* MIYAIRI 588 株との共培養

分離 *C. difficile* TMG10 株を *Clostridium butyricum* MIYAIRI 588 株と共培養させ、その増殖性を比較した。

7) 発芽-増殖率の測定

C. difficile 株および *C. butyricum* MIYAIRI 588 株を BHI 培地にて嫌氣的に 37℃、1 週間培養を行った。この菌液の半分を抗菌薬 (バンコマイシンおよびメトロニダゾール) 添加下、37℃で 18 時間、嫌気培養を行った。抗菌薬存在下での培養後に菌液を遠心、洗浄し、生残した芽胞数を GAM 培地にて測定した。上記菌液の残りは抗菌薬非存在下で 37℃で 18 時間、嫌気培養を行った。遠心、洗浄後に菌液を 70℃、10 分加熱して、GAM 培地にて芽胞数を計測した。これらの芽胞標品を新鮮な BHI 培地に接種してそれぞれの増殖度を OD 測定により判定した。

7) 統計学的解析

parametric data には Turkey-Kramer' s test を、nonparametric data には Steel-Dwass' s test を用いて統計学的有意差を算定した。

C. 研究結果

1) 分離 *C. difficile* 菌株の毒素遺伝子

被験菌株 149 株のうち 127 株 (85. 2%) に毒素遺伝子が検出された。検出された毒素遺伝子保有菌株のうち、118 株 (79. 2%) はトキシン A、B いずれも陽性であり、6 株 (6. 0%) はトキシン A 陰性、トキシン B 陽性であった。

2) 分離菌株の DNA タイピング

分離菌株 73 株を対象として DNA タイピングを行った。PCR ribotyping の結果、R1-R11 の型別に分類された。PFGE 法にて全ての菌株がタイピング可能であり、12 種類の PFGE Major type に分類された (表 1)。このうち 49 株 (67. 1%) は P1 型に分類され、11 株 (15. 1%) は P3 型に分類された (表 1)。

3) DNA タイピングと臨床例との関連

P1 型株は 40 症例 (再発例 20 例、単独発症例 20 例) 中 28 例 (70. 0%) より分離された。P3 型株は 40 症例 (上記と同じ) 中 8 株 (20. 0%) より分離された。

20 例の再発例中、16 例は同一菌株による感染に基づき (再発感染症例とする)、他の 4 例は異なる菌株による感染に基づく (再感染症例とする) ことが明らかにされた (表 2)。

また DNA タイピングによる型別と再発率との間に相関は認められなかった。

4) 分離菌株の芽胞形成率

分離菌株の芽胞形成率は 32% であり、その範囲は 1. 0% 以下から 89% と極めて広いものだった。分離菌株の芽胞形成率は DNA タイピングや再発率とは相関しなかった (図 1、図 2)。

5) 分離菌株の発芽率

分離菌株の発芽率は 0. 24% であり、その範囲は 0. 00094% から 3. 1% であった。Sodium taurocholate 添加培地を使用することにより、発芽率は 10 倍から 50000 倍に亢進した (平均 42. 7%、範囲 5. 7% - 103. 7%)。

再発症例由来の *C. difficile* 菌株の発芽率

(sodium taurocholate 無添加培養時)は再感染症例および単独感染症例由来の *C. difficile* 菌株のそれらに比べ有意に高かった(図2)。一方、sodium taurocholate 添加培養時にはこのような傾向は認められなかった(図2)。

6) *C. butyricum* MIYAIRI 588 株による *C. difficile* TMG10 株の増殖抑制

C. butyricum MIYAIRI 588 株は *C. difficile* TMG10 株の増殖を菌数依存的に抑制した(図3)。両菌株の発芽-増殖率を測定した結果、*C. butyricum* MIYAIRI 588 株の発芽-増殖率は *C. difficile* TMG10 株のそれに比べ有意に高値であった(表3)。

D. 考察

CDAD 症例より 149 株の *C. difficile* 菌株を分離して、その毒素遺伝子保有率を調べた結果、85.2%の菌株が毒素遺伝子を保有していることが明らかとなった。これらの毒素陽性株 118 株のうち 9 株がトキシン A 陰性トキシン陽性株であった。後者の菌株はトキシン A 検出キットのみでは検出されないことを銘記すべきであり、CDAD の臨床診断上で重要である。

PFGE 法によるタイピングにより P1 から P12 までの 12 型に分類されたが、被験菌株 73 株中、49 株 (67.1%) が P1 型であり、わが国においては本タイプが *C. difficile* の主流を占めることが想定された。また、本法によるタイピングにより再感染症例と再感染症例とに診断することが可能となったことは、本菌の院内感染の伝播等の分析に有用となる。

C. difficile 菌株の芽胞形成率は再感染症例由来株、再感染症例由来株および単独感染症例由来株とにおいて差異は認められなかったことより、本菌の芽胞形成率は上記の感染病態とは関連しないことが想定された。

C. difficile 菌株の発芽率は sodium taurocholate 非添加時の培養の際、再感染症例由来株で高値を示したことは、本菌の発芽能が CDAD の再発に関連することが示唆された。

プロバイオティクスとして使用されている *C. butyricum* MIYAIRI 588 株は *C. difficile* の増殖を抑制した。このプロバイオティクス菌株の発芽-増殖率が *C. difficile* のそれに比べ有意に高値であることが増殖抑制に関与していることが示唆された。これらの実験結果は CDAD の治療および予防にプロバイオティクスの使用が有用であることを示しており、今後臨床的な評価がなされることが期待される。

E. 結論

- *C. difficile* 菌株の DNA タイピングは再発感染とは関連しなかった。
- *C. difficile* 菌株の DNA タイピングは芽胞形成率や発芽率とは関連しなかった。
- *C. difficile* 菌株の芽胞形成率は再感染の発生に影響を与えなかった。
- 再感染症例由来の *C. difficile* 菌株は高い発芽率を示した。
- プロバイオティクスとして使用されている *C. butyricum* MIYAIRI 588 株は高い発芽-増殖率を示すことにより、*C. difficile* の増殖を抑制した。

F. 健康危険情報

特記事項なし。

G. 研究発表

1. 論文発表

- 1) Imase K, Tanaka A, Tokunaga K, Sugano H, Takahashi M, Tanaka M, Ishida H, Kamiya S, Takahashi S: Efficacy of *Clostridium butyricum* preparation concomitantly

with *Helicobacter pylori* eradication therapy in relation to changes in the intestinal microbiota. *Microbiol Immunol* 52(1):1-6, 2008

2) 神谷 茂: *Clostridium difficile*

感染対策 ICT ジャーナル, 3(1):6-7, 2008

3) 神谷 茂: 強毒型ディフィシル菌感染症の発生とその対策、日本医事新報 No. 4372, 105, 2008

2. 学会発表

1) 神谷 茂: 感染症とプロバイオティクス、日本生菌製剤協会第20回通常総会、特別講演 (平成20年5月26日、東京)

2) 神谷 茂: *Clostridium difficile*感染と腸内フローラ、第12回日本腸内細菌学会、シンポジウム1「腸内フローラの破綻と病原性発現 -臨床の立場から-」(平成20年6月12-13日、東京)

H. 知的財産権の出願・登録状況 (予定を含む)

1. 特許取得: 該当なし

2. 実用新案登録: 該当なし

3. その他: 該当なし

研究発表一覧

A. 論文発表

1. Kai A., Konishi N., Obata H., Shimojima Y., Uehara S., Monma C, Yokoyama K., Takahashi M., Kawamura M., Yano K. : Bacteriological and epidemiological aspects of a large outbreak caused by enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157 : H7 at a university in Tokyo, 43rd Annual Joint Panel Meeting, Cholera and Other Bacterial Enteric Infections, Fukuoka, 2008
2. 東京都健康安全研究センター 微生物部食品微生物研究科：学生食堂で発生した腸管出血性大腸菌 O157 による大規模食中毒事例－東京都，病原微生物検出情報（国立感染症研究所），29, 5, 4-5, 2008
3. Barysheva OV, Fujii J, Takaesu G, Yoshida S: Application of unstable Gfp variants to the kinetic study of *Legionella pneumophila* icm gene expression during infection. *Microbiology*, 154(4), 1015-25, 2008.
4. Fujii J, Wood K, Matsuda F, Carneiro-Filho BA, Schlegel KH, Yutsudo T, Binnington-Boyd B, Lingwood CA, Obata F, Kim KS, Yoshida S, Obrig T: Shiga toxin 2 causes apoptosis in human brain microvascular endothelial cells via C/EBP homologous protein. *Infect Immun*, 76(8), 3679-89, 2008.
5. Matsuda F, Fujii J, Yoshida S: Autophagy induced by 2-deoxy-D-glucose suppresses intracellular multiplication of *Legionella pneumophila* in A/J mouse macrophages. *Autophagy*, in press, 2009.
6. Fujii J, Kinoshita Y, Matsukawa A, Villanueva S, Yutsudo T, Yoshida S: Successful steroid pulse therapy for brain lesion caused by Shiga toxin 2 in rabbits, *Microb Pathog*, in press, 2009.
7. Rasel Khan, Eizo Takahashi, Hironori Nakura, Mohammad Ansaruzzaman, Sukalyani Banik, Thandavarayan Ramamurthy, Keinosuke Okamoto, Toxin production by *Aeromonas sobria* in natural environment: river water vs. seawater, *Acta Medica Okayama*, 62(6): 363-371, 2008.
8. Hidetoshi Nitta, Takahisa Imamura, Yoshihiro Wada, Atsushi Irie, Hidetomo Kobayashi, Keinosuke Okamoto, Hideo Baba, Production of C5a by ASP, a serine protease released from *Aeromonas sobria*, *The Journal of Immunology*, 181(5):3602-3608, 2008.
9. Takahisa Imamura, Hidetoshi Nitta, Yoshihiro Wada, Hidetomo Kobayashi, Keinosuke Okamoto, Impaired plasma clottability induction through fibrinogen degradation by ASP, a serine protease released from *Aeromonas sobria*, *FEMS Microbiol Lett*. 284: 35-42, 2008

10. Nishioka, T., M. Kamruzzaman, M. Nishibuchi, and Y. Satta. 2008. On the origin and function of an insertion element VP α -1 specific to post-1995 pandemic *Vibrio parahaemolyticus* strains. *Genes & Genetic Systems* 83(2):101-110.
11. Yamamoto, A., J. Iwahori, V. Vuddhakul, W. Charernjiratrakul, D. Vose, K. Osaka, M. Shigematsu, H. Toyofuku, S. Yamamoto, M. Nishibuchi, F. Kasuga. 2008. Quantitative modeling for risk assessment of *Vibrio parahaemolyticus* in bloody clams in southern Thailand. *Int. J. Food Microbiol.* 124(1):70-78.
12. Kamruzzaman, M., P. Bhoopong, V. Vuddhakul, and M. Nishibuchi. 2008. Detection of a functional insertion sequence responsible for deletion of the thermostable direct hemolysin gene (*tdh*) in *Vibrio parahaemolyticus*. *Gene*. 421(1-2):67-73.
13. 西淵光昭. 2008. アジアの環境と食品の安全. 食衛誌 48(6): J-414-416.
14. 中口義次、小板橋努、西淵光昭. 2008. ビブリオ感染症の疫学 - 海外におけるトピックス. 化学療法の領域 24(6):63-71.
15. 西淵光昭. 2008. 食中毒の変遷と現状: 発生要因および発生状況の多様化と対策. 化学療法の領域 24(7):18-19.
16. A. Hinenoya, A. Naigita, K. Ninomiya, M. Okuda, K. Shima, M. Asakura, K. Nishimura, K. Seto, T. Tsukamoto, T. Ramamurthy and S. Yamasaki. Prevalence and characteristics of cytolethal distending toxin (Cdt)-producing *Escherichia coli* from children with diarrhea in Japan., *Microbiol. Immunol.*, in press.
17. Rabindra, B., K.-S. Park, X. Chen, T. Iida, T. Honda, O. Takeuchi and S. Akira : Translocation of VP1686 upregulates RhoB and accelerates phagocytic activity of macrophage through actin remodeling. *J. Microbiol. Biotechnol.* 18 : 171-175, 2008
18. Sugiyama, T., T. Iida, K. Izutsu, K.-S. Park and T. Honda : Precise region and the character of the pathogenicity island in clinical *Vibrio parahaemolyticus* strains. *J. Bacteriol.* 190(5): 1835-1837, 2008
19. Izutsu, K., K. Kurokawa, K. Tashiro, S. Kuhara, T. Hayashi, T. Honda and T. Iida : Comparative genomic analysis using microarray demonstrates a strong correlation between the presence of the 80-kilobase pathogenicity island and pathogenicity in Kanagawa phenomenon-positive *Vibrio parahaemolyticus* strains. *Infect. Immun.* 76(3):1016-1023, 2008

20. Nakamura, S., N. Maeda, I.M.Miron, M. Yoh, K. Izutsu, C. Kataoka, T. Honda, T. Yasunaga, T. Nakaya, J. Kawai, Y. Hayashizaki, T. Horii and T. Iida : Metagenomic diagnosis of bacterial infections. *Emerging Infectious Diseases* 14(11):1784-1786, 2008
21. Kodama, T., H. Hiyoshi, K. Gotoh, Y. Akeda, S. Matsuda, K. S. Park, Vlademir V.C, T. Iida and T. Honda : Identification of two translocon proteins of *Vibrio parahaemolyticus* type III secretion system 2. *Infect. Immun.* 76(9):4282-4289, 2008
22. S. P. Voravuthikunchai, K. Okada, T. Iida and T. Honda : Early diagnosis of infectious diarrhea using lactoferrin and hemoglobin markers. *Journal of Rapid Methods & Automation in Microbiology.* 16:288-298, 2008
23. Dryselius, R, K, Izutsu, T, Honda and T, Iida : Differential replication dynamics for large and small *Vibrio* chromosomes affect gene dosage, expression and location. *BMC Genomics.* 9:559, 2008
24. Okada, N., T. Iida, K. S. Park, N. Goto, T. Yasunaga, H. Hiyoshi, S. Matsuda, T. Kodama and T. Honda : Identification and Characterization of a Novel Type III Secretion System in *trh*-Positive *Vibrio parahaemolyticus* Strain TH3996 Reveal Genetic Lineage and Diversity of Pathogenic Machinery beyond the Species Level. *Infect. Immun.* 77(2):904-13, 2008
25. Hisatsune, J., Nakayama, M., Isomoto, H., Kurazono, H., Mukaida, N., Mukhopadhyay, A. K., Sap, J., Yamasaki, E., Yahiro, Y., Moss, J., and Hirayama, T.: Molecular characterization of *Helicobacter pylori* VacA-induction of IL-8 in U937 cells reveals a prominent role for p38MAP kinase in ATF-2, CREB and NF- κ B activation. *J. Immunol.* 180 (7): 5017 -5027, 2008.
26. Tapchaisri, P., Na-Ubol, M., Tiyasuttipan, W., Chaiyaroj, S. C., Yamasaki, S., Wongsaroj, T., Hayashi, H., Nair, G.B., Chongsa-nguan, M., Kurazono, H., Chaicumpa, W.: Molecular typing of *Vibrio cholerae* O1 isolates from Thailand by pulsed-field gel electrophoresis. *J. Health Popul. Nutr.* 26 (1): 79-87, 2008.
27. Nakayama M, Hisatsune J, Yamasaki E, Isomoto H, Kurazono H, Hatakeyama M, Azuma T, Yamaoka Y, Yahiro K, Moss J, Hirayama T.: *Helicobacter pylori* VacA-induced inhibition of GSK3 through the PI3K/Akt signaling pathway. *J. Biol. Chem.* In press, 2008
28. Takahashi A, Muratani T, Yasuda M, Takahashi S, Monden K, Ishikawa K, Kiyota H, Arakawa S, Matsumoto T, Shima, H, Kurazono H, Yamamoto S: Genetic profile of fluoroquinolone-resistant *Escherichia coli* isolated from cystitis: phylogeny, virulence factors, PAI_{usp}-subtypes, and mutation patterns. *J. Clin. Microbiol.* in press, 2009

29. Nakayama K., Yamashita A., Kurokawa K., Morimoto T., Ogawa M., Fukuhara M., Urakami H., Ohnishi M., Uchiyama I., Ogura Y., Ooka T., Oshima K., Tamura A., Hattori M. and Hayashi T.: The whole-genome sequencing of the obligate intracellular bacterium *Orientia tsutsugamushi* revealed massive gene amplification during reductive genome evolution. *DNA Res.* 15:185-199, 2008.
30. Naito M., Hirakawa H., Yamashita A., Ohara N., Shoji M., Yukitake H., Nakayama K., Toh H., Yoshimura F., Kuhara S., Hattori M., Hayashi T., and Nakayama K. :Determination of the Genome Sequence of *Porphyromonas gingivalis* Strain ATCC 33277 and Genomic Comparison with Strain W83 Revealed Extensive Genome Rearrangements in *P. gingivalis* *DNA Res.* 15:215-225, 2008
31. Ogura Y., Abe H., Katsura K., Kurokawa K., Asadulghani, Iguchi A., Ooka T., Nakayama K., Yamashita A., Hattori M., Tobe T. and Hayashi T.: Systematic identification and sequence analysis of the genomic islands of the enteropathogenic *Escherichia coli* strain B171-8 by the combined use of Whole Genome PCR Scanning and fosmid mapping. *J. Bacteriol.* 190:6948-6960, 2008.
32. Oshima K., Toh H., Ogura Y., Sasamoto H., Morita H., Park S.-H., Ooka T., Iyoda S., Taylor T.D., Hayashi T., Itoh K., and Hattori M. :Complete Genome Sequence and Comparative Analysis of the Wild-type Commensal *Escherichia coli* Strain SE11 Isolated from a Healthy Adult. *DNA Res.* 15:375-386, 2008.
33. Miyahara A., Nakanishi N., Ooka T., Hayashi T., Sugimoto N., and Tobe T.:Enterohemorrhagic *Escherichia coli* effector EspL2 induces actin microfilament aggregation through annexin 2 activation. *Cell Microbiol.* doi:10.1111/j-1462-5822.2008. 01256.x., 2008.
34. Iguchi A., Thomson N.R., Ogura Y., Saunders D., Ooka T., Henderson I.R., Harris D., Asadulghani, Kurokawa K., Dean P., Kenny B., Quail M.A., Thurston S., Dougan G., Hayashi T., Parkhill J., and Frankel G.: The complete genome sequence and comparative genome analysis of enteropathogenic *E. coli* O127:H6 strain E2348/69, *J. Bacteriol.* 191:347-354, 2009.
35. Oana K., Kawakami Y., Hayashi T., and Ohnishi M.: Simple broad-spectrum protocol using labiase for bacterial cell lysis to prepare genomic DNA for pulsed-field gel electrophoresis analysis. *Microbiol. Immunol.* 53:45-48, 2009.
36. Nakanishi N., Tashiro K., Kuhara S., Hayashi T., Sugimoto N. and Tobe T.: Regulation of virulence by butyrate sensing in enterohemorrhagic *Escherichia coli*. *Microbiol.* (in press)

37. Hanashima, T., Miyake, M., Yahiro, K., Iwamaru, Y., Ando, A., Morinaga, N. and Noda, M. (2008) Effect of Gb3 in lipid rafts in resistance to Shiga-like toxin of mutant Vero cells. *Microb Pathog.* 45: 124-133.
38. Morinaga, N., Yahiro, K., Matsuura, G., Moss, J. and Noda, M. (2008) Subtilase cytotoxin, produced by Shiga-toxigenic *Escherichia coli*, transiently inhibits protein synthesis of Vero cells via degradation of BiP and induces cell cycle arrest at G1 by downregulation of cyclin D1. *Cell Microbiol.* 10: 921-929.
39. Hisatsune J, Nakayama M, Isomoto H, Kurazono H, Mukaida N, Mukhopadhyay AK, Azuma T, Yamaoka Y, Sap J, Yamasaki E, Yahiro K, Moss J, Hirayama T. Molecular characterization of *Helicobacter pylori* VacA-induction of IL-8 in U937 cells reveals a prominent role for p38MAP kinase in ATF-2, CREB and NF- κ B activation. (2008) *J. Immunol.* 180: 5017-5027.
40. Mashima H, Suzuki J, Hirayama T, Yoshikumi Y, Ohno H, Ohnishi H, Yasuda H, Fujita T, Omata M. Involvement of VAMP7 in human gastric epithelial cell vacuolation induced by *Helicobacter pylori*-produced VacA. *Infect. Immun* 76: 2296-303.
41. Nakayama M, Hisatsune J, Yamasaki E, Isomoto H, Kurazono H, Hatakeyama M, Azuma T, Yamaoka Y, Yahiro K, Moss J, Hirayama T.: *Helicobacter pylori* VacA-induced inhibition of GSK3 through the PI3K/Akt signaling pathway. *J Biol Chem.* 284(3):1612-1619.
42. Yoshida A, Isomoto H, Hisatsune J, Nakayama M, Nakashima Y, Matsushima K, Mizuta Y, Hayashi T, Yamaoka Y, Azuma T, Moss J, Hirayama T, Kohno S.: Enhanced expression of CCL20 in human *Helicobacter pylori*-associated gastritis. *Clin Immunol.* in press
43. 平山壽哉、久恒順三、中山真彰、山崎栄樹: *Helicobacter pylori* VacA に関する最近の研究動向とわれわれの取り組み。 *Helicobacter Research* 12(4) 266-271. 2008.
44. Tsuji T., Shimizu T., Sasaki K., Shimizu Y., Tsukamoto K., Arimitsu H., Ochi S., Sugiyama S., Taniguchi K., Neri P., Mori H. Protection of mice from Shiga toxin-2 toxemia by mucosal vaccine of Shiga toxin 2B-His with *Escherichia coli* enterotoxin Vaccine 2008;26(4):469-76
45. Tsuji, T., Shimizu, T., Sasaki, K., Tsukamoto, K., Arimitsu, H., Ochi, S., Taniguchi, K., Noda, M., Neri, P., Mori, H. A nasal vaccine comprising B-subunit derivative of Shiga toxin 2 for cross-protection against Shiga toxin types 1 and 2 Vaccine 2008;26(17):2092-9
46. Tsukamoto K., Kozai Y., Ihara H., Kohda T., Mukamoto M., Tsuji T., Kozaki S. Identification of the receptor-binding sites in the carboxyl-terminal half of the heavy chain of botulinum neurotoxin types C and D *Microb Pathog.* 2008;44(6): 484-493.

47. Arimitsu H., Sakaguchi Y., Lee JC., Ochi S., Tsukamoto K., Yamamoto Y., Ma S., Tsuji T., Oguma K. Molecular properties of each subcomponent in *Clostridium botulinum* type B haemagglutinin complex Microb Pathog. 2008;45(2):142-9.
48. Imase K, Tanaka A, Tokunaga K, Sugano H, Takahashi M, Tanaka M, Ishida H, Kamiya S, Takahashi S: Efficacy of *Clostridium butyricum* preparation concomitantly with *Helicobacter pylori* eradication therapy in relation to changes in the intestinal microbiota. Microbiol Immunol 52(1):1-6, 2008
49. 神谷 茂:*Clostridium difficile* 感染対策 ICT ジャーナル、3(1):6-7, 2008
50. 神谷 茂：強毒型ディフィシル菌感染症の発生とその対策、日本医事新報 No.4372, 105, 2008

B. 学会発表

1. Eizo Takahashi, Keinosuke Okamoto, Factors of *Aeromonas* involved in sepsis, United States-Japan Cooperative Medical Science program, Joint Conference on Cholera and Other Bacterial Enteric Infections Panel, Fukuoka, 2008年11月17日、Proceeding 196 ページ
2. 高橋栄造、岡本敬の介、*Aeromonas sobria* の菌体外毒素リパーゼの食塩による産生抑制、第61回日本細菌学会中国・四国支部総会、松山市、2008年10月18日 講演要旨集 19 ページ。
3. 岡本敬の介、アエロモナスの菌体外毒素の生合成および成熟化過程、第20回微生物シンポジウム、岐阜市、2008年9月3日、講演要旨集 12-13 ページ。
4. 高橋栄造、小野裕子、田村謙吾、岡本敬の介、*Aeromonas sobria* の生息環境に関する研究、第55回毒素シンポジウム、山梨、2008年7月2日、講演要旨集 38 ページ。
5. 瀬尾 晃司、Pharanai Sukhumungoon, Varaporn Vuddhakul, 山崎 渉、中口 義次、西瀨 光昭、タイ南部ハジャイ市で市販されている二枚貝の腸炎ビブリオ世界的大流行株の汚染調査、第42回腸炎ビブリオシンポジウム、平成20年10月23日、富山市。
6. 清水理香、Djamal, A. A., Vuddhakul, V., 瀬尾晃司、中口義次、西瀨光昭、インドネシア・パダン市および周辺地区の腸炎ビブリオ感染症調査、第42回腸炎ビブリオシンポジウム、平成20年10月23日、富山市。
7. 中口 義次、西瀨 光昭、腸炎ビブリオ生菌に由来する毒素遺伝子の mRNA を標的とした TRC 法による魚介類検査への応用に向けて、第42回腸炎ビブリオシンポジウム、平成20年10月23日、富山市。
8. 清水 理香、Kamruzzaman, M., 山崎渉、中口義次、西瀨光昭、腸炎ビブリオ新型クローン同定用 PCR 法の特異性の比較・検討、第61回日本細菌学会関西支部総会、平成20年11月8日、京都市。
9. 中口義次、西瀨光昭、腸炎ビブリオ *tdh* 遺伝子特異的 mRNA を標的とした迅速かつ好感度な TRC 法による検出系の魚介類への応用に向けて、第29回日本食品微生物学会学術総会、平成20年11月12日、広島市。
10. 西瀨光昭、新型腸炎ビブリオクローンによる感染症の世界的大流行と魚介類の安全性、国際シンポジウム：食の安全と食品媒介感染症、平成20年12月20日、東京都
11. 西瀨光昭、環境由来の微生物リスク - 実態、評価、近未来 - 環境・社会要因と感染症リスク、第24回日本微生物生態学会、平成20年11月27日、札幌市。

12. Nishibuchi, M. Pandemic spread of the infection by a new clone of *Vibrio parahaemolyticus* from Asia. The 9th Korean-Japan International Symposium on Microbiology 2008. Seoul, Korea. October 16., 2008.
13. A. Hinenoya, M. Asakura, A. Nagita, N. Sugimoto, T. Tsukamoto, Shah M. Faruque, G. B. Nair, T. Ramamurthy, and S. Yamasaki. Genetic diversity of cytolethal distending toxin (CDT) phage genome in Cdt-I-producing *Escherichia coli*. 43rd Joint Conference on cholera and other bacterial enteric infections panel. November 17-19, 2008, Fukuoka, Japan.
14. A. Hinenoya, M. Asakura, N. Sugimoto, R. Deb, T. Ramamurthy, G. B. Nair, Shah M. Faruque, and S. Yamasaki. Genetic diversity of cytolethal distending toxin-1 phage. One hundred eighth of General Meeting of American Society for Microbiology. June 1-5, 2008. Boston, USA.
15. 三戸部治郎、石原朋子、石浜明、渡邊治雄 赤痢菌の Type III secretion system の Post-transcriptional な温度・浸透圧による制御。平成 20 年 3 月 24-26 日 第 81 回日本細菌学会総会 京都国際会議場
16. Jiro Mitobe, Tomoko Ishihara, Akira Ishihama and Haruo Watanabe. Involvement of RNA Binding Protein Hfq in the Osmotic-Response Regulation of *invE* Gene Expression in *Shigella sonnei*. 2008 Nob 17-19 US-Japan Cooperative Medical Science Program. 43rd Conference. Cholera and Other Bacterial Enteric Infections. Fukuoka, Japan
17. 林哲也 (シンポジスト): 病原性大腸菌と非病原性大腸菌のゲノム比較, 第 12 回腸内細菌学会, 2008.6/12-13, 東京.
18. Ogura Y., Abe H., Katsura K., Kurokawa K., Asadulghani Md., Iguchi A., Ooka T., Nakayama K., Tobe T., and Hayashi T.: Systematic identification and sequence analysis of genomic islands of enteropathogenic *Escherichia coli* strain B171-8 by the combinational use of Whole Genome PCR Scanning and fosmid mapping. 日米コレラ日本側総会、2008.7/30, 大阪.
19. 中山恵介: *Orientia tsutsugamushi* 株間における比較ゲノム解析. 第 2 回細菌学・若手コロッセウム, 2008,8/3-5, 葉山.
20. 立山直, 小椋義俊, 松岡博史, 武田展幸, 島田雅巳, 佐伯祐二, 中山恵介, 大岡唯祐, 瀬戸山充, 林哲也: 侵襲・非侵襲性疾患と環境分離 *Aeromonas* 株の系統分析と表現型病原因子の分布. 第 61 回日本細菌学会九州支部総会. 2008,10/3-4, 熊本.
21. Hayashi T.; Genome analysis of O157 and non-O157 EHEC strains. The 9th Korea-Japan International Symposium on Microbiology, 17 October, 2008, Seoul, Korea. (Invited Speaker)

22. Ogura Y., Abe H., Katsura K., Kurokawa K., Asadulghani Md., Iguchi A., Ooka T., Nakayama K., Yamashita A., Hattori M., Tobe T., and Hayashi T.: Systematic identification and sequence analysis of the genomic islands of the enteropathogenic *Escherichia coli* strain B171-8 by the combined use of Whole Genome PCR Scanning and fosmid mapping. 第 43 回日米コレラ細菌性腸管感染症専門部会, November 17-19, 2008, Fukuoka.
23. Hayashi T.: Genomic view on the parallel evolution of enteropathogenic *Escherichia coli* strains. INRA-JSPS Workshop, January 28-31, 2009, Paris. (Invited Speaker)
24. 林哲也 (教育講演): 病原菌ゲノム解析の新しい流れ: 同一菌種内での多菌株比較解析と常在菌叢のメタゲノム解析. 第 43 回緑膿菌感染症研究会, 2/6-7, 2009, 京都.
25. 井口純, 小椋義俊, 大岡唯祐, Asadulghani, 黒川顕, 林哲也: 腸管病原性大腸菌 (EPEC) E2348/69 株のゲノム解析. 第 3 回ゲノム微生物学会年会, 3/5-7, 2009, 東京.
26. 小椋義俊, 安倍裕順, 黒川顕, モハメド・アサドルゴニ, 井口純, 大岡唯祐, 中山恵介, 山下敦士, 服部正平, 戸邊亨, 林哲也: Fosmid mapping 法と Whole genome PCR scanning 法を用いた腸管病原性大腸菌 B171 株の genomic island の網羅的な同定と配列決定. 第 3 回ゲノム微生物学会年会, 3/5-7, 2009, 東京.
27. Asadulghani Md., Ooka T., Islam Md.R., Ogura Y., Iguchi A., Nakayama K., and Hayashi T.: Generation of new Stx1 phages in *E. coli* O157 by recombination of Stx2 and Stx1 phage genomes. 第 3 回ゲノム微生物学会年会, 3/5-7, 2009, 東京.
28. Islam Md.R. Ogura Y., Asadulghani Md., Ooka T., Nakayama K., Iguchi A., Murase K., and Hayashi T.: Systematic functional analyses of unknown genes of Stx2 phage from O157:H7 Sakai. 第 3 回ゲノム微生物学会年会, 3/5-7, 2009, 東京
29. 中山恵介, 黒川顕, 小椋義俊, 大岡唯祐, 林哲也: *Orientia tsutsugamushi* の比較ゲノム解析. 第 3 回ゲノム微生物学会年会, 3/5-7, 2009, 東京
30. 大岡唯祐, 小椋義俊, 井口純, Asadulghani, 中山恵介, 小林秀樹, 寺嶋淳, 渡邊治雄, 林哲也: 病原性大腸菌の III 型分泌システムをコードする LEE 領域に関する多様性解析. 第 3 回ゲノム微生物学会年会, 3/5-7, 2009, 東京
31. 井口純, 小椋義俊, 大岡唯祐, Asadulghani, 黒川顕, 林哲也: The complete genome sequence and comparative genome analysis of EPEC O127:H6 strain E2348/69. 第

82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋

32. 小椋義俊, 安倍裕順, 黒川顕, Asadulghani, 井口純, 大岡唯祐, 中山恵介, 戸邊亨, 林哲也: Identification and sequence analysis of the genomic islands of EPEC B171 by fosmid mapping. 第 82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋
33. Asadulghani Md., Ooka T., Islam Md.R., Ogura Y., Iguchi A., Nakayama K., and Hayashi T.: Generation of new Stx1 phages by recombination of Stx2 and Stx1 phage genomes. 第 82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋
34. Islam Md.R. Ogura Y., Asadulghani Md., Ooka T., Nakayama K., Iguchi A., Murase K., and Hayashi T.: Systematic functional analyses of unknown genes of Stx2 phage from O157:H7 Sakai. 第 82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋
35. 中山恵介, 小椋義俊, 大岡唯祐, アサドルゴニ, 井口純, 村瀬一典, 林哲也: オリエンチア・ツツガムシに存在が予想されるペプチドグリカンの解析. 第 82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋
36. 大岡唯祐, 小椋義俊, 井口純, Asadulghani, 中山恵介, 小林秀樹, 寺嶋淳, 渡邊治雄, 林哲也: 腸管出血性大腸菌(EHEC)及び腸管病原性大腸菌(EPEC)における LEE 領域の多様性解析. 第 82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋
37. 立山直, 小椋義俊, 松岡博史, 武田展幸, 島田雅巳, 佐伯祐二, 中山恵介, 大岡唯祐, 瀬戸山充, 林哲也: 侵襲(劇症型を含む)・非侵襲性疾患と環境分離 *Aeromonas* 株の系統分析と表現型病原因子の分布. 第 82 回日本細菌学会総会, 3/12-14, 2009, 名古屋
38. Naoko Moringa, Kinnosuke Yahiro, Joel Moss, Masatoshi Noda. Subtilase cytotoxin induced G1 arrest of Vero cells through degradation of cyclin D1. Cholera and other bacterial enteric infections. 43rd annual joint panel meeting. Fukuoka, Japan. 143-147, 2008.
39. STEC の産生する subtilase cytotoxin (SubAB)による Vero 細胞の G1 アレスト誘導機構 盛永直子・八尋錦之助・野田公俊 第 55 回毒素シンポジウム予稿集 62-63,2008
40. STEC の産生する subtilase cytotoxin による Vero 細胞蛋白合成阻害機構と細胞周期への影響。盛永直子・八尋錦之助・松浦玄・野田公俊。日本細菌学会雑誌 68,144,2008.
41. Junzou Hisatsune, Masaaki Nakayama, Hajime Isomoto, Joel Moss, and Toshiya Hirayama: *HELICOBACTER PYROLI* VACA ENHANCES PGE2 PRODUCTION THROUGH INDUCTION OF COX-2 EXPRESSION VIA p38 MAP KINASE/ATF-2 CASCADE IN AZ-521 CELLS. 7th China-Korea-Japan Joint Conference on Helicobacter Infection. Feb.

21-22, 2008, Kyoto, Japan

42. Toshiya Hirayama, Junzo Hisatsune, Kayo Matsushima, Hajime Isomoto, Shigeru Kohno, Hisao Kurazono, and Joel Moss: *Helicobacter pylori* VacA-induced IL-8 production in U937 cells is mediated by an increase in intracellular Ca²⁺, followed by activation of ATF-2, CREB and NF-κB. 108th General Meeting of American Society for Microbiology June 1-5, 2008. Boston, USA
43. Toshiya Hirayama, Junzo Hisatsune, Hisao Kurazono, Hajime Isomoto, and Joel Moss: *Helicobacter pylori* VacA increases IL-8 production by p38 MAPK activation via intracellular Ca²⁺-release, leading to ATF-2, CREB and NF-κB activation. Aug 5-9, 2008. Istanbul, Turkey
44. Junzo Hisatsune, Hajime Isomoto, Toshiya Hirayama : Molecular Characterization of *Helicobacter pylori* VacA Induction of IL-8 in U937 Cells Reveals a Prominent Role for p38 MAPK in ATF-2, CREB Protein, and NF-κB Activation. The 9th Korea-Japan International Symposium on Microbiology. Oct 16-17, 2008, Seoul, Korea
45. 久恒順三、中山真彰、磯本一、倉園久生、平山壽哉：H. pylori VacA によるマクロファージ系細胞 U937 からの IL-8 産生機序の解析。第 81 回 日本細菌学会総会。平成 20 年 3 月 24 日～3 月 26 日。京都市
46. 磯本 一。H.pylori 感染胃粘膜における CCL20 発現の検討。第 14 回日本ヘリコバクター学会。平成 20 年 6 月 26 日～6 月 27 日。神戸市
47. 平山壽哉、磯本 一、山岡吉生、東 健、*Helicobacter pylori* VacA による IL-8 発現の分子機構。第 14 回日本ヘリコバクター学会。平成 20 年 6 月 26 日～6 月 27 日。神戸市
48. 赤田純子、西川潤、中澤晶子、平山壽哉、中村和行： *Helicobacter pylori* CagA による VacA の細胞空胞化低減。第 14 回日本ヘリコバクター学会。平成 20 年 6 月 26 日～6 月 27 日。神戸市
49. 平山壽哉：ヘリコバクター・ピロリ感染症と多様な病原発現。日本医学会シンポジウム。平成 20 年 7 月 17 日。東京都
50. 久恒順三、中山真彰、磯本一、河野茂、平山壽哉：H. pylori が産生する VacA 毒素の毒性発現機序の解析 - VacA による単球系細胞からの IL-8 産生機構について。第 2 回 細菌学・若手コロッセウム。平成 20 年 8 月 3 日～8 月 5 日。葉山町
51. Junzo Hisatsune, Hajime Isomoto, Toshiya Hirayama: Molecular Characterization of

Helicobacter pylori VacA Induction of IL-8 in U937 Cells Reveals a Prominent Role for p38 MAPK in ATF-2, CREB Protein, and NF- κ B Activation. 第8回あわじしま感染症・免疫フォーラム. 平成20年9月7日~9日11日. 淡路市

52. 中島悠次郎、磯本一、久恒順三、中山真彰、河野茂、平山壽哉: *Helicobacter pylori* 感染胃粘膜における CCL20, CXCL13 発現の検討. 第61回日本細菌学会九州支部総会. 平成20年10月3日~10日4日. 熊本市
53. 平山壽哉: ピロリ菌 VacA 毒素は p38 MAP kinase/ATF-2 経路を介した COX-2 の発現を促し PGE₂ 産生させる. 第67回日本癌学会学術総会, 平成20年10月28日~30日, 名古屋市
54. 徳永暁彦, 大澤朗, 森田昌知, 荒川英二, 渡辺治雄「*Vibrio cholerae* の可変 DNA 領域を標的とした新規 DNA フィンガープリンティング法の開発」第42回腸炎ビブリオシンポジウム (2008.10)
55. 徳永暁彦, 大澤朗, 森田昌知, 荒川英二, 渡辺治雄「*Vibrio cholerae* の可変 DNA 領域を標的とした新規 DNA フィンガープリンティング法の開発」第43回日米コレラ・細菌性腸管感染症専門部会 (2008.11)
56. 江崎孝行 中毒細菌の検出・同定システムの新展開: カクテル増幅法をつかった食品中の生きた菌の網羅的な遺伝子検査法, 第30回日本食品微生物学会総会 教育講演抄録, 岡山, 2008年
57. リンコマイシンで誘導されるコレラ毒素 B サブユニット大腸菌発現系の構築 有満秀幸, 越智定幸, 塚本健太郎, 佐々木慶子, 小熊恵二, 辻 孝雄
58. 表面プラズモン共鳴を用いたボツリヌス神経毒素と受容体の結合解析 塚本健太郎, 越智定幸, 有満秀幸, 幸田知子, 小崎俊司, 辻 孝雄
59. 毒素原性大腸菌 H10407 株の Ent プラスミドの全塩基配列決定 越智定幸, 有満秀幸, 塚本健太郎, 大谷 郁, 佐々木慶子, 加藤道夫, 清水 徹, 辻 孝雄
60. 志賀毒素 1 と 2 の交叉中和抗体を誘導する経鼻投与 Stx2B ワクチン 大野周子, 佐々木慶子, 清水 健, 塚本健太郎, 有満秀幸, 越智定幸, Paola Neri, 森 裕志, 辻 孝雄 (以上第81回日本細菌学会 (京都市))
61. 毒素原性大腸菌 H10407 株 Ent プラスミドの全塩基配列決定と解析 越智定幸, 有満秀幸, 塚本健太郎, 大谷 郁, 佐々木慶子, 加藤道夫, 清水徹, 辻 孝雄 (第55回毒素シンポジウム(山梨))

62. リンコマイシンで誘導されるコレラ毒素 B サブユニット大腸菌発現系の構築 有満秀幸、塚本健太郎、越智定幸、佐々木慶子、辻孝雄
63. 毒素原性大腸菌 H10407 株 Ent プラスミドの全塩基配列決定と解析 越智定幸、有満秀幸、塚本健太郎、大谷 郁、佐々木慶子、清水 徹、辻 孝雄 (以上第 20 回微生物シンポジウム (岐阜市))
64. 大腸菌におけるコレラ毒素過剰発現系の構築 有満秀幸、塚本健太郎、越智定幸、佐々木慶子、辻 孝雄
65. 毒素原性大腸菌 H10407 株 Ent プラスミドの塩基配列解析 越智定幸、有満秀幸、塚本健太郎、大谷 郁、佐々木慶子、加藤道夫、清水 徹、辻 孝雄
66. ボツリヌス神経毒素受容体としての糖脂質およびリン脂質の役割 塚本健太郎、越智定幸、有満秀幸、佐々木慶子、辻 孝雄 (以上第 45 回日本細菌学会中部支部総会 (金沢市))
67. Surface plasmon resonance analysis of botulinum neurotoxin binding for lipid receptors. Kentaro Tsukamoto, Sadayuki Ochi, Hideyuki Arimitsu, Tomoko Kohda, Takao Tsuji and Shunji Kozaki Toxin2008 Baveno, Italy
68. Construction of lincomycin-induced expression system of cholera toxin B subunit in *Escherichia coli* Hideyuki Arimitsu, Kentaro Tsukamoto, Sadayuki Ochi, Keiko Sasaki and Takao Tsuji 43rd U.S.-Japan Cholera & Other bacterial Enteric Infections Joint Panel Meeting in Fukuoka.
69. 矢部 静、樋口 渉、レワ イワン、高野智洋、西山晃史、山本達男：カンピロバクター・ジェジュニの運動性と形態変化、第 1 回日本カンピロバクター研究会総会、2008 (12 月、東京)
70. Yabe S, Higuchi W, Takano T, Yamamoto T : Inhibitory effects of carbapenems against Campylobacter jejuni, 43rd US-Japan Joint Conference on Cholera and Other Bacterial Enteric Infections (Fukuoka), 2008 (11 月)
71. 矢部 静、樋口 渉、高野智洋、山本達男：シタフロキサシン、β-ラクタマーゼ阻害薬、カルバペネムを含む抗菌薬の抗 Campylobacter jejuni 作用。第 81 回日本細菌学会総会、2008 (3 月、京都)
72. Yabe S, Takano T, Higuchi W, Isobe H, Yamamoto T : In Vitro Susceptibility of Campylobacter jejuni to Antimicrobial Agents Including Sitafloxacin, β-Lactamase Inhibitors and