

因を究明するなどさらに検討が必要である。

#### F.健康危険情報

なし

#### G.研究発表

##### 1.誌上发表

1) Sukhumungoon P, Nakaguchi Y, Ingviya N, Pradutkanchana J, Iwade Y, Seto K, Son R, Nishibuchi M, Vuddhakul V : Investigation of *stx2<sup>+</sup> eae<sup>+</sup> Escherichia coli* O157:H7 in beef imported from Malaysia to Thailand, Int. Food Res. J., 18: 381-386, 2011

2) 勢戸和子：食水系感染症病原体の検査法 8 腸管出血性大腸菌（志賀毒素産生性大腸菌），モダンメディア, 56: 337-340, 2010

3) 勢戸和子：食品の微生物検査法と食中毒発生時の疫学調査法 5.下痢原性大腸菌，防菌防黴誌, 38: 339-350, 2010

4) 勢戸和子：食品検体からの下痢原性大腸菌の分離・同定, NEXT 食品安全・衛生学実験（岡崎眞, 大澤朗, 川添禎浩 編集），講談社, 東京, 2010

##### 2.学会発表

1) 勢戸和子, 神吉政史, 原田哲也, 田口真澄：市販食品からの志賀毒素産生性大腸菌（STEC）検出法法の検討と分離株の性状, 第14回腸管出血性大腸菌感染症シンポジウム（2010年7月, 宮崎）

2) 神吉政史, 勢戸和子, 原田哲也, 久米田裕子：チーズにおける腸管出血性大腸菌の増菌培養法の比較, 第31回日本食品微生物学会（2010年11月, 大津）

#### H.知的財産権の出願・登録状況

なし

表1 IS-printing Sysytem および PFGE の精度管理に用いた配布株

菌株No.	菌種 (毒素型)	分離年	感染研Type No.
1	EHEC O157:H7 (VT2)	2010	f34
2	EHEC O157:H7 (VT2)	2010	f87
3	EHEC O157:H7 (VT1, VT2)	2010	f302
4	EHEC O157:H7 (VT1, VT2)	2010	c293
5	EHEC O157:HNM (VT1, VT2)	2010	e454
6	EHEC O157:H7 (VT2)	2010	f418

表2 MLVA 法の標的 Locus と増幅サイズ

PCR反応液	VNTR	Repeat unit	Off set (bp)
Reaction 1	Locus 25	6 bp	110
	Locus 3	6 bp	323
	Locus 34	18 bp	99
	Locus 9	6 bp	466
Reaction 2	Locus 17	6 bp	121
	Locus 19	6 bp	273
	Locus 36	7 bp	102
	Locus 37	6 bp	142
Reaction 3	Locus 10	6 bp	178

表4 2010年分離株の主な IS コード

ISコード	登録数	分離時期	登録施設数	備考	
17453	82510	10	6.8~9月	3	
17455	82510	14	6~9月	3	2つの家族事例を含む
84591	215275	34	6~12月	6	4つの家族事例を含む
118143	114891	18	6~9月	5	1つの家族事例を含む
215405	245862	10	5~6.8月	1	3つの家族事例
216943	84463	10	7~8月	1	2つの家族事例を含む
216959	84463	10	7~9月	5	1つの家族事例を含む
216959	117231	40	7~10月	4	12の家族事例を含む
249711	116975	18	2.6~9.11月	5	4つの家族事例を含む
249725	116975	15	4~6.8~10月	4	
249727	116974	11	5月	3	1つのグループ事例を含む
249727	116975	25	3~10月	7	



表5 EHEC O157 配布株の PFGE 画像解析結果

菌株	解析者	近似度(%)	100% 一致画像数 <sup>a)</sup>	認識バンド数(本)
1	A	97.4	9 (20)	19, 20
	B	97.3	8 (20)	20, 21
	C	96.6	6 (20), 2 (21)	19, 20, 21
	D	95.7	9 (23)	23
2	A	100	10 (19)	19
	B	97.0	8 (19)	18, 19
	C	97.3	9 (19)	18, 19
	D	97.4	9 (20)	19, 20
3	A	100	10 (18)	18
	B	100	10 (18)	18
	C	100	10 (18)	18
	D	97.4	9 (19)	19
4	A	100	10 (18)	18
	B	100	10 (18)	18
	C	97.3	7 (18), 3 (19)	18, 19
	D	95.2	5 (21), 2 (20)	20, 21
5	A	94.2	8 (18)	18, 19
	B	97.0	7 (18)	18, 19
	C	95.6	5 (18), 2 (19)	17, 18, 19, 20
	D	94.5	8 (20)	18, 20, 21
6	A	97.0	9 (16)	16, 17
	B	97.0	9 (16)	16, 17
	C	97.0	5 (16), 5 (17)	16, 17
	D	97.1	9 (17)	17

a) カッコ内は認識バンド数

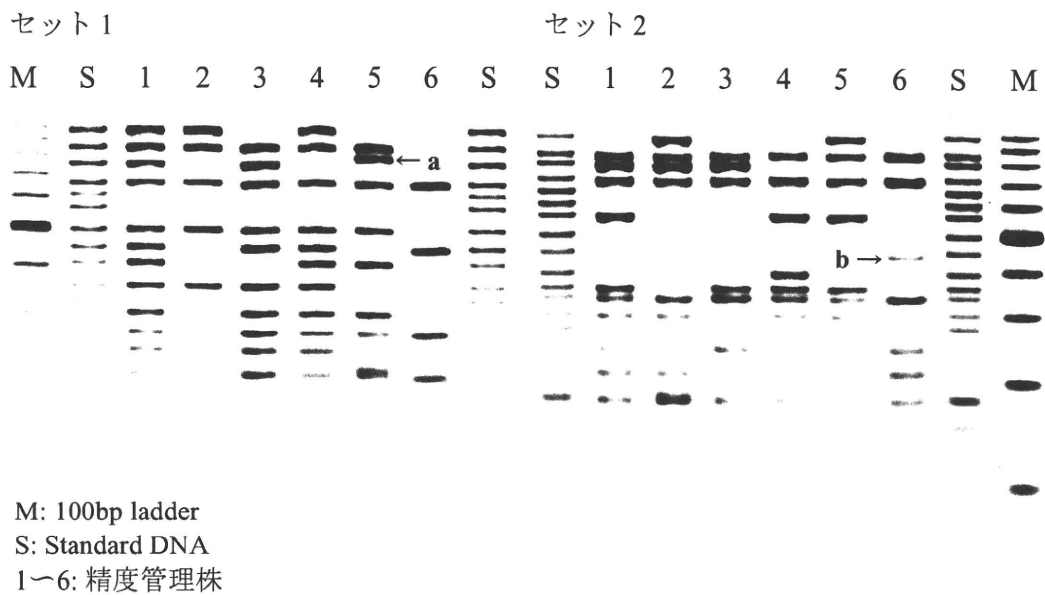


図1 EHEC O157 精度管理株の IS-printing System 画像例—施設 4

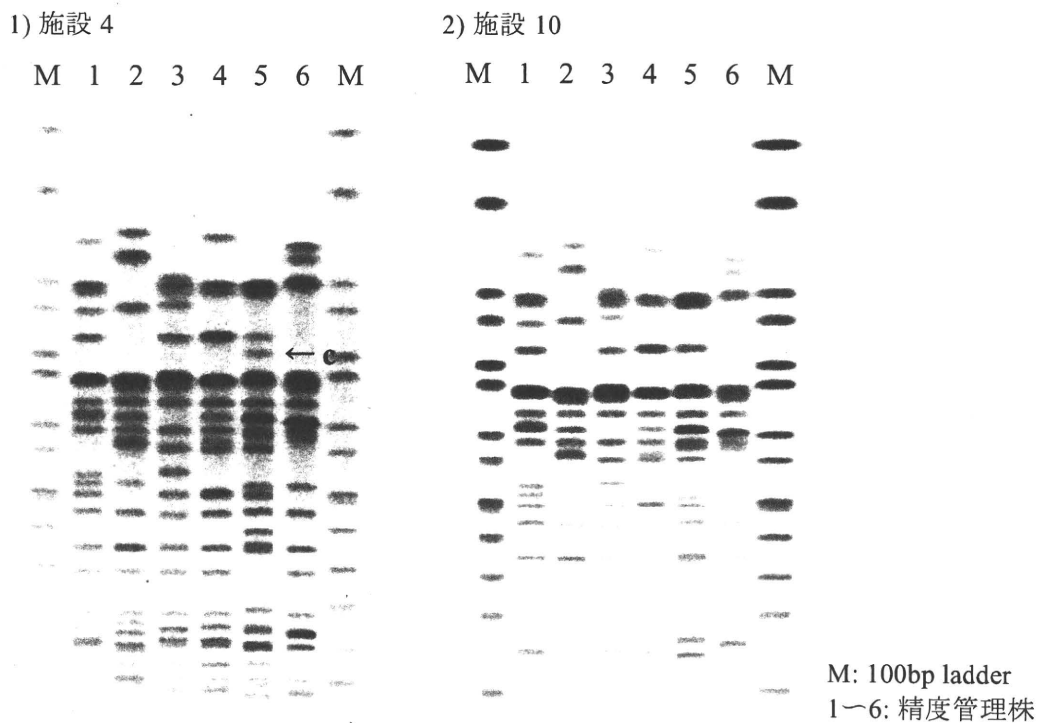


図2 EHEC O157 精度管理株の PFGE 画像例

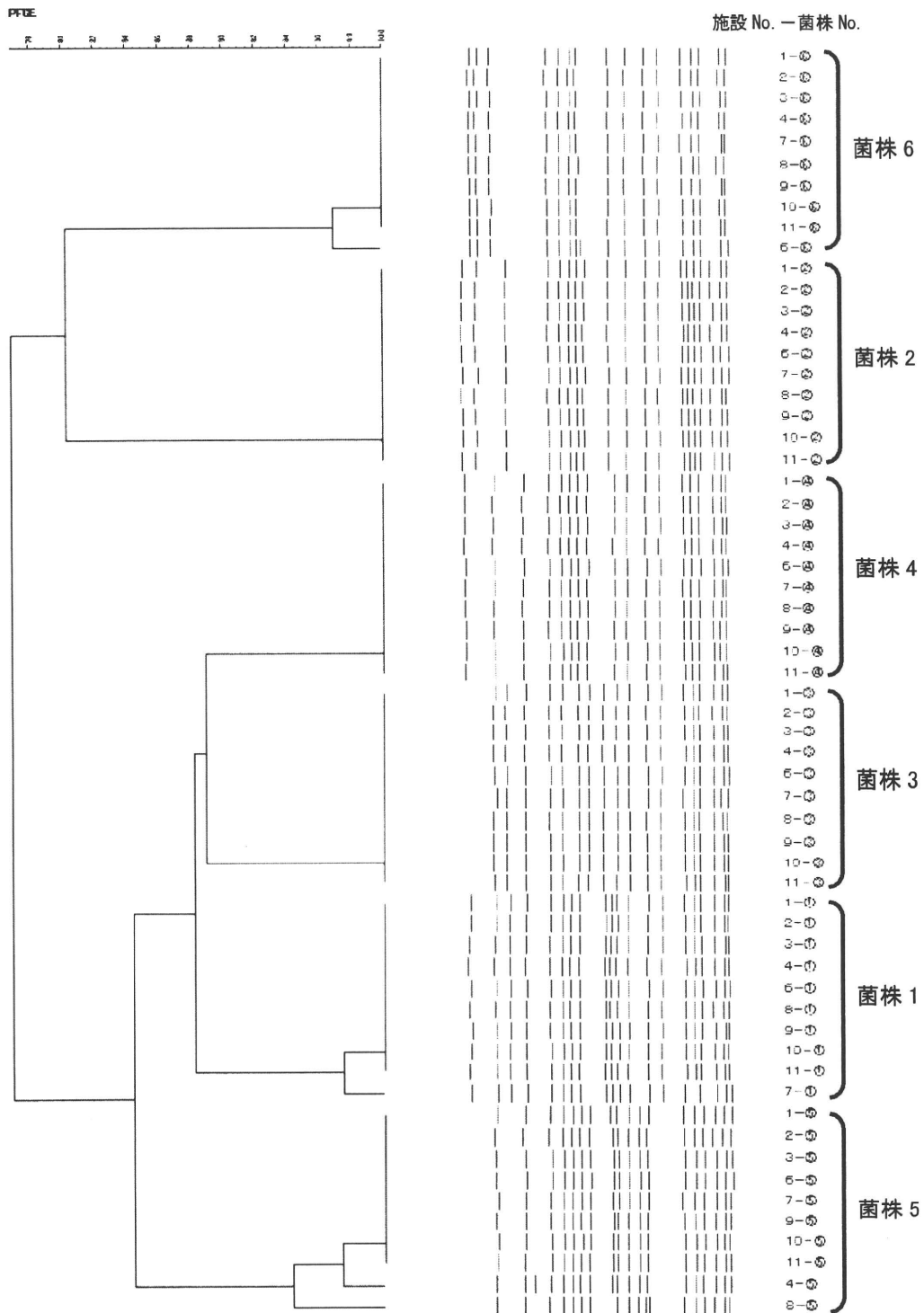


図3 A解析者の作成した EHEC O157 精度管理株のデンドログラム

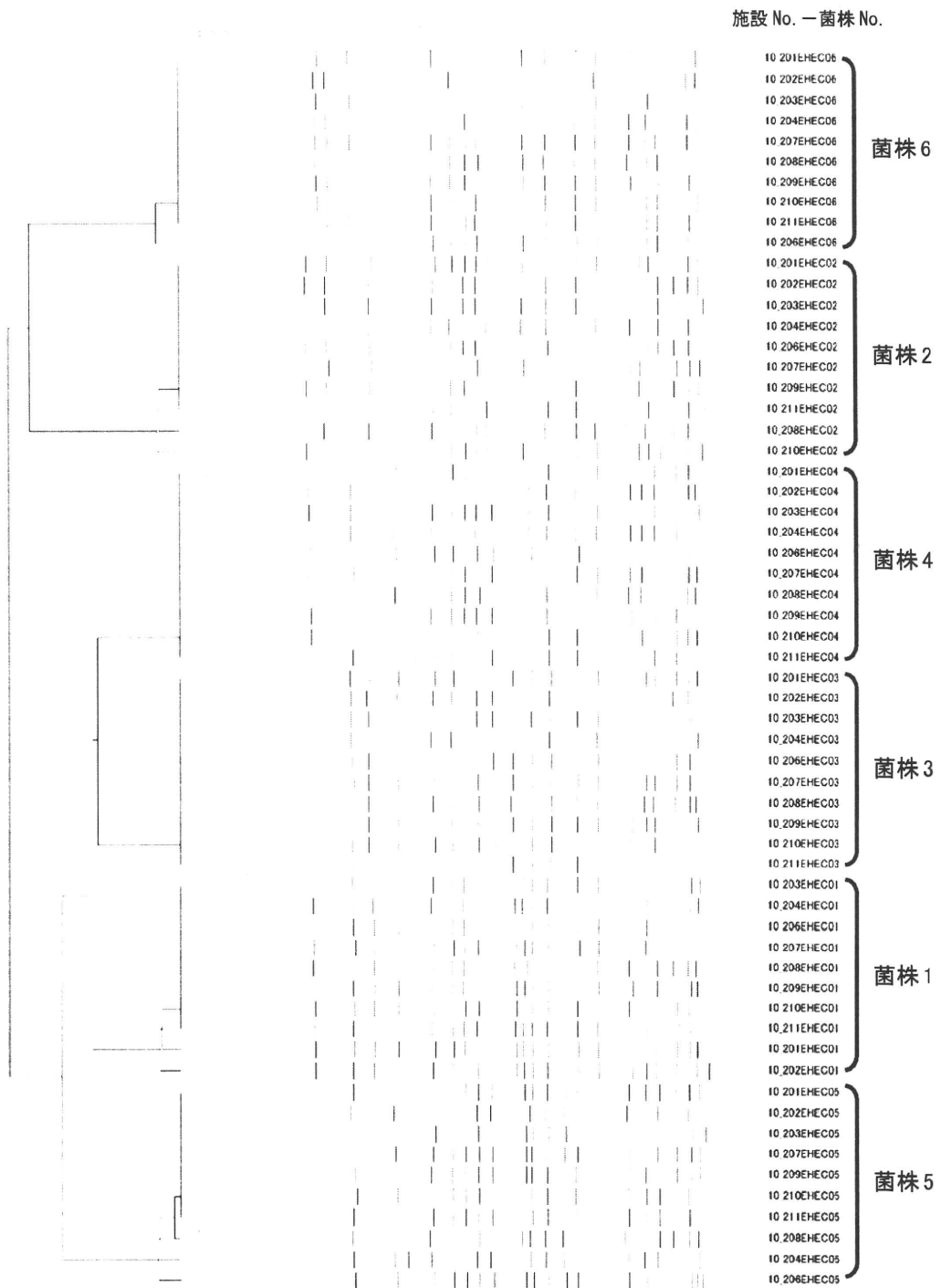


図 4 B解析者の作成した EHEC O157 精度管理株のデンドログラム

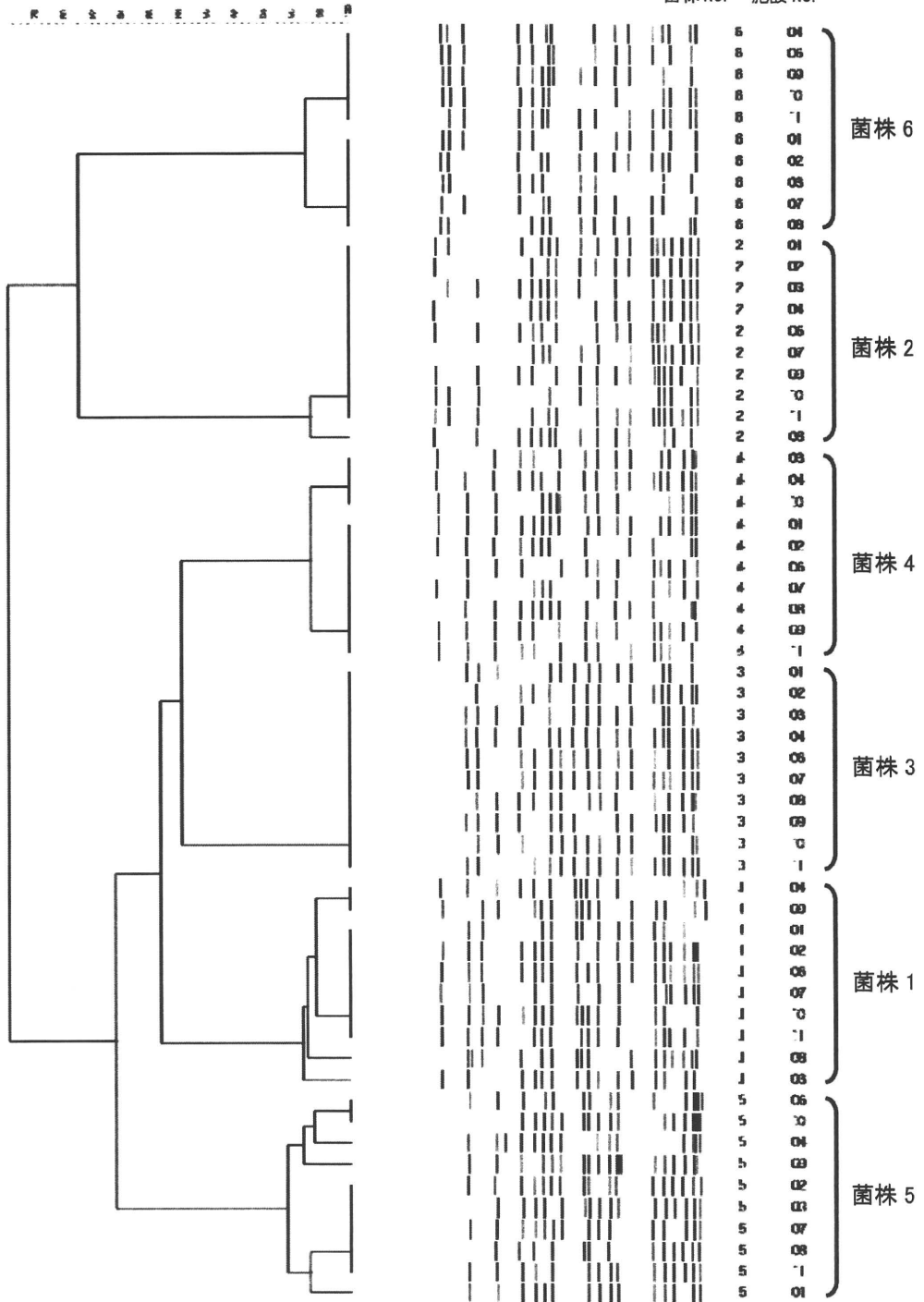


図5 C解析者の作成した EHEC O157 精度管理株のデンドログラム



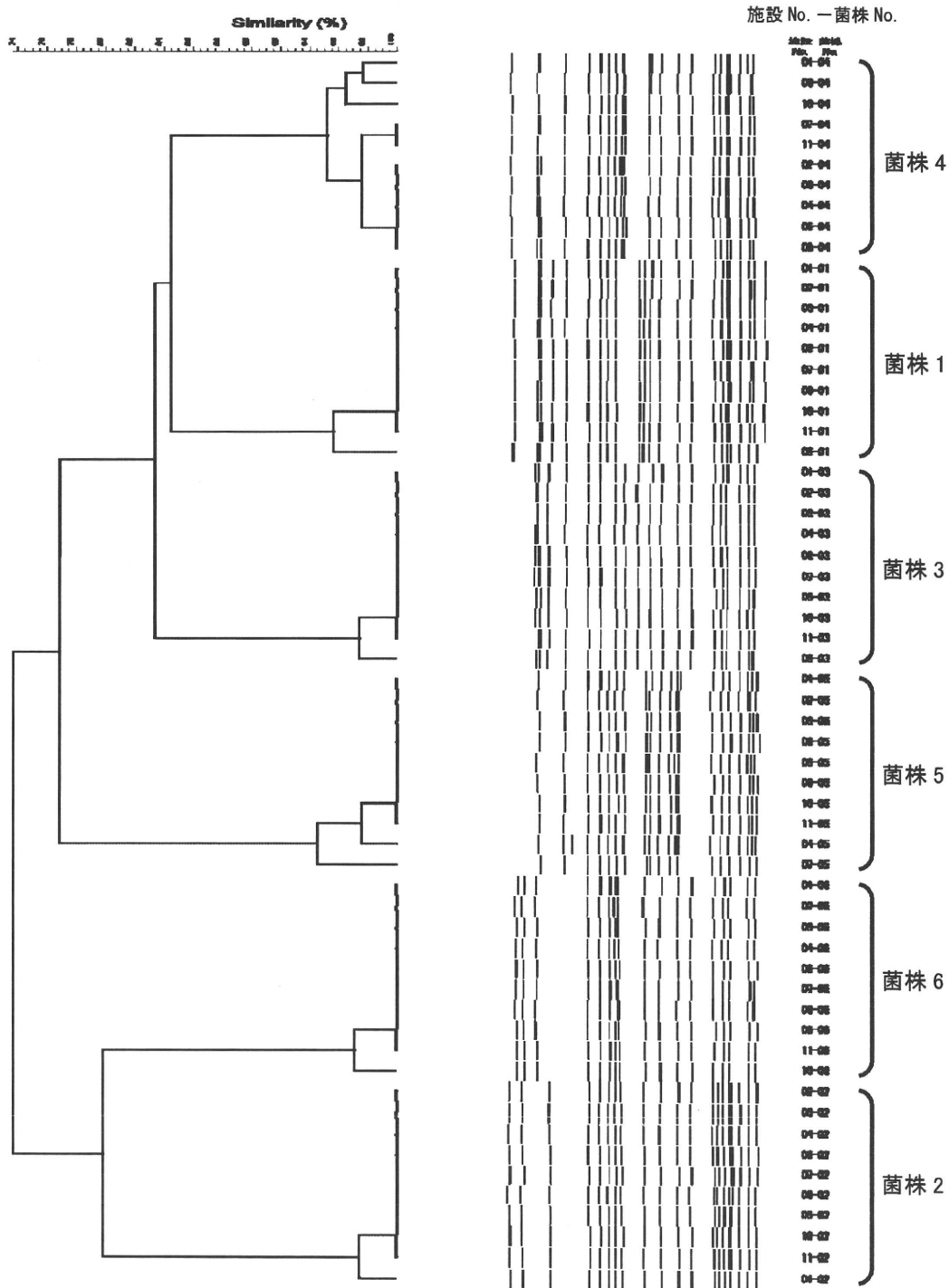


図6 D解析者の作成した EHEC O157 精度管理株のデンドログラム

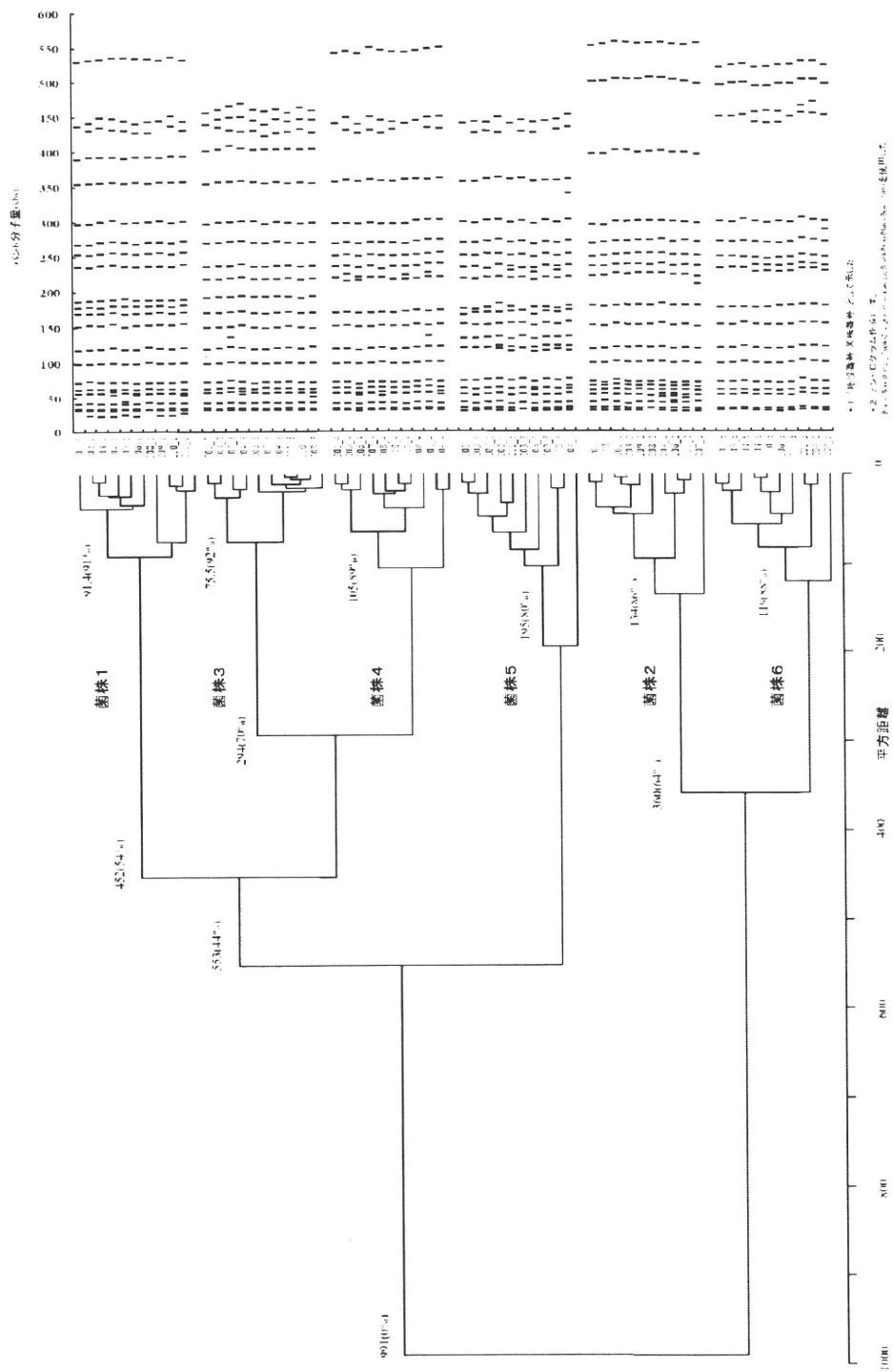


図7 E解析者の作成したEHEC O157精度管理株のデンドログラム

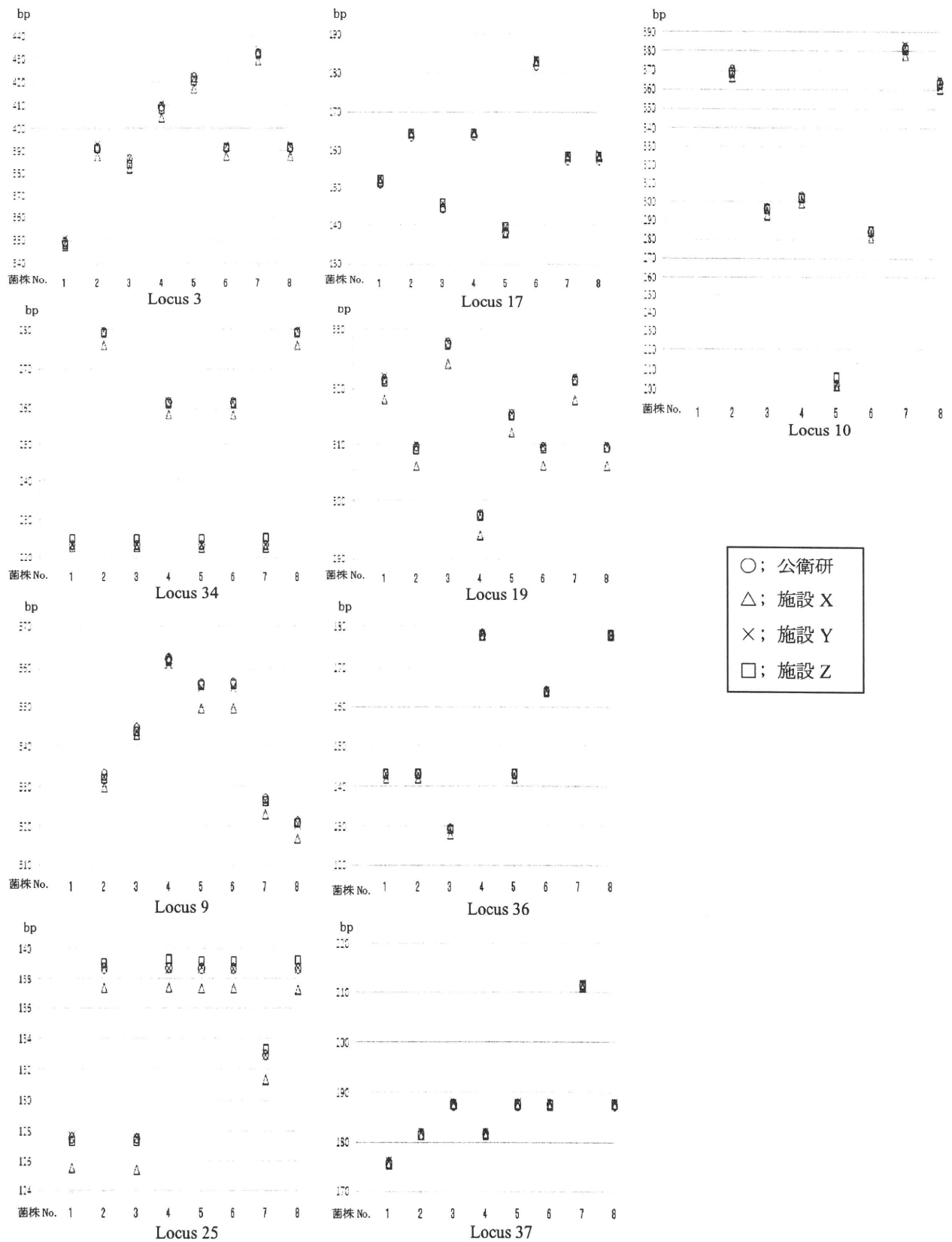


図 8 MLVA 法による測定サイズの施設間差

厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症研究事業）

平成 22 年度分担研究報告書

カンピロバクター食中毒事例での PFGE と RFLP を併用した解析

研究協力者	中嶋智子	京都府保健環境研究所
研究協力者	河野通大	京都府南丹保健所
研究協力者	三谷亜里子	京都府山城北保健所
研究協力者	杉浦伸明	京都府保健環境研究所
研究協力者	浅井紀夫	京都府保健環境研究所
研究協力者	柳瀬杉夫	京都府保健環境研究所

研究要旨

2010 年 4 月に京都府内で発生した 2 件の食中毒事例から分離された *Campylobacter jejuni* がいずれも Penner 型で O 血清群（抗原因子 19）であった。由来や事例間の関連を調べるため PCR-RFLP 法と PFGE 法による疫学マーカー解析を実施した。その結果、PCR-RFLP 法では同一パターンを示したが、PFGE 法では異なるパターンを示し、両事例の関連性は低いと考えられた。しかし、今回分離された O 血清群（抗原因子 19）を示す株の事例間の差異は比較的小さいことも示唆された。

A. 研究目的

カンピロバクターによる食中毒は、2005 年から 2009 年の厚生労働省食中毒統計では細菌性食中毒事例数の 60%、患者数の 24%で、大規模な食中毒事例も生じるが、多くは散発事例として発生している。しかし、Diffuse outbreak の注意喚起が行われる昨今の状況から、個々の事例について、丁寧な疫学解析を行うことは重要である。

今回、2010 年 4 月に京都府内で発生した食中毒事例 2 例から分離された *Campylobacter jejuni* がそれぞれ Penner 型で O 血清群（抗原因子 19）を示した。両事例の関連性を解明するため、分離株を PCR-RFLP 法と PFGE 法で検

討したので報告する。

B. 研究方法

事例 1 の患者便由来 2 株（1-p1, 1-p2）、事例 2 の患者便由来 4 株（2-p1, 2-p2, 2-p3, 2-p4）、残渣食品鶏肉由来 1 株（2-f1）をミューラーヒントン寒天培地 1 日培養で使用した。Penner 型血清型別には RHA 法によるカンピロバクター血清型別用試薬（デンカ生研）で感作血球抗原を作製し、カンピロバクター免疫抗血清（デンカ生研）で判定した。RFLP は Chuma et al.（1997）を元にした Ishihara et al.（2006）の変法に従い、*flaA* 遺伝子の増幅産物（1728bp）を制限酵素 *Dde* I（TOYOBO）で、PFGE は Ribot

et al. (2001) と近畿ブロックの *Campylobacter* PFGE Protocol-Kinki ver.2 (2008) に準じて、制限酵素 *Sma* I は 25°C、*Kpn* I は 37°C (いずれも Roche) でそれぞれ一晩処理を行い、PFGE を行った。

各電気泳動像からバンドの有無を目視で判定して、画像解析ソフト Lane & Spot Analyzer ver.6.0 と Lane Analyzer ver.3.0 (アトー) を使用し、各バンドの分子量を求めた。

菌株ごとに制限酵素切断によって得られたバンド数、各バンドを約 100 kb ごとにグループ化した分子量とバンド出現数を変数として正規化し、ユークリッド距離を計算して Ward 法でデンドログラムを作成した。但し、分子量データでバンドが出現していない場合はその菌株の分子量データは 0 とし、100 kb 内に 2 バンドある場合は適宜グループを分割した。クラスター分析の計算には Black-Box (<http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/BlackBox/BlackBox.html>) を使用した。

## C. 研究結果

### 1. 事例の概要

2010 年 4 月に京都府内 A 市と B 市の飲食店で 1 度ずつ飲食した男性 4 人のグループと C 市の飲食店で大学の研究室の宴会参加者 34 人のグループで食中毒事例が発生した。その概要を表 1. にまとめた。

いずれの事例でも患者便から *C. jejuni* が分離され、事例 2 では店舗に残っていた鶏肉 (生食用に使用) からも *C. jejuni* が分離された。また、聞き取り調査により、いずれのグループ (事例 1 では A 市の飲食店で) も鶏肉の生食があったことが確認された。その結果 A 市と C 市の飲食店には行政処分が行われた。

## 2. 疫学マーカー解析

2 つの事例から分離された *C. jejuni* 7 株 (事例 1: 患者株 2 株、事例 2: 患者株 4 株・食品由来株 1 株) は、Penner の血清型別ではすべて O 血清群 (抗原因子 19) を示した。

RFLP でも Penner 血清型同様、全ての株で全く同じ制限酵素切断パターンを示した (図 1)。

PFGE 切断パターンの目視判定では、*Sma* I による切断パターンは、事例 1 の患者便由来株は互いに全く同じで、事例 2 では患者由来株に加え、鶏肉由来株が互いに同じ切断パターンを示した。また、事例 1 と 2 では、明らかに異なるバンドパターンを示した。*Kpn* I による切断パターンは、事例 1 では *Sma* I 同様互いに全く同じであった。事例 2 では 1200kb (図 2-a) と 600kb (図 2-b) 付近のバンドパターンの違いからばらつきがあるものの、おおむね互いによく似た切断パターンを示した。また、事例 1 と 2 は、明らかに互いに異なるバンドパターンを示した。

図 3 に制限酵素ごとのクラスター分析によるデンドログラムを示した。*Sma* I の結果は、目視判定と同様、事例内では互いに相関性が高く、それに比べ、事例 1 と 2 の相関性は低いと判定できた。しかし、*Kpn* I によるデンドログラムでは、事例 1 では *Sma* I 同様互いの患者株の相関性は高かったが、事例 2 では患者株 2-p2、2-p3 および 2-p4 は、他の 2 株との差異がより大きいと判定され、その差は事例 1 の 2 株との差異よりも大きい結果となった。

## D. 考察

事例 1 の 2 株は今回用いた疫学マーカーで互いに全く同じ結果となり、同じ由来の *C. jejuni* による食中毒であったことが確認できた。事例 2 では、Penner 血清型、RFLP パターン、*Sma* I

の PFGE パターンは 4 株全く同じで、食材と患者株が一致したことから発生状況のとおり鶏肉料理が原因であったことが菌株検査からも確認できたと考えた。

事例 2 の *Kpn I* 処理の PFGE パターンは、図 2 の b 領域を中心に幾分違いはあったものの、基本の出現パターンが同じと目視結果から判断した。しかし、今回用いたクラスター分析では、各バンドや出現バンド数の変数要素に重みづけを持たせていないため、株ごとに薄い、複数のバンドが出現すると、解析結果が他の制限酵素の結果と異なることが明らかなので、出現バンドの有無の判断が今後の課題と考えられた。

しかし、今回用いた事例 1 と 2 の PFGE パターンは、目視では主要なバンドの多くが同じ分子量で出現し 1~2 バンド違いで、由来は異なるものの遺伝的には近縁な株であることが示唆された。

また、今回用いた PCR-RFLP 法では、Penner 血清群が同じ株間の比較ではその差異が判別できない可能性がみつかった。これは、遺伝的には近縁な株と考えられるようなケースでは、PCR-RFLP では、パターン分析に用いる出現バンド数が少ないことなどからその判別能は PFGE に比べ明らかに劣るためと考えられ、PFGE の有用性が改めて明らかになった。

しかし、PCR-RFLP では、使用菌量は 1 エーゼ分と少量で実施できる上、手法も簡便で、PFGE に比べ 1 日以上検査時間を短縮できるという利点がある。RFLP では PCR の対象とする遺伝子や増幅部位の選定、あるいは制限酵素によりバリエーションを加えることが可能であるので、今後、その方法について検討を重ねたいと考えている。

#### E. 結論

感染症事例では、規模の大小に関わらず、常に疫学検証のための検査を実施し、各種の疫学マーカーを使用して、その疫学解析を実施しておくことが、極めて重要であることが再認識できた。

#### F. 健康危険情報

なし

#### G. 研究発表

##### 1. 論文発表

なし

##### 2. 学会発表

- 1) 中嶋智子、杉浦伸明、浅井紀夫、柳瀬杉夫、河野通大、三谷亜里子：カンピロバクター食中毒の疫学解析事例について、第 37 回地方衛生研究所全国協議会近畿支部細菌部会研究会（2010 年 11 月、神戸）

#### H. 知的財産権の出願・登録状況（予定を含む。）

なし

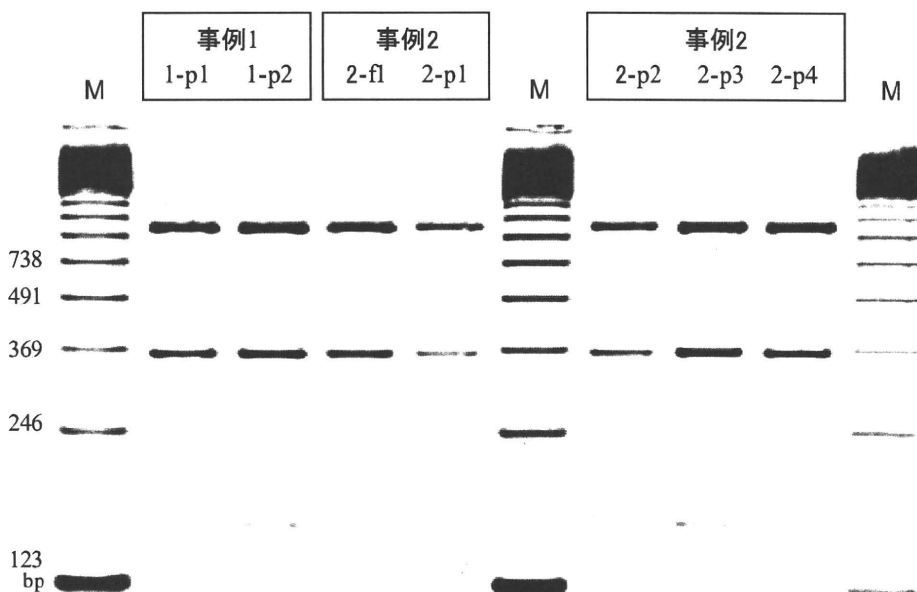
#### 参考文献

- Chuma T. et al. (1997) Analysis of distribution of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in broilers by using restriction fragment length polymorphism of Flagellin gene. *J. Vet. Med. Sci.*, 59, 1011-1015.
- Ishihara, K. et al. (2006) Comparison of *Campylobacter* isolated from humans and food-producing animals in Japan., *J. Appl. Microbiol.*, 100, 153-160.
- Ribot, E.M. et al. (2001) Rapid Pulsed-field gel electrophoresis protocol for subtyping of *Campylobacter jejuni*., *J. Clin. Microbiol.*, 39, 1889-1894.

表1 2010年4月に京都府内で起きた *Campylobacter jejuni* による食中毒事例の概要

事例1	
2010年4月4日～5日に発症	
男性4名中3名発症（19-26歳）	
2名から <i>C. jejuni</i> 分離→2株とも使用（1-p1,1-p2）	
共通食	
2010年4月2日	22:00 A市 焼き鳥屋（生食あり）
2010年4月4日	00:00 B市 中華料理屋
両店舗からの食品や拭き取りから食中毒菌の検出なし	
事例2	
2010年4月12日～15日に発症	
34名喫食（大学研究室 宴会）	
21-26歳の19名（男性15名女性4名）発症	
10名から <i>C. jejuni</i> 分離確認→4株使用（2-p1,2-p2,2-p3,2-p4）	
店舗の鶏肉から <i>C. jejuni</i> 分離→1株分離（2-fl）	
共通食	
2010年4月10日	19:30 C市 とり料理屋（生食あり）
宴会の不参加者には発症者なし	

図1 *Campylobacter jejuni* 7株の *flaA* 遺伝子増幅産物による RFLP パターン



事例、および菌番号は表1と同じ  
M:123bp DNA Radder (Invitrogen)

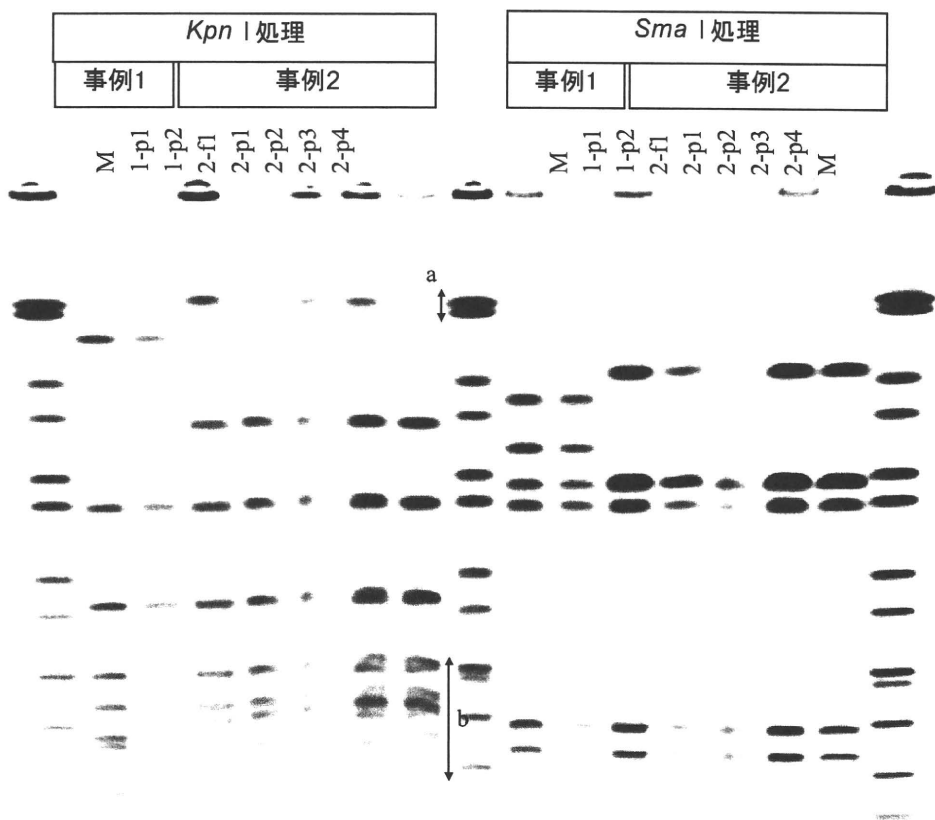


図2 *Campylobacter jejuni* 7株の PFGE パターン  
 事例、および菌番号は表1と同じ  
 M: *Salmonella* Braenderup H9812 (*Xba*I 処理)  
 a,b は事例2 でバンドパターンが異なる部位



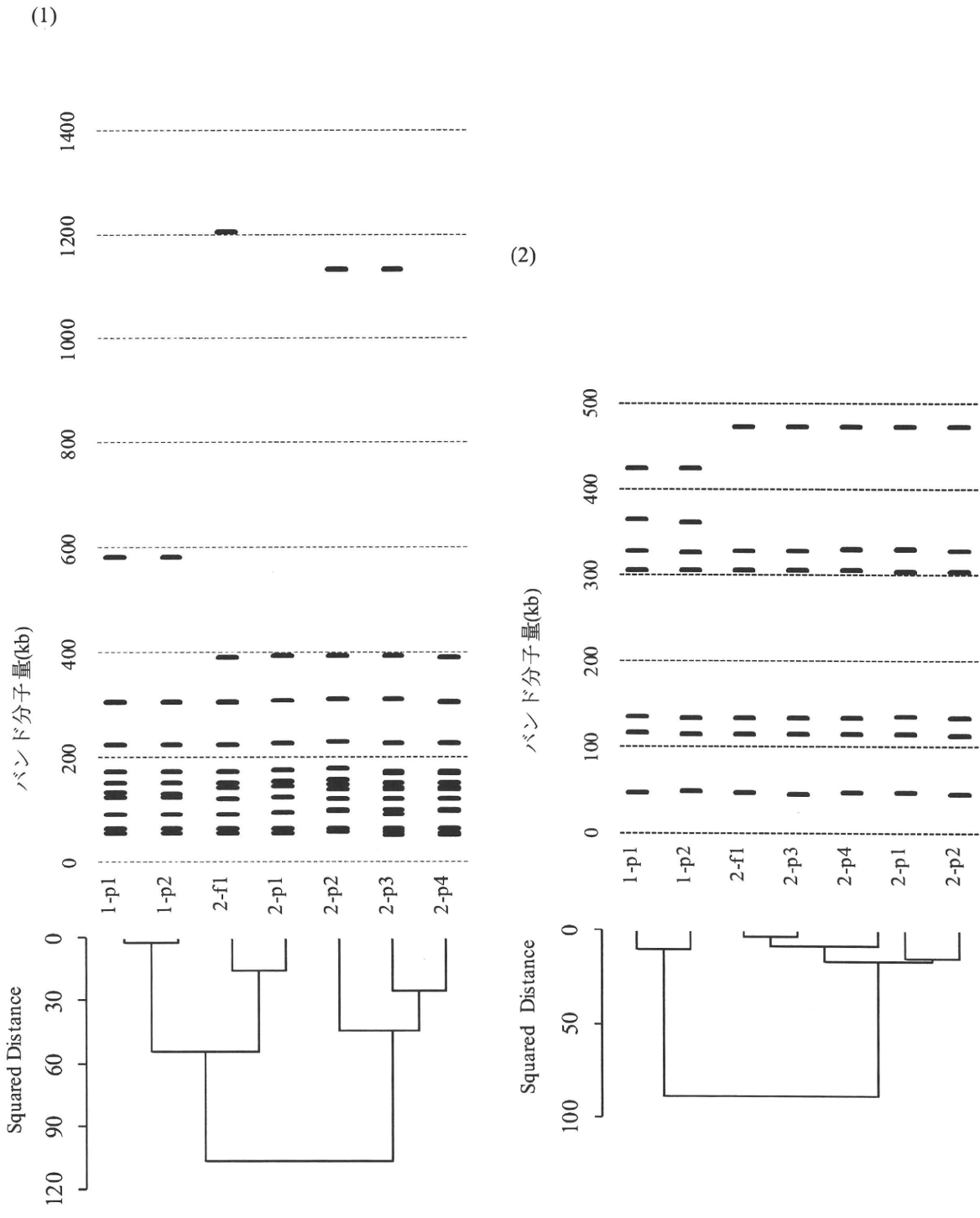


図3. *Campylobacter jejuni* 7株の PFGE パターンのクラスター分析結果 (Ward 法)  
 (1) *Kpn* I 切断結果によるデンドログラム (2) *Sma* I 切断結果によるデンドログラム

## 厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症研究事業）

### 平成 22 年度分担研究報告書

#### 腸管出血性大腸菌 O157 の MLVA 解析の改良法

研究協力者 柴井 毅 奈良県保健環境研究センター ウイルス・細菌担当  
研究協力者 橋田みさを 奈良県保健環境研究センター ウイルス・細菌担当  
研究協力者 田邊 純子 奈良県保健環境研究センター ウイルス・細菌担当

#### 研究要旨

MLVA 法は、PFGE 法に比べて迅速性や解析結果のデジタル性というメリットを有し、近年注目されている遺伝子解析手法である。腸管出血性大腸菌 O157 の MLVA 解析を開始するにあたり、当センターの ABI PRISM 310 Genetic Analyzer（キャピラリ 1 本型）を用いて効率よく解析を行うため、国立感染症研究所プロトコールの一部を変更した。3 種類の PCR 反応液を混合して 1 回の電気泳動で解析するために、4 色蛍光系から 5 色蛍光系に変更し、プライマーの蛍光色素その他いくつかの条件を変更した。保存菌株の解析を行った結果、この条件により MLVA 解析が精度よく実施できることを確認した。

#### A. 研究目的

MLVA 法では電気泳動 1 回あたりの処理検体数がキャピラリ本数の制限を受けるため、サンプル数が多くなるとその分時間がかかる。国立感染症研究所（感染研）プロトコールの指定する機種は 4 本または 16 本のキャピラリを備えているが、ABI PRISM 310 Genetic Analyzer は 1 本であるため、サンプル数の影響をより大きく受け、迅速性のメリットが損なわれる。そこで、感染研プロトコールでは個別に電気泳動することになっている 3 種類の PCR 反応液を、1 回にまとめて電気泳動することによって、効率よく MLVA 解析ができるよう検討を行った。

B. 研究方法 [下線部は感染研プロトコール（細菌第一部 2008 年 7 月現在）からの変更部分]

#### 1. 供試菌株

2006 年 4 月から 2010 年 3 月までに奈良県内で分離された腸管出血性大腸菌 O157、137 株を用いた。

#### 2. DNA 抽出・精製

100  $\mu$ L の滅菌蒸留水にコロニーを懸濁し、沸騰水浴中 10 分間加熱後、10,000rpm で 10 分間遠心し、得られた上清を DNA 溶液とした。

#### 3. PCR 反応

プライマー・セット及び最終濃度を表 1 に示す。VNTR-10 には感染研プロトコールにおいて New version として示された配列を使用した。ノンラベル側はテイルドプライマーとした。テイルドにすることによる泳動サイズの違いを確認するため、一部のサンプル (28 株)

についてVNTR-34 とVNTR-36 にテイルドでないノンラベルプライマーを用いた解析を行った。PCR反応液の組成は、1 反応あたり Platinum Taq(Invitrogen)0.2  $\mu$  L、10 倍PCR buffer(Taq 付属)1  $\mu$  L、50mM MgCl<sub>2</sub>(Taq 付属)0.4  $\mu$  L、2.5mM dNTP(TaKaRa)0.8  $\mu$  L、DNA 溶液 1  $\mu$  L、プライマー溶液 各用量に滅菌蒸留水を加えて全量を 10  $\mu$  Lとした。

PCR 反応は、95°C5 分の加熱後、94°C20 秒；65°C20 秒；72°C20 秒のサイクルを 35 回繰返し、最後に 72°C5 分の伸長反応を行った。

#### 4. 電気泳動試料の調製

PCR反応後、滅菌蒸留水 97  $\mu$  LにPCR反応液を各 1  $\mu$  L加え100 倍希釈した。この 1  $\mu$  Lを、GeneScan 600LIZ Size Standard 0.4  $\mu$  Lと Hi-Di Formamide 12  $\mu$  Lの入ったサンプルチューブ（シーケンサー用）に加え、セプタを装着し、ヒートブロックを用いて95°Cで2~5 分間加熱後、水中で5 分間以上急冷したものを電気泳動試料とした。

#### 5. シーケンサー条件及びリピート数解析

シーケンサー：ABI PRISM 310 Genetic Analyzer (5 dye System)、キャピラリ：310 Genetic Analyzer Capillary 47cm、ポリマー：310 POP-4、泳動バッファー：Genetic Analysis Buffer with EDTAを使用して電気泳動を行い、泳動後、GeneMapper v4.0 によってサイズ測定、ピーク認識及び該当リピート数を解析した。

#### 6. 塩基配列解析

リピート数の精度管理のため、一部のサンプルについて、PCR 産物の塩基配列解析を行った。BigDye Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit による反応液を BigDye XTerminator 精製キットによって精製し、上記と同じシーケンサー、ポリマー、泳動バッファーにより解析した。

#### C.研究結果

供試菌株の DNA サンプルを解析した結果、各領域のアレル分布は表 2 のとおりであった。各アレル ( $n \geq 5$ ) のサイズ値測定における標準偏差は 0.05~0.59bp であり、Repeat unit が 6~18bp であることを考慮すると、サイズ測定の精度は良好と考えられた。New version 配列のプライマーを使用した VNTR-10 では、リピート数の大きなサンプルでも、サイズマーカーの上限である 600bp 以内に納まった。電気泳動後の解析では、GeneMapper による自動識別によって、ほとんどのサンプルが正しくピーク認識された。サイズ範囲のオーバーラップのある VNTR-34 と VNTR-37 では、ピーク高のバランスにより片方が正しく認識されないサンプルが一部にみられたが、エレクトロフェログラムを開いて確認することにより解析可能であった。

同じ蛍光色素により検出する VNTR-34 と VNTR-37 において、サイズ値の近いアレルが存在した。各 5 株を用いてサイズ測定した結果、表 3 に示すとおり、両矢印で示すアレルには識別可能なサイズ差があることが確認された。

ノンラベル側をテイルドプライマーとすることによるサイズ変動は、6.4~6.8bp の増加であった（表 4）。

塩基配列解析の結果、リピート数が正しく解析されていることを確認した。また、New version の VNTR-10 プライマーにおけるオフセット値は 178bp であることが確認された。

#### D.考察

PFGE 法に比べて迅速性に優れた MLVA 法であるが、サンプル数が多くなると電気泳動に時間がかかり、迅速性のメリットが損なわれる。3 種類の PCR 反応液を 1 回にまとめて泳動す

る本法は、キャピラリが 1 本しかない ABI PRISM 310 Genetic Analyzer だけでなく、上位機種にとってもメリットがあると考えられる。

感染研プロトコールが 4 色蛍光系であることは、開始当時の機器環境に合わせたものと考えられるが、現在では 5 色蛍光系が標準であり、機器設定のためのキャリブレーション試薬 (Matrix Standard) や当面使用するサイズマーカー (Size Standard) は、機器納品時に 5 色蛍光系用のものが添付されている。

5 色蛍光系とはいっても、1 色はサイズマーカーに使用されるため、残り 4 色で 9 領域の VNTR を解析することは容易ではなかった。理論サイズ値と実測サイズ値の差が予測できないこともあって、当初の蛍光色素の設定 (VNTR-34 : PET、VNTR-36 : 6-FAM) では VNTR-36 と VNTR-37 の一部のアレルに識別上の問題が生じた。これは VNTR-34 と VNTR-36 の蛍光色素を入れ換えることによって解消した。

測定サイズ値は、プライマー配列そのものを変更した VNTR-10 を別として、蛍光色素変更とノンラベル側プライマーのテイルド化によって、感染研プロトコールの場合から変化していると考えられるが、MLVA 用 Maker の変更も影響した可能性がある。実際には、シーケンサーの機種の違いや、同じ機種でも個体により測定サイズ値が異なるという情報もあり、精度管理の重要性が指摘されている。今回の検討では、塩基配列解析によってリピート数の確認を行っており、解析結果は問題ないものと思われる。同一解析系における再現性が良好であることは一般にもいわれており、解析系を一度確立すれば、信頼性の高い解析が可能と考えられる。

今後、感染研プロトコールを実施する施設を含め、多数の施設が共同して精度管理を実施することが望まれる。

#### E. 結論

感染研プロトコールの変更を行い、3 種類の PCR 反応液を混合して 1 回の電気泳動で解析することにより、キャピラリ 1 本型のシーケンサーでも効率よく MLVA 解析が実施できることを確認した。

#### F. 健康危険情報

なし

#### G. 研究発表

##### 1. 論文発表

Sakai, T., Ohmae, H. and Kitahori, Y. : New Modified Method of Multiple-Locus Variable-Number Tandem Repeat Analysis of Enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157, *Japanese Journal of Infectious Diseases*, 63(3) : 217-219 (2010)

##### 2. 学会発表

柴井 毅, 田邊純子, 橋田みさを, 北堀吉映 : 310 Genetic Analyzer による腸管出血性大腸菌 O157 の MLVA について, 第 37 回地方衛生研究所全国協議会近畿支部細菌部会研究会 (2010 年 11 月, 神戸市)

#### H. 知的財産権の出願・登録状況 (予定を含む。)

なし