

平成 28 年度厚生労働科学研究費補助金  
新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業  
平成 28 年度総括研究報告書

「食品由来感染症の病原体情報の解析及び共有化システムの構築に関する研究」

研究代表者 泉谷秀昌 国立感染症研究所細菌第一部第二室長

**研究要旨：**

食品由来感染症における原因物質である細菌やウイルスが保有する病原体情報、すなわち分子疫学解析から得られる遺伝子情報は、疫学情報とともに、流行株を把握し、感染原因を究明し、感染拡大を阻止する上で重要である。実際の感染症対策および施策にあたっては当該病原体情報を効率よく効果的に共有することが肝要である。腸管出血性大腸菌 (EHEC) に関し、パルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE)、IS-printing system および multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) の各解析法について検討、データベースの構築、精度評価などを行った。IS 法は現在地方衛生研究所 (地衛研) において最も精力的に活用されている方法であることが示された。精度管理の実施を通して明らかとなった IS 法における判定補助のため、エキストラバントなど泳動像に係る情報収集を行った。PFGE は感染研および各地衛研で、MLVA は主として感染研で実施されており、各地域もしくは全国的な広域株の把握、集団事例への対応などに活用された。広域株に関する情報共有は電子メールによる回覧および食中毒調査システム NESFD 掲示板など活用した。

ウイルスでは、カリシウェブから発展させた下痢症ウイルス分子疫学データベースツールである、GatVirusWeb (GVW) の改良、安定稼働を推し進めた。これまでに約 10 万件のデータを収集した。OS 改訂に伴う対応を行った。検索ツールおよび情報取得環境の改善を行った。ロタウイルス RNA-PAGE のバンドパターンから分類アルゴリズムを開発し、GVW への実装を検討した。

**研究分担者**

グループ 1：

熊谷優子 (秋田県健康環境センター)  
平井昭彦 (東京都健康安全研究センター)  
鈴木匡弘 (愛知県衛生研究所)  
勢戸和子 (大阪府公衆衛生研究所)  
中嶋 洋 (岡山県環境保健センター)

世良暢之 (福岡県保健環境研究所)

伊豫田淳 (国立感染症研究所)

研究協力者：大西 真、石原朋子、李謙一  
(国立感染症研究所) および各地方衛生研究所等関係者 (各研究分担報告書を参照)

グループ 2：

片山和彦 (北里大学)

三瀬敬治 (札幌医科大学)

## A. 研究目的

食品由来感染症において、細菌では腸管出血性大腸菌 (EHEC) などが、ウイルスではノロウイルスなどが毎年流行を繰り返している。これらの病原体には多様なバリエーションが存在し、その流行型は毎年変化している。本研究では分子疫学解析の開発・評価・精度管理、当該解析法に基づく病原体情報の収集およびデータベース化、ならびに当該病原体情報の効率的、効果的な共有化を行うためのシステムの開発を柱としている。本研究によって流行株の把握、ならびに広域事例における感染源の究明及び感染拡大の防止に貢献することを目指している。

## B. 研究方法

対象となる病原体別に本研究班を 1) 細菌、2) ウイルスの二グループに分け、それぞれの班を中心に病原体検査法の開発、評価及びネットワークの構築を行う。各グループでの研究方法について以下に述べる。

1) 細菌グループ ; a) 日本全国の地方衛生研究所 (地研) を 6 ブロックに分け、各ブロック内の地研で分離菌株 (腸管出血性大腸菌 0157 等) に対する PFGE 解析及び 0157 については IS-printing system (IS 法) の精度管理を継続した。b) 平成 22 年度に立ち上げた BioNumerics サーバーの環境整備を継続した。c) EHEC 0157 の IS 法オンラインデータベースに関しては、平成 23 年度までの厚生労働科学研究事業で構築してきたデータベースを基盤に、データの拡充を行った。d) 分担研究者の統括ブロックにおいて、発生事例に応用した PFGE 或いは IS 法

によるデータベース構築を検討もしくは継続した。さらに、データベースを活用して集団発生事例等に対応した。e) EHEC 0157、026、0111 に関して multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) による解析の運用を検討した。f) PFGE、IS 法等の得られた結果を迅速に共有するため、電子メール配信および食中毒調査システム (NESFD) 掲示板を使用した。g) EHEC 分子疫学解析の手法について、地衛研における実施状況を把握するためのアンケートを実施した。

## 2) ウイルスグループ ;

ロタウイルス (RV) は二本鎖 RNA で構成される 11 本の遺伝子分節をゲノムとして有する。RV 感染患者の便検体から RNA を抽出し、マイクロチップ電気泳動装置 MultiNA を用いて分離した。得られたバンドパターン画像と electrophoregram (泳動波形とピーク位置が示されたグラフ) の蓄積を行った。すべての検体について、次世代シーケンスシステムを用いたウイルスゲノムの塩基配列解析を行い、遺伝子型を決定してパターンライブラリーに蓄積した。相関値の算出は、泳動パターンの長鎖部分 (上部)、中鎖部分 (中部)、短鎖部分 (下部) に分け、electrophoregram のフィッティング処理を行った後、その相関係数をそれぞれ算出した。

オンライン下痢症ウイルスデータベース (GatVirusWeb) の構築、改良及び維持管理を行う。ユーザーから提案される改良案等の案件に関して、データベースウェブサイトに掲載を行い、テストドライブにてパブリックベータ版をユーザーに評価させる。実際のユーザーからのリクエストをウ

ウェブサイトと併設している掲示板を通じて入手し、リクエストを反映させつつウェブサイトの実態を図る。さらに、現状のユーザーを把握するため、アクセスモニターを施行し、利用状況に応じたウェブ管理、改変を実施する。

## C. 研究結果

### 細菌グループ；

#### 1. 感染研における研究

BioNumerics (BN) server によるオンラインシステムのデータベースの継続的な運用を行った。2016年に分離された EHEC について MLVA および PFGE 解析を行い、その遺伝子型別に基づいて分離株の動向について調べた。EHEC 0157 1397 株、026 607 株、0111 57 株について MLVA 法を用いて解析し、それぞれ、527、196、29 のタイプが同定された。このうち、2 株以上検出された型は 0157 で 190 (36%)、026 で 92 (47%)、0111 で 11 (38%) であった。解析した EHEC 株のうち、5 地研以上で検出された MLVA コンプレックスもしくはタイプに含まれる株は 668 株であった。当該コンプレックスは 0157 20 種類、026 1 種類であり、コンプレックスに含まれない広域タイプは 0157 で 1 種類、026 で 1 種類であった。複数の地研で同一の MLVA 型を示す株、もしくはコンプレックスに含まれる株が検出された場合には関係機関、もしくは研究分担者を介して情報を提供し注意喚起を行った。広域株には集団事例に関連するものも含まれたが、一方で疫学的な関連性が不明の株もあり、今後も引き続き病原体情報の迅速な提供、共有について検討の必要があると考えられた。

2016年に国内で分離された腸管出血性大腸菌 (EHEC) についてパルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) 解析を行い、そのパターンに基づいて各 0 群における分離株の動向について調べた。EHEC 0157 の 429 株、026 の 183 株については、それぞれ 296、146 種類のサブタイプが付与された。0157、026、0111 以外の 0 群の EHEC のうち、検出頻度の高い 0 群として、0103 は 57 種類、0121 は 25 種類、0145 は 19 種類、091 は 17 種類、0115 は 8 種類、0128 は 9 種類、08 は 10 種類の PFGE パターンが確認された。これらの PFGE パターンのうち、5 つの 0 群 (0103、0121、0145、0115、05) において、2 ヶ所以上の地方衛生研究所等で検出された同一 PFGE パターンが 13 種類確認された。

#### 2. 北海道・東北・新潟ブロック

北海道・東北・新潟ブロック内の分子疫学的解析法の検査精度向上と病原体情報の共有化システム構築を目的として、腸管出血性大腸菌 (EHEC) 0157 IS-Printing System についてブロック内の地方衛生研究所 11 施設の精度管理を実施した。さらに、ブロック内での情報共有化システム構築の基礎的検討として、各県で分離された菌株の IS-Printing System のデータを集積し発生パターンを調査した。また、平成 28 年度は冷凍メンチカツを原因食品とする食中毒が広域に発生し、ブロック内でも患者発生が確認された。その際、IS-Printing System による解析が、関係機関との情報共有に有用であった。

【病原体情報の疫学調査への活用例の報告 (以下、追加事例報告等) : 秋田県】

#### 3. 関東・甲・信・静岡ブロック

精度管理は、検査・解析レベルの維持、向上を目的として実施される。平成 28 年度も共通菌株を用いて PFGE 法、IS 法の精度管理を行った結果、いずれも良好な成績であった。しかし、PFGE 法では画像が若干不鮮明なもの、IS 法ではエキストラバンドの報告が無いものがあった。

アンケート調査の結果、各施設では分子疫学解析を行政活用した事例を数多く経験しており、他施設との共同により広域事例を明らかにした事例も多くあることが判明した。

IS 法および MLVA 法の導入と手技の統一を目的として、標準プロトコルの作成について検討を行った。

【追加事例報告等：東京都、千葉県、横浜市など】

#### 4. 東海・北陸ブロック

東海・北陸地方 11 施設（地方衛生研究所、及び衛生試験所、以下各地研）において、1. 分子疫学解析法として PFGE、IS-printing system、MLVA の実施状況調査、2. IS-printing 精度管理、3. 地域共有データベース構築を行い、分子疫学解析の解析精度を高めると共に、地域間でのスムーズな情報共有により、diffuse outbreak などの公衆衛生上の脅威を迅速に把握するシステムの構築を目指す。

##### 1. 分子疫学解析の実施状況調査

PFGE 及び IS-printing は outbreak 発生時の分子疫学解析として実施されている。従って IS-printing によるデータ共有は可能と考えられる。しかし、MLVA については一部の地研が実施しているにとどまり、MLVA による地域データベース作成は困難である。

##### 2. IS-printing 精度管理

すべての地研から予定どおりの IS-printing 型が得られた。昨年度多く見られた *hly* の増幅不良は見られなかった。今年度の精度管理サンプルを昨年度使用した IS-printing 試薬のロットで試験したところ、*hly* の増幅が悪く、ロット間差によるものとみられた。

##### 3. 地域共有データベース

クラウド型データベースを用いた IS-printing の情報共有を試みた。データベースの活用法など啓蒙活動が必要である。

##### 5. 近畿ブロック

腸管出血性大腸菌 0157 の遺伝子型別法である IS-printing System (IS) 法およびパルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) 法の信頼性確保のため精度管理を実施するとともに、近畿 IS データベースを活用して、流行株の探知や複数の自治体にまたがる事例の解析を行った。IS 法の精度管理では 11 施設中 2 施設で誤判定があり、正確な判定には、18 本の陽性対照バンドが十分な間隔で識別できる電気泳動画像と慎重な判断が必要であることを再認識した。PFGE 法の精度管理については概ね良好な結果であったが、画像によっては解析困難な部分があり、未消化バンドや薄いバンドあるいは極端に太いバンドの解消が課題である。近畿 IS データベースへの登録は昨年より減少したが、7 月には感染研 IS パターン番号 AA024 が急増した。ブロック内の情報交換により、一部の感染者については 7 月 2 日および 7 月 8 日に同一施設を利用しており、感染研 MLVA タイプも一致することが判明した。これまでのデータの蓄積から、IS 法は菌株によって

エキストラバンドが増幅されることがわかっており、近畿 IS データベース登録株についてエキストラバンド情報を整理した。判定に影響があると考えられるサイズのエキストラバンドは、セット 1、セット 2 合わせて 22 か所に 643 本が登録されていた。特に運動性陰性株 (O157:HNM) は、セット 1 で約 800bp のエキストラバンドが増幅されることが多く、1-03 との判別に注意が必要であると考えられた。

#### 6. 中国四国ブロック

食品由来感染症の広域発生事例においては、事例由来株の分子疫学解析結果等を共有・比較する必要がある。このため、中四国地域の各施設における分子疫学解析手法の技術の維持と解析精度の向上や、将来的に解析データや疫学情報を用いたデータベースを構築し利用可能にすることを目的として、腸管出血性大腸菌 (EHEC) O157 菌株を用いた IS-printing System、パルスフィールドゲル電気泳動法 (PFGE 法) 及び multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA 法) による精度管理を、実施した。その結果、多くの施設が良好な結果であったが、一部施設では検査法の改良・工夫や技術の習熟が必要と思われた。

平成 28 年度に中四国地域で発生した EHEC による感染事例について、IS-printing system 等による分子疫学解析データや疫学情報を収集し解析した結果、7 種類の IS コードの菌による感染事例の発生が、複数の県で確認された。このうち、疫学的な関連が確認された 2 事例を含めて 5 事例では、MLVA 法による解析結果も一致していた。広域発生事例の疫学解析に重要

である分子疫学解析結果等を用いたデータベース構築に向け、今後さらに分子疫学解析技術の維持・向上が重要になるものと思われる。

【追加事例報告等：鳥取県、島根県、広島県、広島市、山口県、香川県、高知県】

#### 7. 九州ブロック

九州地区では、1. IS-printing System (以下、IS 法とする) による IS 型別データベースの運用、2. 腸管出血性大腸菌 (以下、EHEC) 検出状況の解析、3. EHEC による集団発生事例の集約、4. 精度管理 (IS 法、PFGE) 及び 5. IS 法で発生したエキストラバンド情報の集約の 5 項目について取り組んだ。

九州地区における腸管出血性大腸菌 O157 (以下 O157EHEC) の IS 型別の登録数は平成 28 年 12 月現在で 1602 件 (平成 22 年度 312 件、平成 23 年度 229 件、平成 24 年度 229 件、平成 25 年度 224 件、平成 26 年度 206 件、平成 27 年度 204 件及び平成 28 年度 198 件) であり、毎年 200 件前後の登録で推移している。九州地区で平成 28 年度に収集された EHEC は 471 株であった。その内訳は、O157EHEC が 227 株、O26 EHEC が 164 株、O111 EHEC が 18 株、O103 EHEC が 17 株、O121 EHEC が 9 株、O91 EHEC が 6 株、O145 EHEC が 6 株、その他の血清型が 16 株及び血清型別不能が 8 株であった。九州地区は非 O157EHEC の占める比率 48.2% であり、本研究で O157EHEC に加えて非 O157EHEC の情報収集にも積極的に取り組んでいる成果が現れているものと思われた。平成 28 年度の O157EHEC 及び 非 O157EHEC による集団発生事例は 11 事例であった。その内訳は、O157EHEC によるものが 5 事例で、O26EHEC によるものが 6 事

例であった。精度管理では昨年度に引き続き IS 法、PFGE について実施した。IS 法では、エキストラバンドがある菌株で誤判定がみられた。PFGE では、泳動は概ね良好に行われていたが、11 地衛研の各担当者が判定したバンド数で、全 4 株一致した地衛研は 1 地衛研のみであった。ほとんどの地衛研が 0~3 本相違であり、昨年度と比べると相違数が少なくなっていた。一致しなかったのは、バンドの濃淡やバックグラウンドに差がみられたこと、担当者によりバンドの有無の判定に差があることが原因と考えられた。

#### 8. ブロックアンケート結果

EHEC の分子疫学解析手法 PFGE、IS 法および MLVA について各地衛研での実施状況をアンケート形式で情報収集した。PFGE 実施率は 74%で、このうち（ほぼ）全株試験している地衛研は 34%であった。同様に、IS 法実施率は 88%（うち全株試験は 68%）、MLVA 実施率は 15%（うち全株試験は 80%）であった。全体としては昨年度と変わらなかったが、なかには実施状況に変化が見られた地衛研もあった。

#### ウイルスグループ；

ロタウイルス（RV）は二本鎖 RNA で構成される 11 本の遺伝子分節をゲノムとして有する。RV 感染患者の便検体から抽出した RNA をポリアクリルアミドゲルで電気泳動（RNA-PAGE）すると、その分子量や二次構造の違いにより各分節を分離・検出することが可能である。この泳動パターンは遺伝子型や株によって異なるため、検体間のウイルスの類似性を推定する事も可能である。我々は、RNA-PAGE によるパターン分

類をマイクロチップ電気泳動装置 MultiNA に適応させ、MultiNA 泳動パターンフィッティング解析によって算出される相関係数を用いた株分類法の開発を進めている。本研究班では、このパターンフィッティングソフトウェアと標準株のパターンをウェブページ上に公開し、全国の地方衛生研究所からアクセスしてオンラインでロタウイルスの遺伝子型分類、株分類が可能なシステム構築を進めた。

ロタウイルス遺伝子データベースおよび遺伝子型判定システムを CaliciWeb に加え、新たに GatVirusWeb として運用するべく Web site の構築、維持、開発を行う。具体的には、これまで運用してきたカリシウイルスデータベース&配列検索システムに、NoroNet norovirus genotyping system へのリンクを加え、さらにロタウイルスでは、RNA-PAGE によるパターン分類をマイクロチップ電気泳動装置 MultiNA に適応させ、MultiNA 泳動パターンフィッティング解析によって算出される相関係数を用いた株分類法の搭載準備を進めた。本年度は過去三年間で倍増したデータに対応し、今後搭載されるロタウイルスのパターンフィッティングソフトウェアへの対応へも対応するため、サーバー環境の刷新を行った。

#### D. 考察

食品由来感染症の病因物質である細菌やウイルスの病原体情報、すなわち分子疫学解析によって得られる遺伝子等の情報は、患者の疫学情報とともに、感染原因究の明や感染拡大の阻止などの感染症対策を講じるために重要な要素である。

分子疫学解析による得られた病原体情報を具体的な対策に結び付けるために、当該病原体情報を共有化することも重要な工程の一つである。

本研究班においては closed network 上に病原体情報のデータベースを利用するシステム、すなわちウイルスでは GatVirusWeb、細菌ではパルスネットの構築および運用を進めた。また、細菌グループではより迅速かつ積極的に病原体情報を共有すべく、電子メールおよび NESFD 掲示板などのルートも情報共有のあり方の一つとして推し進めた。今後もこれらの情報共有システムを継続的に運用し、システムの向上につなげるのが重要である。

本年度も病原体情報から全国および各ブロックならびに各自治体において流行把握ならびに食中毒および行政指導などの行政対応に結び付いた事例報告がなされた。報告にはメンチカツ喫食による広域事例等も含まれた。事例対応については日頃からの検査体制および病原体情報の共有化システムの整備があつて初めて可能となるため、継続的な運用が必要である。

解析手法のアンケートから、現在 EHEC 0157 の解析において IS 法が重要な位置を占めていることが示唆された。一方で、各ブロックにおける精度管理の結果から泳動像の判定、エキストラバンドの取り扱いなどに関して、問題点も指摘された。IS 法は市販キット化されているが、電気泳動等の使用機器によって結果の判定に影響が出ることが示された。IS 法について泳動像の判定精度を向上・維持するため、エキストラバンドに関する情報収集を行った。収集した情報を集約し、利用可能な形にすること

が重要である。

地衛研では担当者の交代も頻繁にあるため、解析技術の精度維持は病原体情報ネットワークの構築に不可欠な要素である。そのためには、本研究のような継続した精度管理の運用が必要と考えられる。

MVLA を導入したことでよりリアルタイムに近いサーベイランスが可能になりつつある。MLVA は IS 法と同様、結果がデジタル形式なので情報共有がしやすい。いくつかの地衛研においては MLVA が実施されており、今後感染研の結果と照合するとともに、データをやり取りすることで病原体情報の収集ならびに共有化が一層早められることが期待される。

一方で、類似株をまとめた MLVA コンプレックスが複雑なものもあった。地域別、型別の検出状況の整理を行ったが、情報提供の仕方については今後も検討の余地があると考ええる。

ロタウイルス RNA-PAGE は迅速かつ簡便なロタウイルスの解析法として本研究班の前身より検討を始めた新規システムである。本解析法は糞便から直接かつ迅速に泳動パターンを取得し、細菌の分子疫学解析における PFGE 法のように泳動パターンを比較することでデータベース化を図れる手法である。MultiNA を用いることで泳動パターンの安定化を図りラボ間アッセイを可能にした。泳動パターンの解析ツールを開発し、株判定システムの正答率を実用レベルにした。

ノロウイルス、サポウイルスなどのカリシウイルスに特化した CaliciWeb から、他の下痢症ウイルス情報も統合した GatVirusWeb の構築を進めている。上記ロ

タウイルス RNA-PAGE 法の実装に向けて準備を始めた。ウイルス遺伝子データベースは年々増加の一途をたどっている。GVW でも同様であり、病原体情報を収集するオートパイロットプログラムにより、データベース上にはこれまでに 8 万以上のデータが収集されている。より効率よく目的とする遺伝子を検索できるようにするためのプログラムの改善を図っている。今後も国内外の下痢症ウイルス情報共有の重要な場として機能を充実させていく予定である。

## E. 結論

病原体情報取得のための技術開発、データの蓄積ならびに情報の共有は感染症対策において必須である。

EHEC 感染症においては病原体の解析手法も主要な 3 種類の技術 (PFGE、IS、MLVA 法) を含めて多様化してきており、それぞれの分解能、利便性、迅速性等の特徴を把握することは、病原体情報の事例対応への活用に重要である。

よりリアルタイムに近い事例探知および解析に向けて、その精度を確保すべく精度管理およびそれに基づくデータベースの構築、さらに効果的な情報共有が重要である。情報共有のあり方も含め、各々の解析手法に係る各工程において検討および改善を図っていくことが重要である。

ウイルスの GatVirusWeb (前 CaliciWeb) では、広範なウイルスを対象に病原体情報の収集及び解析プログラムの実装などが進められている。新たな機能として RNA-PAGE 法によるロタウイルスデータベースの搭載が視野に入ってきた。

## F. 健康危険情報

特記事項なし

## G. 研究発表

### 1. 誌上発表

1. Nguyen DT, Ngo TC, Le TH, Nguyen HT, Morita M, Arakawa E, Ohnishi M, Nguyen BM, Izumiya H. Molecular epidemiology of *Vibrio cholerae* O1 in northern Vietnam (2007-2009), using multilocus variable-number tandem repeat analysis. J Med Microbiol. 2016 Sep;65(9):1007-12.
2. Iguchi A, Iyoda S, Seto K, Nishii H, Ohnishi M, Mekata H, Ogura Y, Hayashi T: Six novel O genotypes from Shiga toxin-producing *Escherichia coli*. Front. Microbiol. 2016, 7:765.
3. Sato J, Miki M, Kubota H, Hitomi J, Tokuda H, Takai-Todaka R and Katayama K. Effects of disinfectants against norovirus virus-like particles predict norovirus inactivation. Microbiol Immunol 60, 609-616, 2016.
4. Matsushima Y, Shimizu T, Ishikawa M, Komane A, Okabe N, Ryo A, Kimura H, Katayama K, and Shimizu H. Complete Genome Sequence of a Recombinant GII.P16-GII.4 Norovirus Detected in Kawasaki City, Japan, 2016. Genome Announcements, vol. 4 (5) e01099-16, 2016.

5. Haga K, Fujimoto A, Takai-Todaka R, Miki M, Doan Y. H, Murakami K, Yokoyama M, Murata M, Nakanishi A, and Katayama K. Functional receptor molecules CD3001f and CD3001d enable murine norovirus to internalize into host cells. Proc Natl Acad Sci U S A. Oct 11;113(41):E6248-E6255., 2016.
6. Kobayashi M, Matsushima Y, Motoya T, Sakon N, Shigemoto N, Okamoto-Nakagawa R, Nishimura K, Yamashita Y, Kuroda M, Saruki N, Ryo A, Saraya T, Morita Y, Shirabe K, Ishikawa M, Takahashi T, Shinomiya H, Okabe N, Nawasawa K, Suzuki Y, Katayama K, Kimura H. Molecular evolution of the capsid gene in human norovirus genogroup II. Sci Rep. 2016 Jul 7;6:29400. doi: 10.1038/srep29400.
7. Noguchi A, Ito H, Miura S, Fujii Y, Katayama K, Nakagomi T, Nakagomi O, Takahashi T. Regional variations in the incidence of rotavirus hospitalizations between children living in defined regions of Akita and Kyoto prefectures, Japan. DOI: 10.7883/yoken. Jpn J Infect Dis. 2016 Jun 30. [Epub ahead of print]
8. Suzuki Y, Doan H. Y., Kimura H, Shinomiya H, Shirabe K, Katayama K. Predicting genotype compositions in norovirus seasons in Japan. Microbiol and Immunol. 60, 418-426, 2016.
9. Doan HY, Haga K, Fujimoto A, Fujii Y, Takai-Todaka R, Oka T, Kimura H, Yoshizumi S, Shigemoto N, Okamoto-Nakagawa R, Shirabe K, Shinomiya H, Sakon-Tanaka N, and Katayama K. Genetic analysis of human rotavirus C: the appearance of Indian-Bangladeshi strain in Far East Asian countries. Infect Genet Evol. 2016 Apr 9;41:160-173. doi: 10.1016/j.meegid.2016.03.027. [Epub ahead of print]
10. 泉谷秀昌、黒木俊郎、林賢一、齊藤志保子、八柳潤、今野貴之、大西真：*Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar 4:b:-株の解析。日本感染症学雑誌、第90巻、652-656、2016年
11. 泉谷秀昌、石原朋子、伊豫田淳、大西真：2015年に分離された腸管出血性大腸菌O157、O26およびO111株のMLVA解析について。IASR、第37巻、93-95、2016年
12. 勢戸和子、原田哲也、田口真澄、河原隆二、久米田裕子、田邊純子、福田弘美、中村寛海、松原弘明、泉谷秀昌：近畿の飲食チェーン店で発生した食中毒が疑われる腸管出血性大腸菌 O157事例。IASR、第 37 巻、89-90、2016 年。

## 2) 学会発表

1. 泉谷秀昌、石原朋子、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：2015年における腸管出血性大腸菌 O157・O26・O111 の分子疫学解析。第 37 回日本食品微生物学会学術総会、2016 年 9 月、東京都。

2. 泉谷秀昌:腸管出血性大腸菌の MLVA 解析。平成 28 年度希少感染症診断技術研修会、2017 年 2 月、東京都。
3. 石原朋子、伊豫田淳、泉谷秀昌、大西真: 2015 年の Non-0157/026/0111 腸管出血性大腸菌における分子疫学解析 第 37 回日本食品微生物学会学術総会、2016 年 9 月、東京
4. 石原朋子、伊豫田淳、泉谷秀昌、李謙一、大西真:2015-2016 年における EHEC 広域 PFGE 型の発生動向 第 20 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2016 年 11 月、富山
5. 平井晋一郎、横山栄二:腸管出血性大腸菌 0157 の subclade 8a 及び 8b における Stx2 産生性の比較、第 20 回 腸管出血性大腸菌感染症研究会、2016 年 11 月、富山県
6. 勢戸和子, 原田哲也, 田口真澄, 伊豫田淳: Non-0157 STEC の検査法—大阪府公衛研の経験を中心に— 第 20 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2016 年 11 月、富山県
7. 田口真澄, 河原隆二, 原田哲也, 勢戸和子: 腸管出血性大腸菌の薬剤耐性動向. 第 20 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2016 年 11 月、富山県

#### H. 知的財産権の出願・登録状況

##### 1. 特許取得

なし

##### 2. 実用新案登録

なし

##### 3. その他

なし