E. albertii CB9786株の全ゲノム配列 (4,598,983 bp)

他のEscherichia属細菌および近縁菌種と 塩基配列相同性の高い領域の除去 (相同性[≧80%], アライメント長[≧100bp])

E. albertii CB9786株にのみ存在する塩基配 列領域を抽出

他のE. albertii 55株の保存領域を抽出 (相同性[≧90%], アライメント長[≧100bp])

抽出領域に存在し、塩基配列保存性が 99%以上である遺伝子を抽出

診断疫学マーカー候補遺伝子として 配列保存性の高い9遺伝子を同定



食品・動物由来株における有用性検討

図2: 疫学マーカー検出のためのワークフロー