

および臨床材料から分離した基質特異性拡張型 β -ラクタマーゼ産生 *Escherichia coli* および *Klebsiella pneumoniae* が保有する *bla*_{CTX-M} 型別に関する検討. 感染症学雑誌印刷中

2. 学会発表

- 1) 烏谷竜哉, 関塚剛史, 山下明史, 黒田 誠, 野村恭晴, 調 恒明, 仙波敬子, 宮本仁志, 四宮博人: *Salmonella enterica* serovar 4:i:- 株の次世代 シークエンサーによるゲノム解析. 第 67 回日本細菌学会中国四国支部総会 2014.10.4-5 徳島
- 2) Tatsuya Karasudani, Tsuyoshi Sekizuka, Akifumi Yamashita, Makoto Kuroda, Komei Shirabe, Keiko Semba, Chizuko Kimura, Yasuharu Nomura, Hitoshi Miyamoto and Hiroto Shinomiya: Characterization of genomic structures and multidrug resistances of *Salmonella* 4,5,12:i:- isolates. 第 88 回日本細菌学会総会 2015. 3. 26-28 岐阜
- 3) 仙波敬子, 園部祥代, 木村俊也, 大倉敏裕, 烏谷竜哉, 四宮博人: 地研における薬剤耐性菌解析の

取り組み, 衛生微生物技術協議会第 36 回研究会 2015. 7. 23-24 仙台

- 4) 木村千鶴子, 仙波敬子, 園部祥代, 木村俊也, 四宮博人: 小児感染性胃腸炎患者から分離された腸管凝集付着性大腸菌の性状について, 第 68 回日本細菌学会中国・四国支部総会 2105.10.3-4 岡山
- 5) Keiko Semba, Mayumi Yamashita, Sachiyo Sonobe, Eiji Yokoyama, Tsuyoshi Sekizuka, Komei Shirabe, Makoto Kuroda, and Hiroto Shinomiya: Whole genome analysis of *Salmonella* isolates from foods and patients reveals their detailed relationships. シンポジウム7「ゲノム解析手法の最前線」第 89 回日本細菌学会総会 2016.3.23-25 大阪 (予定)

H 知的財産権の出願・登録状況
なし

表 1 サルモネラ分離株の血清型

亜種	O型別	血清型	由来				計	
			患者	市販食材	豚	爬虫類		
I		<i>S. Abony</i>				1	1	
		<i>S. Agona</i>	1				1	
		<i>S. Derby</i>			8		8	
		<i>S. Heidelberg</i>	1				1	
		<i>S. Paratyphi-B</i>	5				5	
		<i>S. Saintpaul</i>	7 (集団発生5)			1	8	
		<i>S. Sandiego</i>				1	1	
		<i>S. Schwarzengrund</i>	1	8 (鶏肉8)			9	
		<i>S. Typhimurium</i>	7		27		34	
		型別不能	1				1	
		<i>S. Bareilly</i>	1				1	
		<i>S. Braenderup</i>	3				3	
		<i>S. Choleraesuis</i>	1				1	
		<i>S. Infantis</i>	31 (集団発生3)	29 (鶏肉28、豚肉1)	10		70	
		<i>S. Mbandaka</i>	1				1	
		<i>S. Montevideo</i>	2				2	
		<i>S. Oranienburg</i>	3				3	
		<i>S. Richmond</i>				1	1	
		<i>S. Thompson</i>	3	1 (すっぽん1)		5	9	
		<i>S. Virchow</i>	7				7	
		型別不能	1				1	
			<i>S. Bovismorbificans</i>				1	1
			<i>S. Corvallis</i>	3				3
			<i>S. Hadar</i>		1 (鶏肉1)			1
			<i>S. Litchfield</i>	1				1
			<i>S. Manhattan</i>		8 (鶏肉8)			8
			<i>S. Muenchen</i>				2	2
			<i>S. Newport</i>	1		1	1	3
			<i>S. Enteritidis</i>	48				48
			<i>S. Javiana</i>				1	1
			<i>S. Miami</i>				1	1
			<i>S. Panama</i>			2		2
		O3,10	<i>S. Falkensee</i>	1				1
	O11	<i>S. Rubislaw</i>				1	1	
	O13	<i>S. Poona</i>	2				2	
	O17	<i>S. Matadi</i>				2	2	
	O18	<i>S. Cerro</i>	3				3	
	OUT	<i>S. OUT</i>	6	1 (合挽肉1)		1	8	
III						1	1	
IV						5	5	
	計		141	48	48	25	262	


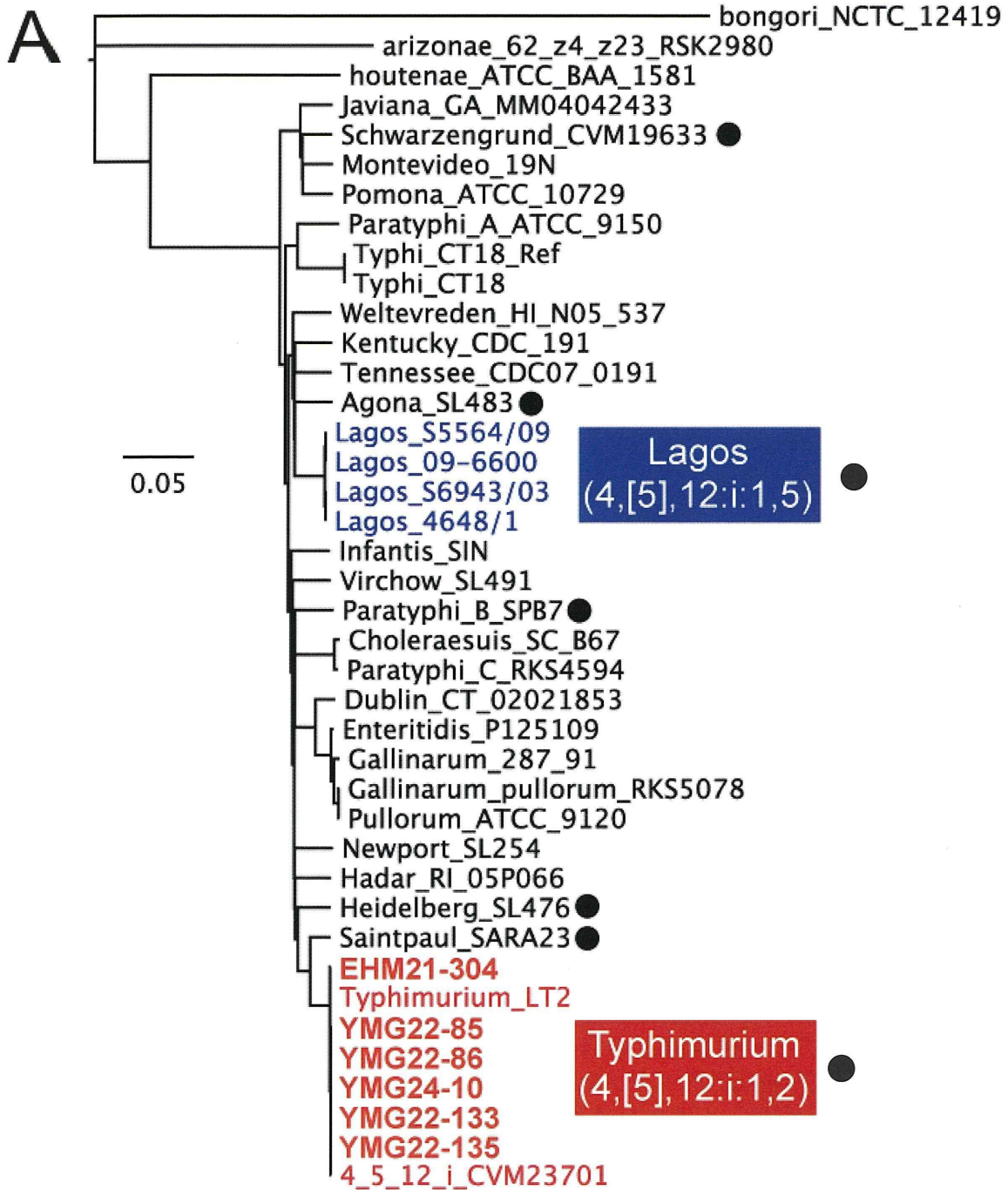
 本報告で使用了菌株

表2 サルモネラ分離株の薬剤耐性状況

亜種	O型別	血清型	耐性薬剤	由来				計
				患者	市販食材	豚	爬虫類	
		<i>S.</i> Abony	-				1	1
		<i>S.</i> Agona	TC	1				1
			ABPC,SM,TC			1		1
		<i>S.</i> Derby	SM,ST			1		1
			SM,TC			1		1
			-			5		5
		<i>S.</i> Heidelberg	NA	1				1
		<i>S.</i> Paratyphi-B	TC	2				2
			-	3				3
		<i>S.</i> Saintpaul	-	7			1	8
		<i>S.</i> Sandiego	-				1	1
	O4		SM,TC	1	4			5
		<i>S.</i> Schwarzengrund	SM,TC,KM		1			1
			SM,TC,KM,ST		2			2
			SM,TC,ST		1			1
			ABPC,CP	1				1
			ABPC,CP,SM,TC	1				1
			ABPC,CP,SM,TC,ST			4		4
		<i>S.</i> Typhimurium	ABPC,SM,TC,NA			3		3
			SM			1		1
			SM,TC	1		13		14
			SM,TC,ST			1		1
			-	4		5		9
		型別不能	ABPC,CP,SM,TC,NA,CTX,CAZ	1				1
		<i>S.</i> Bareilly	-	1				1
		<i>S.</i> Braenderup	KM	1				1
			-	2				2
		<i>S.</i> Choleraesuis	ABPC,CP,SM,TC,KM,NA	1				1
			ABPC,CAZ		1			1
			ABPC,SM,TC		1			1
			ABPC,SM,TC,KM		1			1
			SM,TC,KM	3	6			9
			SM,TC,KM,ST	1	2			3
			KM		2			2
		<i>S.</i> Infantis	SM	1				1
			SM,TC	5	8			13
	O7		SM,TC,KM	1	1			2
			SM,TC,KM,ST		5			5
			SM,TC,ST	2	2			4
			TC	1				1
			-	17		10		27
		<i>S.</i> Mbandaka	-	1				1
		<i>S.</i> Montevideo	-	2				2
		<i>S.</i> Oranienburg	-	3				3
		<i>S.</i> Richmond	-				1	1
		<i>S.</i> Thompson	-	3	1		5	9
		<i>S.</i> Virchow	TC,ST	2				2
			-	5				5
		型別不能	-	1				1
		<i>S.</i> Bovismorbificans	-				1	1
		<i>S.</i> Corvallis	-	3				3
		<i>S.</i> Hadar	SM,TC,KM		1			1
	O8	<i>S.</i> Litchfield	-	1				1
		<i>S.</i> Manhattan	SM,TC		7			7
			SM,TC,NA		1			1
		<i>S.</i> Muenchen	-				2	2
		<i>S.</i> Newport	-	1		1	1	3
			NA	3				3
	O9	<i>S.</i> Enteritidis	SM	1				1
			-	44				44
		<i>S.</i> Javiana	-				1	1
		<i>S.</i> Miami	-				1	1
		<i>S.</i> Panama	-			2		2
O3,10	<i>S.</i> Falkensee	-		1				1
O11	<i>S.</i> Rubislaw	-					1	1
O13	<i>S.</i> Poona	-		2				2
O17	<i>S.</i> Matadi	-					2	2
O18	<i>S.</i> Cerro	-		3				3
OUT	<i>S.</i> OUT	SM,TC,KM			1			1
				6			1	7
III							1	1
IV		SM					2	2
							3	3
	計		耐性株数	31	47	25	2	105
			分離株数	141	48	48	25	262
			(%)	22.0	97.9	52.1	8.0	40.1

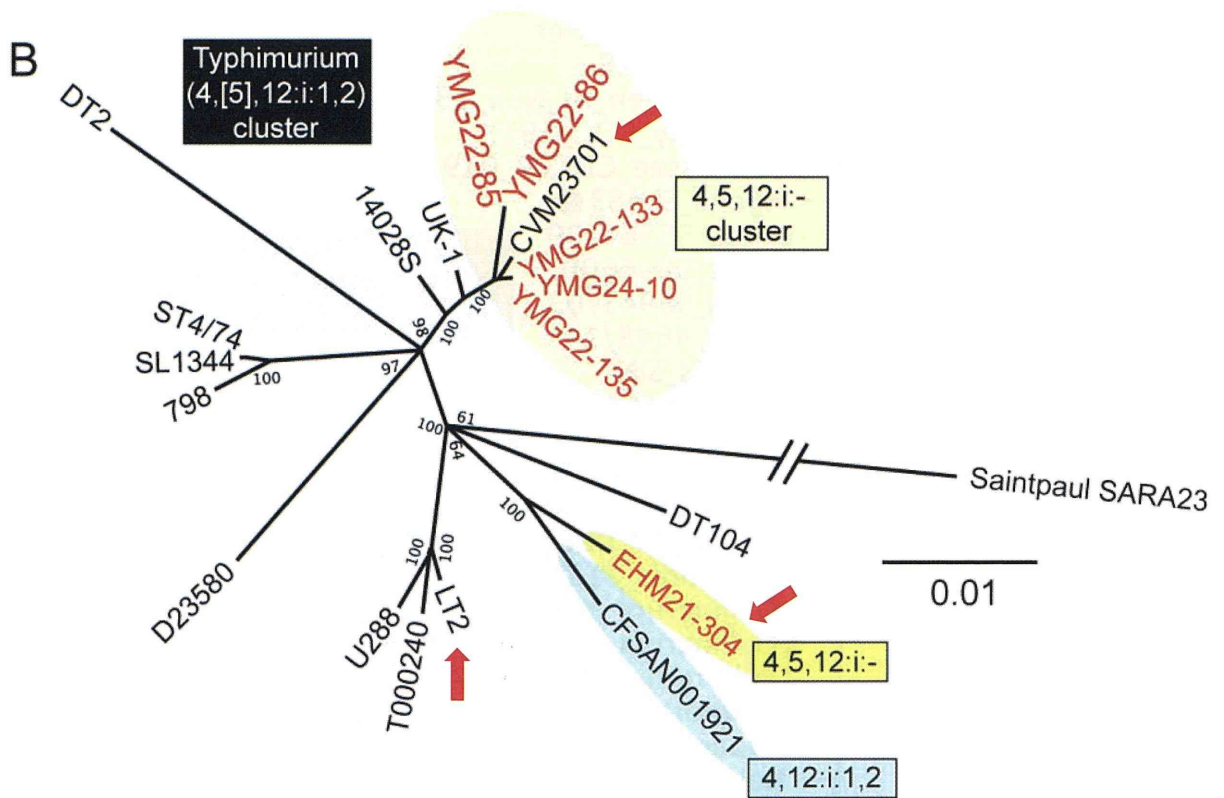
図1 *Salmonella* 4,5,12:i:- 愛媛株及び山口株ゲノムの系統解析 (A)



SNPs系統解析
 ・468,998 SNPs抽出
 ・RAxML(最尤法)

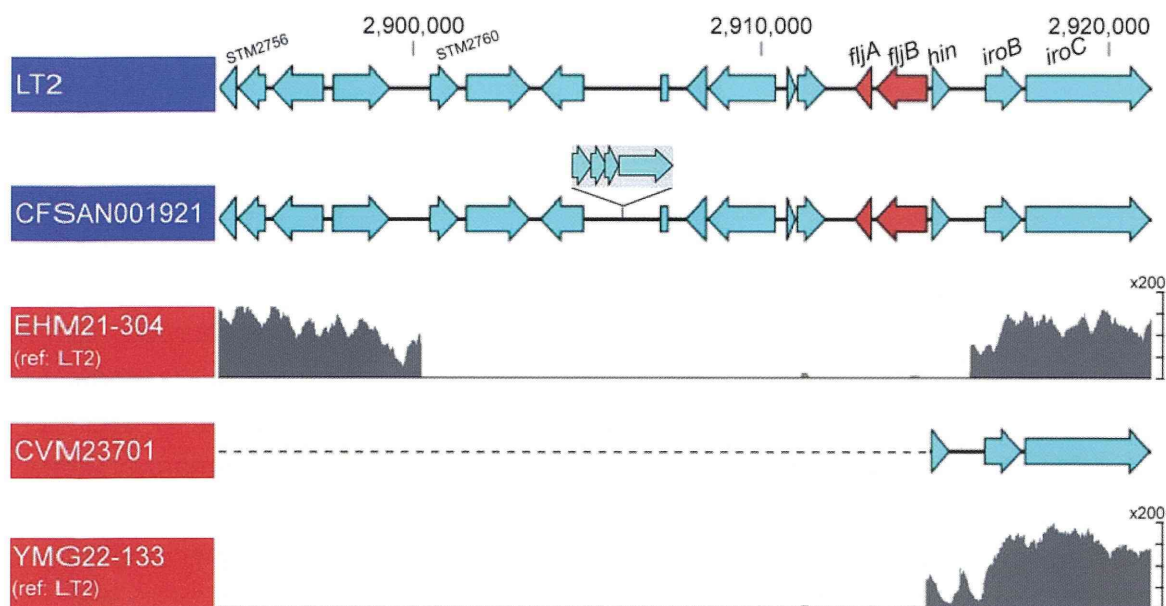
愛媛株 = EHM21-304
 山口株 = YMG
 ● = O4 group

図2 *Salmonella* 4,5,12:i:- 愛媛株及び山口株ゲノムの系統解析(B)
 ~S. Typhimurium との比較~



LT2 = 標準的な *S. Typhimurium*株
 CVM23701 = ゲノム解析されている *S. 4,5,12:i:-*株
 EHM21-304 = *S. 4,5,12:i:-* 愛媛株
 YMG = *S. 4,5,12:i:-* 山口株

図3 次世代シーケンサーによって示された愛媛株(EHM21-304)及び山口株(YMG22-133)の第2相鞭毛抗原関連遺伝子領域の欠失



愛媛株(EHM21-304)山口株(YMG22-133)から次世代シーケンサーによって得られた塩基配列のショートリードを、*S. Typhimurium* LT-2 ゲノムの塩基配列を基に配列した。*S. Typhimurium* CFSAN001921は、登録されている中で最もEHM21-304と近縁のゲノム配列をもつ株である。

第2相鞭毛抗原関連遺伝子領域を示す。*S.* 4,[5],12:l-のうち、本研究以前に唯一ゲノム解析がされていたCVM23701株では、*fljA/B*を含む76個の遺伝子の広範な欠失が認められるが、*hin*は存在していた。YMG22-133株はCVM23701株と似た欠失パターンを示した。

一方、EHM21-304株は、*fljA/B*、*hin*を含む11個の遺伝子が欠失することが明らかにされた。


```

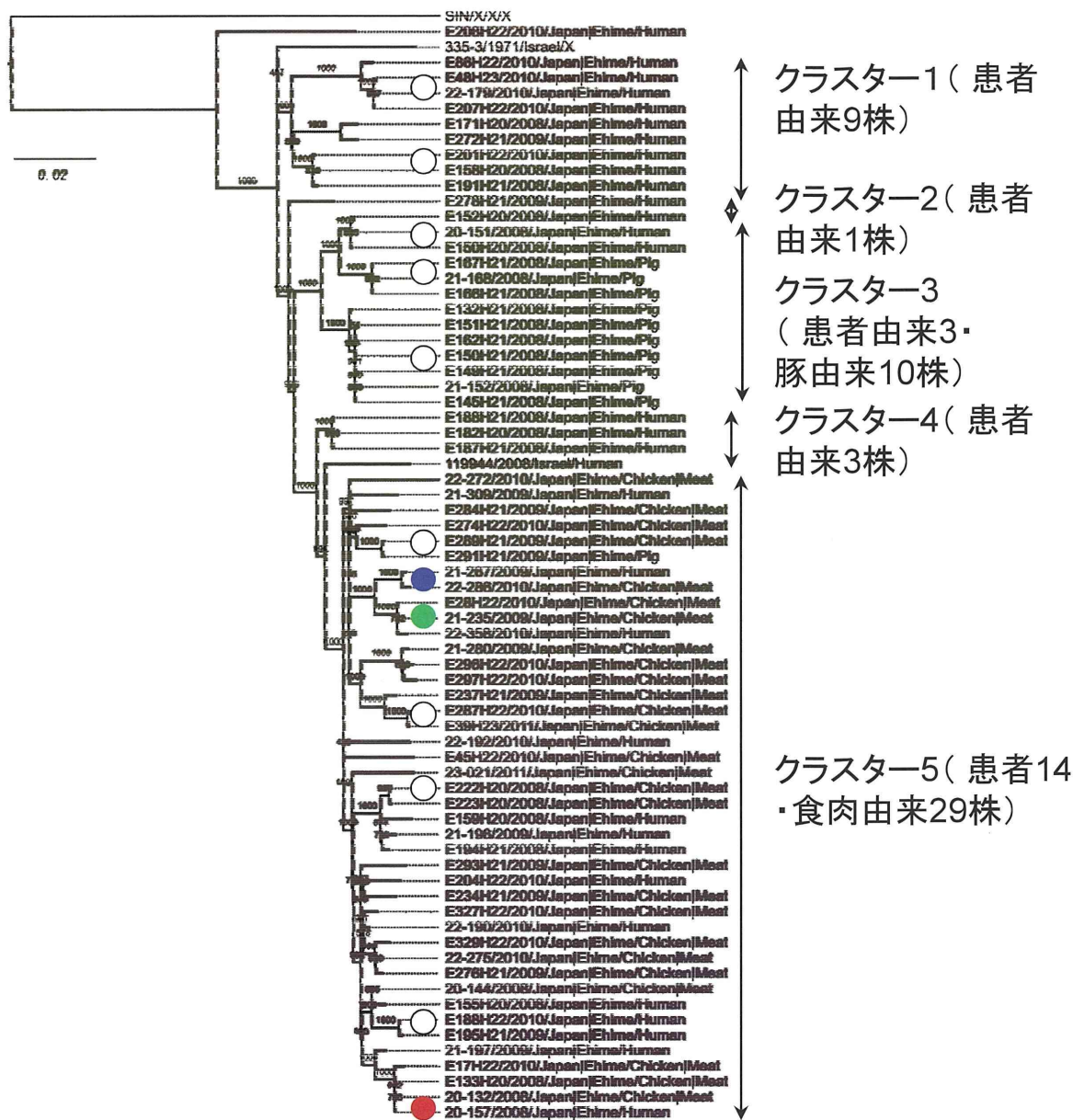
1  GCTACCATTGCCGCCTTTTCCATGAGAT STM2759 ATATGTCATTCCCTTGCTGCATCACTGGA 70
71  TGGAAATTTGCGACTGAGAAGTCATTTACC STM2759 AATACGCTGGGATGGCCGGATTTTCAGCCA 140
141  ACTTTGGCTCGAATAA TGCTACGCCCGCAAAGCTCGCTAAAGGGCCTTTAAAGGCCTTTAAGGGTAAGG 210
211  GAGATAAGT LT2と1塩基違い TGGATCCAGAGGAGCTGCGTCCGGCATCAGAGTAACATTCCGCATGG 280
281  GAACTGGC LT2と1塩基違い TGGATCCAGAGGAGCTGCGTCCGGCATCAGAGTAACATTCCGCATGG 350
351  TGGCTTAGATCATTTCTGCATACCCAATTCTGTTTCGTTTAAAGTATTTTAGGTACGGCTGAGATAGCGTGGT 420
421  TTGAACCATCAGAACAATTAAAATCTACACCCGCAAAGCTCGCTTTAGCGAGCCTTTGCGGGCGGCATT 490
491  TCTGGATAAATTATCCATGAAAGCCTCACCAGAGATGTAAAAGAATCCTTCCCTGCCGCGGCATTCTCTGGA 560
561  CAATATTTTCCCAATCTTCTGATGCTCATGAAACCGCATACTGCATCATGATAATAAAGTTATTTATTAT 630
631  CAATGAATTATGCGGATTAATCAGCTTGACCATCGCATCAACAATGCTATTTTTACGGTAACTGCCGCA 700
701  GTCCTGGGACTGCACCCGAGACAGCCACGACCTTAGAGGACTGTGCCTGGCTGCTATGTCAGGTTGGTCA 770
771  AGCCCTTAACCCCGCAAGCCGGACAATACGGCGGGGGCGTCTCTGACGCAGTCCGGTCGTTGTTGCTGCT 840
841  ATAACCTGTGCCAGTAAGAGGCAGGTTGGTACCGCTCTTTAGACGGAGCGTATCTCTGCGCCAGTAAAC 910
911  AGGTTGCCTGAAACGGCGGCGCTCACTTTGGAGGCGAAGCAAACAAAGTGACGCCGACGCACACCGCT 980
981  GCGCCAGCCGCGTCTTATCAGGCTTATCGTTGTATTAACCTCTGACGCCATCATTTCTGCGTCAAAAA 1050
1051  GATAACAAGGAGGAATGAACAGTACCGGAGGCGGACCACGACGATCCGGGGGCATCCCTGCTGAGGCAGG 1120
1121  CGGCCTGCACACCGTG CAGTACCGTACCCCACCA IS26 (820 bp) TCGCGGGATCTGCCACTTCTTCACGTTG 1190
1191  IS26 (820 bp) GTCTTATTTCAAAGGCCTTACATTTCAAAAACCTCTGCTTACCAGGCGCATTTCGCCCAGGGGATCACCATA 1260
1261  IS26 (820 bp) ATAAAATGCTGAGGCCTGGCCTTTGCGTAGTGCACGCATCACCTCAATACCTTTGATGGTGGCGTAAGCC 1330
1331  IS26 (820 bp) GTCTTCATGGATTTAAATCCCAGCGTGGCGCCGATTATCCGTTTCAGTTTGCCATGATCGCATTCAATCA 1400
1401  IS26 (820 bp) CGTTGTTCCGGTACTTAATCTGTGCGGTGTTCAACGTCAGACGGGCACCGCCTTCGCGTTTGAGCAGAGC 1470
1471  IS26 (820 bp) AAGCGCGCGACCATAGGCGGGGCGCTTTA IS26 (820 bp) TCGCGGGATCTGCCACTTCTTCACGTTG 1540
1541  IS26 (820 bp) TTGAGGATTTTACCCAGAAACCGGTATC IS26 (820 bp) CGACGGGAGGAGAGATAAAAATCGACAG 1610
1611  IS26 (820 bp) TGCGGCCCGCGCTGTCGACGGCCCGGTACAGATACGCCAGCGGCCATTGACCTTCACGTAGGTTTCATC 1680
1681  IS26 (820 bp) CATGTGCCACGGGCAAAGATCGGAAGGGTTACGCCAGTACCAGCGCAGCCGTTTTTCCATTTTCAGGCGCA 1750
1751  IS26 (820 bp) TAACGCTGAACCCAGCGGTAAATCGTGGAGTGATCGACATTCACTCCGCGTTCAGCCAGCATCTCCTGCA 1820
1821  IS26 (820 bp) GCTCACGGTAACTGATGCCGTATTTGCAGTACCAGCGTACGGCCACAGAATGATGTCACGCTGAAAATG 1890
1891  IS26 (820 bp) CCGGCCTTTGAATGGGTTTCATGTGCAGCTCCATCAGCAAAAAGGGGATGATAAGTTTATCACCACCGACTA 1960
1961  IS26 (820 bp) TTTGCAACAGTGCCATCAATACTACTCCCTACGTTTTCCCGTTACCTTGCTGTGCGGTACGTTTACCTCATT 2030
2031  GTCTGAAAGGTTATTTGCGAAGTTATCATTATAAATCCACGGGCGTCTGGTATGCGAATCCAGTTCCCA 2100
2101  ATCCTGGCGCTTTGCCTGTGCGACCATAACGCGGTAAATAAGCCTGAAACCAAACCTTCACCGCTTAACGC 2170
2171  TCTCATCTTTCCCGATTTTTACGCAAAAATCATCACATGATCAAGTGTCATATTAGTTATTGCATTTTA 2240
2241  CAAATGATATTGGTAATTATTATCATTCTCATTAAACGACTTGTTCGATTTATGACGTGGAGAGAGAGGAT 2310
2311  iroB (STM2773) TTCTCATGCGTATTCTGTTTGTTCGG iroB (STM2773) GCTATACCCTGTGCTGTCTCTGGCGCA 2380
2381  iroB (STM2773) AGCGTTTCGTGTTAATGGCCATGAA iroB (STM2773) GCAAAATTTGCACAGAAAGCAGCCG 2448

```

図4 EHM21-304 ΔfljAB sequence (2,448 bp)

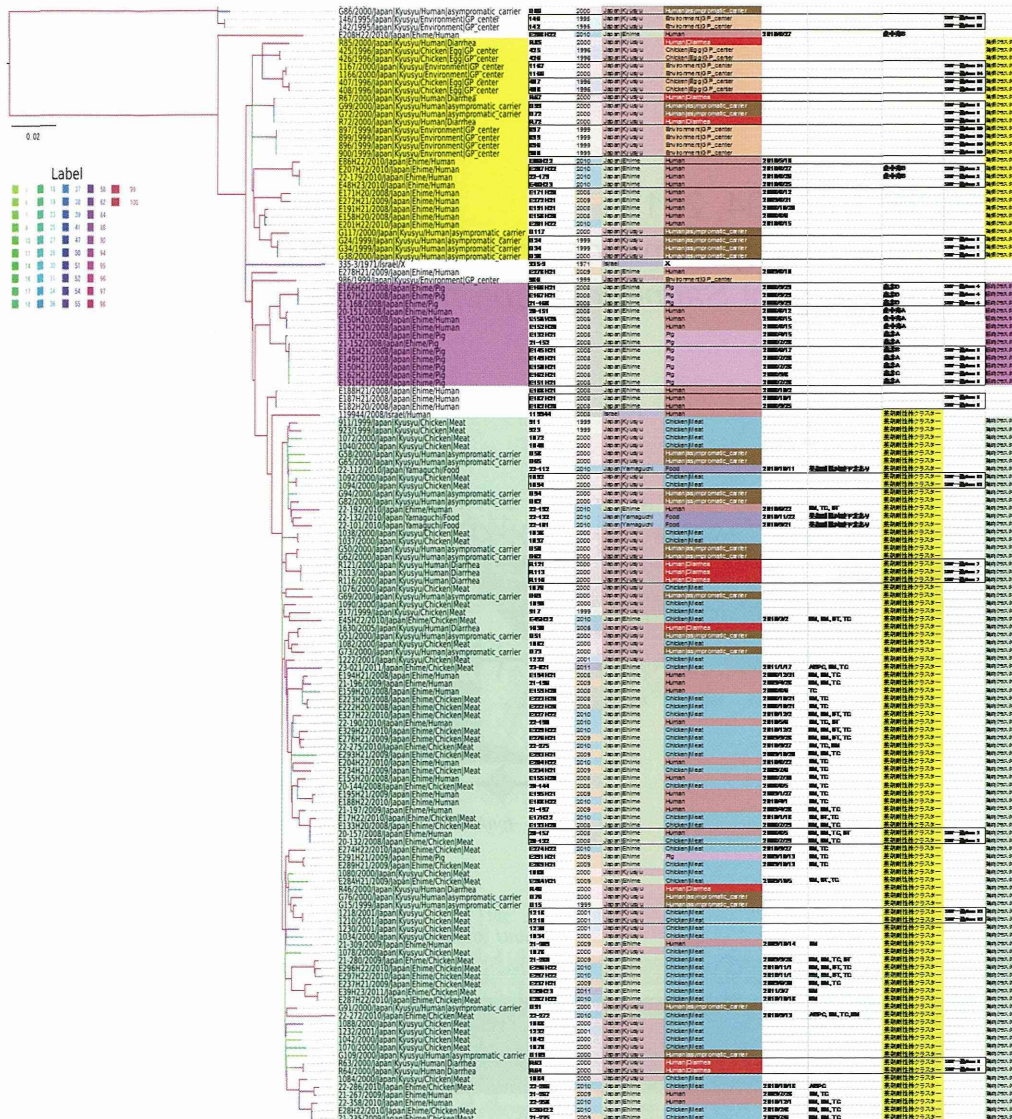
forward primer を STM2759 上に, reverse primer を *iroB* 上に設計し、得られた増幅産物 2,448 bp* の塩基配列を決定した (primer は下線)。その結果、*Salmonella* Typhimurium LT2 (AE006468) の 2,900,321~2,916,035 (15,715 bp)、STM2760~*hin* (STM2772) までが欠失し、代わりに IS26 (820 bp) が挿入されていることがわかった。

図6 S. Infantis愛媛70株の次世代シーケンサーを用いたゲノム解析に基づく系統解析



NGS解析において、同一あるいは非常に近縁の組み合わせが10対以上見出された(○)。特にクラスター5の同一SNPを示した鶏肉由来20-132株と患者由来20-157株の2株は(●)、同一クローンの可能性が高く、直接の感染源であることが強く示唆される。また、鶏肉由来22-286株と患者由来21-267株が近縁であり(●)、22-286株が存在していた同じ鶏舎で飼育されたものから感染した可能性がある。さらに、鶏肉由来のE28H22株と21-235株および(●)患者由来22-358株が近い系統で、E28H22株と21-235株が存在していた鶏と同じ鶏舎由来のものから感染した可能性がある。

図7 愛媛株及び他都道府県株を含む141株の解析



鶏卵クラスター

豚クラスター

鶏肉クラスター

NGS解析のクラスター1に属する愛媛の9株を他の都道府県で分離されたものと比較すると、鶏卵由来株と近縁であることが判明した(上図)。

この関係が示されたことは、クラスター1の患者由来9株について鶏卵の摂食との関連を調べる根拠となる。

また、他の都道府県のヒト由来株、鶏肉由来株も愛媛株のクラスター5と同じクラスターを形成し、薬剤耐性菌は全てこのクラスターに属していた。

图8

Environ Microbiol 16: 977-994, 2013

Aviv G et al., A unique megaplasmid contributes to stress tolerance and pathogenicity of an emergent *Salmonella enterica* serovar Infantis strain.

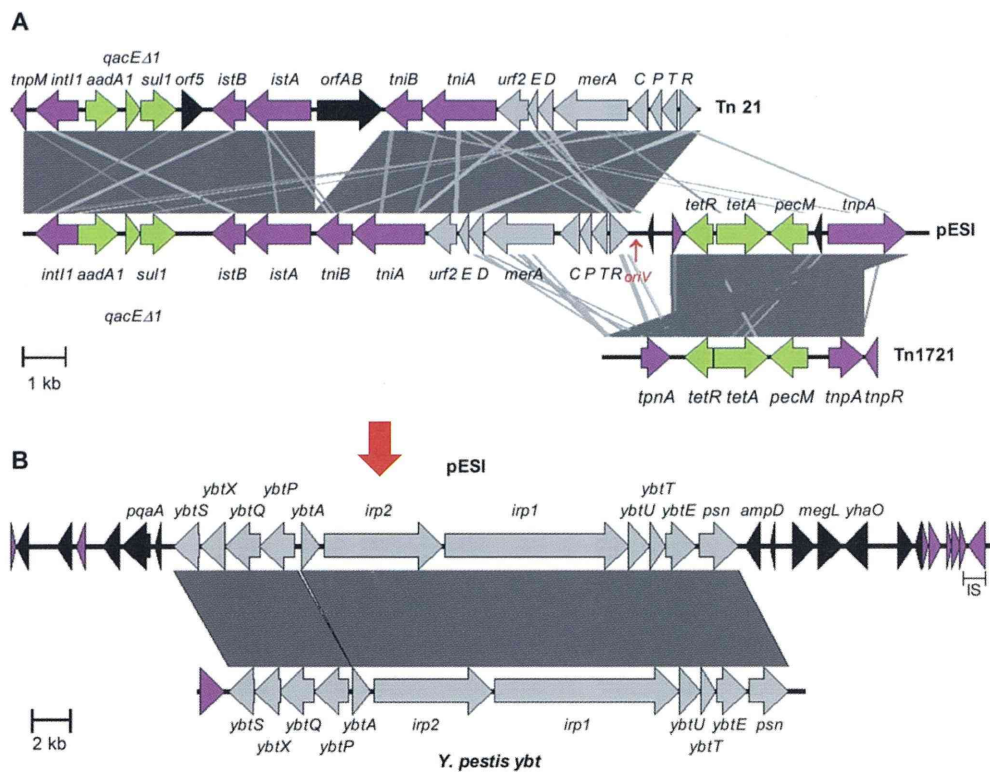


表4 S. Infantis 株における *irp2* 遺伝子保有と薬剤耐性との相関

NGS解析に基づくクラスター	菌株の由来	薬剤耐性	<i>irp2</i> 保有 *
クラスター1	患者9	—	no
クラスター2	患者1	—	no
クラスター3	患者3, 動物10	—	no
クラスター4	患者3	—	no
クラスター5	患者14, 食材29	ABPC, KM, SM, TC, ST	yes

* PCRによる検出

Ⅲ 研究成果の刊行に関する一覧表

研究成果の刊行に関する一覧表

著者名	論文タイトル名	発表雑誌	巻号ページ	出版年
Sasaki K, Toda S, Shirabe K, Takahara M, Harada S, Morishima T, Ichiyama T.	Analysis of bronchoalveolar lavage fluid in a mouse model of bronchial asthma and H1N1 2009 infection.	Cytokine.	63(2):194-200.	2013
Tsukagoshi H, Yokoi H, Kobayashi M, Kushibuchi I, Okamoto-Nakagawa R, Yoshida A, Morita Y, Noda M, Yamamoto N, Sugai K, Oishi K, Kozawa K, Kuroda M, Shirabe K, Kimura H.	Genetic analysis of attachment glycoprotein (G) gene in new genotype ON1 of human respiratory syncytial virus detected in Japan.	Microbiol Immunol.	57(9):655-9.	2013
Niwa S, Tsukagoshi H, Ishioka T, Sasaki Y, Yoshizumi M, Morita Y, Kimura H, Kozawa K.	Triplex real-time polymerase chain reaction assay for detection and quantification of norovirus (GI and GII) and sapovirus.	Microbiol Immunol.	58(1):68-71.	2014
Miyaji Y, Kobayashi M, Sugai K, Tsukagoshi H, Niwa S, Fujitsuka-Nozawa A, Noda M, Kozawa K, Yamazaki F, Mori M, Yokota S, Kimura H.	Severity of respiratory signs and symptoms and virus profiles in Japanese children with acute respiratory illness.	Microbiol Immunol.	57(12):811-21.	2013
Tsukagoshi H, Ishioka T, Noda M, Kozawa K, Kimura H.	Molecular epidemiology of respiratory viruses in virus-induced asthma.	Front Microbiol	12;4:278.	2013

Ishioka T, Yamada Y, Kimura H, Yoshizumi M, Tsukagoshi H, Kozawa K, Maruyama K, Hayashi Y, Kato M.	Elevated macrophage inflammatory protein 1 α and interleukin-17 production in an experimental asthma model infected with respiratory syncytial virus.	Int Arch Allergy Immunol.	161 Suppl 2:129-37.	2013
Kushibuchi I, Kobayashi M, Kusaka T, Tsukagoshi H, Ryo A, Yoshida A, Ishii H, Saraya T, Kurai D, Yamamoto N, Kanou K, Saitoh M, Noda M, Kuroda M, Morita Y, Kozawa K, Oishi K, Tashiro M, Kimura H.	Molecular evolution of attachment glycoprotein (G) gene in human respiratory syncytial virus detected in Japan 2008-2011.	Infect Genet Evol.	18:168-73.	2013
Takanashi J, Taneichi H, Misaki T, Yahata Y, Okumura A, Ishida Y, Miyawaki T, Okabe N, Sata T, Mizuguchi M.	Clinical and radiologic features of encephalopathy during 2011 E coli O111 outbreak in Japan.	Neurology.	18;82(7):564-72.	2014
Obuchi M, Adachi Y, Takizawa T, Sata T.	Influenza A(H1N1)pdm09 virus and asthma.	Front Microbiol	14;4:307.	2013
Kanatani J, Isobe J, Kimata K, Shima T, Shimizu M, Kura F, Sata T, Watahiki M.	Close genetic relationship between Legionella pneumophila serogroup 1 isolates from sputum specimens and puddles on roads, as determined by sequence-based typing.	Appl Environ Microbiol	79(13):3959-66	2013

Kanatani J, Isobe J, Kimata K, Shima T, Shimizu M, Kura F, Sata T, Watahiki M.	Molecular epidemiology of Legionella pneumophila serogroup 1 isolates identify a prevalent sequence type, ST505, and a distinct clonal group of clinical isolates in Toyama Prefecture,	19(4):644-52.	Japan. J Infect Chemother.	2013
Asano Y, Karasudani T, Tanaka H, Matsumoto J, Okada M, Nakamura K, Kondo H, Shinomiya H.	Characterization of the Escherichia coli O157:H7 outbreak strain whose Shiga toxin 2 gene is inactivated by IS1203v insertion.	66(3):201-6.	Jpn J Infect Dis.	2013
Isobe J, Shima T, Kanatani J, Kimata K, Shimizu M, Kobayashi N, Tanaka T, Iyoda S, Ohnishi M, Sata T, Watahiki M.	Serodiagnosis using microagglutination assay during the food-poisoning outbreak in Japan caused by consumption of raw beef contaminated with enterohemorrhagic Escherichia coli O111 and O157.	52(4):1112-8.	J Clin Microbiol.	2014

Watahiki M, Isobe J, Kimata K, Shima T, Kanatani J, Shimizu M, Nagata A, Kawakami K, Yamada M, Izumiya H, Iyoda S, Morita-Ishihara T, Mitobe J, Terajima J, Ohnishi M, Sata T.	Characterization of enterohemorrhagic <i>Escherichia coli</i> O111 and O157 strains isolated from outbreak patients in Japan.	52(8):2757-63.	J Clin Microbiol.	2014
Kawase J, Kurosaki M, Kawakami Y, Kashimoto T, Tsunomori Y, Sato K, Ikeda T, Yamaguchi K, Watahiki M, Shima T, Kameyama M, Etoh Y, Horikawa K, Fukushima H, Goto R, Shirabe K.	Comparison of two methods of bacterial DNA extraction from human fecal samples contaminated with <i>Clostridium perfringens</i> , <i>Staphylococcus aureus</i> , <i>Salmonella</i> Typhimurium, and <i>Campylobacter jejuni</i> .	67(6):441-6.	Jpn J Infect Dis.	2014
Yoshikawa T, Shimojima M, Fukushi S, Tani H, Fukuma A, Taniguchi S, Singh H, Suda Y, Shirabe K, Toda S, Shimazu Y, Nomachi T, Gokuden M, Morimitsu T, Ando K, Yoshikawa A, Kan M, Uramoto M, Osako H, Kida K, Takimoto H, Kitamoto H, Terasoma F, Honda A,	Phylogenetic and Geographic Relationships of Severe Fever With Thrombocytopenia Syndrome Virus in China, South Korea, and Japan.	J Infect Dis.	15;212(6):889-98	2015

Maeda K, Takahashi T, Yamagishi T, Oishi K, Morikawa S, Saijo M.				
Shinomiya H, Seto K, Kawase J, Arikawa K, Funatogawa K, Suzuki M, Kubota H, Shirabe K.	Current status of bacteriological studies at prefectural and municipal public health institutes in Japan	Nihon Saikingaku Zasshi.	70(2):309-18.	2015
Kimura H, Saitoh M, Kobayashi M, Ishii H, Saraya T, Kurai D, Tsukagoshi H, Shirabe K, Nishina A, Kozawa K, Kuroda M, Takeuchi F, Sekizuka T, Minakami H, Ryo A, Takeda M.	Molecular evolution of haemagglutinin (H) gene in measles virus.	Sci Rep.	5: 11648..	2015
Kawase J, Etoh Y, Ikeda T, Yamaguchi K, Watahiki M, Shima T, Kameyama M, Horikawa K, Fukushima H, Goto R, Shirabe K.	Improved multiplex real-time SYBR Green PCR assay for analysis of 24 target genes from 16 bacterial species in fecal DNA samples from patients with foodborne illnesses.	Jpn J Infect Dis.	[Epub ahead of print]	2015
Kobayashi M, Yoshizumi S, Kogawa S, Takahashi T, Ueki Y, Shinohara M, Mizukoshi F, Tsukagoshi H, Sasaki Y, Suzuki R, Shimizu H, Iwakiri A, Okabe N, Shirabe K, Shinomiya	Molecular Evolution of the Capsid Gene in Norovirus Genogroup I.	Sci Rep..	5:13806	2015

H, Kozawa K, Kusunoki H, Ryo A, Kuroda M, Katayama K, Kimura H.				
Obuchi M, Yagi S, Oguri A, Takizawa T, Kimura H, Sata T.	Outbreak of human bocavirus 1 infection in young children in Toyama,	Jpn J Infect Dis.	68(3):259-61.	2015
Yamasaki E, Watahiki M, Isobe J, Sata T, Nair GB, Kurazono H.	Quantitative Detection of Shiga Toxins Directly from Stool Specimens of Patients Associated with an Outbreak of Enterohemorrhagic Escherichia coli in Japan—Quantitative Shiga toxin detection from stool during EHEC outbreak.	Toxins (Basel).	27;7(10):4381-9.	2015

