

令和元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  
令和元年度総括研究報告書

「食品由来感染症の病原体の解析手法及び共有化システムの構築のための研究」

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病因物質である病原体に対し、分子疫学解析から得られる遺伝子情報（病原体情報）は、流行株を把握し、感染源を究明し、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、疫学調査で得られた情報とともに、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）に対する分子疫学解析手法としては、パルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）、IS-printing system（ISPS）および multilocus variable-number tandem repeat analysis（MLVA）が主であるが 2018 年 6 月 29 日付で厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により MLVA に統一する方向性が示された。各ブロックにおいて、MLVA 法に関する研修会、各病原体解析手法に関する精度管理試験、データ解析手法の検討、データベースの構築などを実施した。アンケート調査の結果から、MLVA 実施率は昨年度の 3 割から 5 割に上昇した。EHEC 分離株の解析から、各地域もしくは全国における流行菌型の解析、広域株の探知が行われ、個々の集団事例及び広域集団事例への対応などに活用された。全ゲノム解析を使った MLVA 法の評価、系統解析、事例対応にあたっての評価を行った。収集した菌株の MLVA データ及び、地衛研から直接送付された MLVA データに関し、食中毒調査システム NESFD 掲示板への提供を行った。

**研究分担者**

岩渕香織（岩手県環境保健研究センター）  
鈴木 淳（東京都健康安全研究センター）  
松本昌門（愛知県衛生研究所）  
河合高生（大阪健康安全基盤研究所）  
狩谷英明（岡山県環境保健センター）  
濱崎光宏（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、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）

**A. 研究目的**

食品由来感染症は病原体に汚染された食品を摂取することによって発生する。代表的な病原体で毎年流行を繰り返すものとして、腸管出血性大腸菌（enterohemorrhagic *Escherichia coli*, EHEC）がある。EHEC 感

感染症は3類感染症の一つであり、年間3-4千名もの感染者を出す。溶血性尿毒症候群などの合併症をおこし、10名程度の死者が出る年もある。当該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。そのなかには複数の自治体をまたいで流行する広域株も存在し、その感染源を突き止めることは容易なことではない。本研究では分子疫学解析に関し、その開発・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構築を柱としている。本研究によって流行菌型の把握、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

1. 日本全国の地方衛生研究所（地衛研）を6ブロックに分け、各ブロック内の地衛研で分離菌株（腸管出血性大腸菌0157等）に対するパルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）解析、IS-printing system (ISPS)、multilocus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) の精度管理、研修会等を実施した。
2. 平成21年度に立ち上げたBioNumericsサーバの運用を見直した。一部機能をVPSサーバ上に移築し、MLVAシステムの構築を行った。
3. 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ISPS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。

4. EHEC 0157、026、0111（主要3血清群）、0103、0121、0145、0165、091（追加5血清群）に関してMLVAを用いた病原体サーベイランスを検討した。

5. 2018年6月29日付の厚生労働省からの事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」に関連したMLVAデータ授受に関する整備を行い、定期的にMLVAデータを厚生労働省に提供、食中毒調査システム（NESFD）上の掲示板にMLVAリストとして掲示された。

6. EHEC 0157株を用いて全ゲノム配列（whole-genome sequence, WGS）を用いた解析を実施した。一塩基多型（single nucleotide polymorphism, SNP）を抽出しMLVA法の結果と比較した。集団事例関連株についてWGS解析を行い、他の国内株と比較した。

7. 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。

## C. 研究結果

### 1. 感染研における研究-1

2019年に分離されたEHECについてMLVAおよびPFGE解析を行い、その型別結果に基づいて分離株の動向について調べた。PFGEを用いて293株の解析を行い、BioNumericsデータベースに登録した。MLVAを用いてEHEC 0157 1,652株、026 474株、0111 133株、0103 195株、0121 76株、0145 93株、0165 4株、091 38株、計2,665株を解析し、それぞれ、701、221、76、60、38、24、4、33の型が同定された。0103、0145において集団事例もしくはクラスターが検出され、シンプソンの多様性指数（SDI）が0.895、

0.831 と比較的低かった。それ以外の血清群の SDI は 0.95 以上と比較的高い値を示した。5 機関以上で検出された MLVA コンプレックスもしくはタイプに含まれる株は 626 株であった。当該コンプレックスは 0157 12 種類、026 1 種類、0111 1 種類、0121 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 10 種類、026 2 種類、0103 3 種類、0121 1 種類、0145 2 種類であった。これらには広域集団事例に関連したものも含まれた。2018 年 6 月 29 日に厚生労働省から発出された事務連絡に基づき地衛研から送付された MLVA データの解析を行い、送付された菌株の解析結果と併せて情報還元・共有を行った。送付された MLVA データ処理のため、VPS サーバに MLVA システムの構築を行った。今後、MLVA をはじめとした分子疫学解析手法の手技的側面、データ解析、取り扱いといった側面における技術支援、並びに MLVA システムの運用検証など、共有に向けたシステムの検討・改良の必要があると考えられた。

## 2. 北海道・東北・新潟ブロック

平成 30 年 6 月 29 日付事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により遺伝子検査手法は MLVA 法に統一化するよう通知されていることから、北海道・東北・新潟ブロック内の地方衛生研究所における腸管出血性大腸菌の分子疫学解析法の構築のため、MLVA に特化した精度管理の実施及び技術研修会を開催した。また研修会において、MLVA トラブルシューティング集が必要との参加者の一致した見解により、ブロック内の「EHEC MLVA フラグメント解析判定事例集」案を作成した。

精度管理は、血清型 VT 型の異なる 4 株について MLVA の結果を求め、国立感染症研究所における解析結果と比較することで行った。ほとんどが一致する結果となったが、ピークと判定すべき遺伝子座において、ピーク検出閾値以下であったため「-2（ピークなし）」とした施設があった。また、研修会では、MLVA 技術研修のほか、「2019 年度の全国の MLVA の検査状況及び広域発生事例等の講演」、「精度管理の結果報告」及び「事例発表」を行い、情報共有を図った。その中で、MLVA 導入後の解析データに対する細かな疑問に対するトラブルシューティング集作成の要望があった。また、解析データから検出された Complex 等の解釈は、疫学情報を鑑みて総合的な判断が必要であると考えられた。

## 3. 関東・甲・信・静岡ブロック

食中毒の散在的集団発生（Diffuse outbreak）を早期に探知し拡大防止を行うためには、迅速に共通の原因食品を特定することが重要である。その手段として患者等から分離された菌株情報は非常に有用である。関東ブロックでは共通菌株 4 株いて PFGE 法、ISPS 法、MLVA 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。MLVA 法では複数のピークが認められる株の判定は施設により異なっていたが、いずれも大きく異なる判定ではなかった。

2019 年 11 月から 12 月にかけて全国の焼肉チェーン店利用者から 0157 が検出される食中毒疑い事例が発生した。利用者から分離された 0157 について国立感染研で実施した MLVA 型は 6 種類であった。当初、複数の菌による汚染が原因と考えられたが、全ゲノム配列を用いた解析によって同一由

来であることが確認された。この様に、同一事例由来株と考えられる株でも複数の MLVA 型が検出される場合があることから、判断は慎重に行わなければならないと考えられた。今後、更に事例を重ね、MLVA 法の特徴を把握していく必要がある。

【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）：千葉県、茨城県】

#### 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、保健所及び衛生試験所）に対して、迅速・簡便な方法として各地衛研で汎用されている ISPS について 3 件の腸管出血性大腸菌 0157 抽出 DNA を用いて精度管理を実施した。また、東海・北陸ブロックで今年度分子疫学手法を用いて解析した事例の報告を行った。

##### 1) ISPS 精度管理

1st set：検体 No1 では 3 施設が 1-2 と 1-3 の間のエキストラバンドを 1-3 と判定していた。また、1 施設は 1-14 と 1-15 の間のエキストラバンドを 1-15 と判定していた。検体 No2, 3 に関しては全施設誤判定はなく一致していた。2nd set：検体 No1 では 9 施設では正しく報告されたが、2 施設は不一致であった。1 施設は 2-2 と 2-3 の間の判定が誤っていた。また、1 施設は単純な入力ミスであった。検体 No2, 3 に関しても 9 施設では正しく報告されたが、2 施設が不一致であった。1 施設では 2-1 と 2-2 の間のエキストラバンドを 2-1 と判定していた。1 施設は単純な入力ミスであった。以上の結果から東海・北陸ブロック全 11 施設でおおよそ良好な結果が得られた。しかし、注意点として a) よく確認されるエキストラ

バンドを認知していること。b) 高サイズ領域のバンドの判定を慎重に行うこと。c) エクセルシートへの入力の際は、複数人で結果の確認をおこなうことが重要である。

##### 2) 腸管出血性大腸菌の MLVA 解析

118 株の 0157 は 106 MLVA 型に 42 株の 026 は 37 MLVA 型に型別することが出来た。

##### 3) 東海・北陸ブロックで分子疫学的を用いて解析した事例

愛知県で患者が確認された 2 つの *Escherichia albertii* 食中毒等事例について PFGE 解析を行った。その結果、事例 1 は分離株全てが 95%以上の相同性があった。事例 2 では分離 5 株のうち、4 株は遺伝子型が一致したが、1 株は大きく遺伝子型が異なっていた。

#### 5. 近畿ブロック

腸管出血性大腸菌（EHEC）の遺伝子型別法である反復配列多型解析法（MLVA）導入のため、昨年度の本研究班で開発した MLVA 新規解析法に改良を加えた。近畿ブロック内の研究協力地衛研 5 施設を対象に結果の信頼性確保のための精度管理を実施するとともに、MLVA の導入を検討している地衛研 5 施設を対象に MLVA の初期導入研修会を開催した。また、EHEC 0157 について IS-printing System（ISPS）法による遺伝子型別を実施し、近畿 ISPS データベースを活用して流行株の解析を行った。研究協力地衛研 5 施設とともに改良した MLVA 新規解析法を評価した結果、1 施設を除き、供試した 90%以上の菌株について 17 遺伝子座すべてのリピート数を正確に決定することができた。MLVA の精度管理については概ね良好な結果が得られたが、複数ピークが検出された際の記録法について周知と統一が必

要と考えられた。MLVA 初期導入研修会は参加者から好評を得た一方で、今後の研修希望として、解析ソフトの使用方法に関する研修や、解析結果の行政への提供方法に関する情報交換会の開催を望む意見が寄せられた。近畿 ISPS データベースの登録施設数および登録株数は 2017 年度以降、年々減少し、今年度の登録施設数はピーク時の 58%、登録株数は 31%であった。遺伝子型別法として ISPS 法に代わり MLVA が普及していることが主な原因と考えられ、ISPS データベースの今後の運用について再考が必要である。

## 6. 中国四国ブロック

食品由来感染症の広域事例発生時には、症例間の関連性を明らかにするため、各症例由来株の分子疫学解析結果等を各自治体が共有し、病原体分離株の比較・解析を行うことが有用である。地衛研が実施した分子疫学解析結果を用いて各自治体保健衛生部局が適正に解析等を行うには、地衛研における病原体分離株の分子疫学解析手法の技術維持や解析精度・解析能力の向上による精度管理体制の強化が不可欠であり、また、重要となる。そこで、中四国ブロック内の施設を対象に、腸管出血性大腸菌 (EHEC) 0157 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、一部の施設を除いて、ほとんどの施設で良好な結果が得られたが、一部の施設では技術の習熟、改善及び工夫が必要と思われた。また、MLVA 法については、現状、MLVA 法を導入している地衛研は少ないが、MLVA 法を導入する地

方衛生研究所が増加傾向にあり、更に全国的な普及が予想されることから、MLVA 法を導入する施設に対して、技術研修及び本研究成果に基づく MLVA 法導入に係る技術的支援及び導入後の継続的な精度管理の実施が、中四国ブロックにおける検査精度管理体制の強化のためにも必要と考えられた。

令和元年度に中四国ブロックで発生した EHEC による感染事例について、分子疫学解析結果や疫学情報を収集し、食品保健総合情報処理システム (NESFD) の全国の MLVA 情報も参考としながら比較調査した結果、同一の MLVA 型や同一の IS コードの EHEC 菌株による感染事例が複数の自治体で確認されたが、全国的に有症者が発生した焼肉チェーン店が原因施設として疑われる 0157VT2 による集団発生を除いて、中四国ブロック内では同一汚染源による広域的な腸管出血性大腸菌食中毒は認められなかった。

本研究により、菌株解析をおこなう中四国ブロックの地衛研の技術向上が図られたものとする。更には、EHEC 分子疫学解析手法の精度管理実施により、IS-printing System、PFGE 法、MLVA 法によるサーベイランス技術水準の向上に貢献したものとする。

【追加事例報告等：広島市、岡山県】

## 7. 九州ブロック

九州ブロックでは、1) ISPS による IS 型データベースの運用、2) EHEC 検出状況の解析、3) EHEC による集団発生事例の集約及び 4) 精度管理の 4 項目について取り組んだ。

九州ブロックにおける EHEC 0157 の IS 型の登録数は、令和 2 年 2 月 10 日現在で 2,056 件であり、毎年 200 件前後の登録で推移して

いる。令和元年度に九州ブロックで収集された EHEC は 477 株であった。その O 群血清型の内訳は O157 が 246 株と最も多く、O26 が 114 株、O111 が 42 株の順であった。令和元年度の EHEC による集団発生事例は 13 事例であった。その O 群血清型の内訳は、O157 によるものが 7 事例と最も多く、O26 によるものが 5 事例、O111 によるものが 1 事例であった。精度管理は、PFGE を必須項目とし ISPS 及び MLVA については、それぞれの地衛研の実情に合わせて選択項目とした。PFGE 及び ISPS の精度管理において、結果は概ね良好であった。MLVA の精度管理においては、一部誤判定がみられた。今後、EHEC の分子疫学解析手法が MLVA に移行すること、及び地衛研によっては人事異動等で職員の入れ替わりにより技術の継承が困難になっていることを考慮すると、MLVA の継続的な精度管理及び研修が必要と考えられる。

#### 8. 感染研における研究—2

腸管出血性大腸菌のサーベイランスにおける全ゲノム配列 (WGS) 解析の有効性を検証するために、EHEC O157 の WGS 解析を行った。2013 年から 2018 年に分離された 319 株の O157 菌株の WGS 配列を新たに解読し、計 494 株の WGS から単一塩基多型 (SNP) を抽出した。MLVA と SNP の比較を行ったところ、一部の例外を除き、MLVA で同一型または 1 遺伝子座 (アリアル) のみ異なる型では少数の SNP のみ認められることが確認された。また系統解析の結果、解析した菌株の clade は 2, 3, 7, および 8 が大部分を占めた。このうち clade7 においては、亜系統 (subclade) ごとに重症化率が異なっていたため、病原性の違いが示唆された。上記の解析結果をもとに、2019 年に報告された 2 件の国内集団感

染事例について WGS 解析をおこなったところ、いずれの事例においても事例内での SNP は 5 か所以内となっていた。以上のことから、WGS によってより蓋然性の高い分子型別が可能となること、系統が明らかになることによって病原性が予測できる可能性が示された。

#### 9. ブロックアンケート結果

EHEC の分子疫学解析手法 PFGE、ISPS 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。回答総数は 69 であった。PFGE 実施率は 77%、ISPS 実施率は 68%、MLVA 実施率は 55% であった。PFGE、ISPS では若干の低下が、MLVA 法は実施率の増加が見られた (それぞれ 85→77%、84→68%、33→55%)。

#### D. 考察

食品由来感染症において、病因物質である細菌の分離株に対し分子疫学解析手法を駆使し、菌株間のつながりを明らかにすること、そしてその情報を関係機関と共有し、患者の疫学情報と関連させ、事例対応に活用していくことは、感染原因の究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。

本年度も EHEC 分離株の分子疫学解析の結果から、全国及び各ブロックにおいて流行菌型の調査がなされ、食中毒などの行政対応に結び付いた事例が報告された。全体的に大きな流行株は検出されなかったが、多くの広域株が検出された。なかには広域食中毒事例関連株もあった。それぞれの事例対応にあたり病原体の解析結果が活用された。

EHEC においてはこれまで PFGE、ISPS、MLVA が分子疫学解析手法として開発、検討、使用

されてきた。2018年6月29日付に厚生労働省より発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により、EHEC病原体解析手法としてMLVAに統一し、MLVAデータの感染研への送付と型名付与を行う（または分離株を送付しMLVA型を取得）という方向性が示された（0157、026、0111が対象）。

本研究のアンケート結果から、地衛研ではPFGE、ISPSの実施率の減少、MLVAの実施率の上昇が観察された。これは上記事務連絡による影響、本研究班及びさまざまな支援により、MLVAの普及に向けて地衛研が動いていることを示している。MLVAが各地衛研で導入され、病原体解析手法としてルーチン的に機能するには、一層の支援が必要と考えられる。また、データの解析システムの整備、情報共有に向けたシステム整備等も必要と考えられる。各試験法の実施状況はブロックごとに様々であり、また地衛研では毎年担当者の交代が少なからず発生する。本研究班による精度管理の実施、解析手法の検討、研修会等は、各ブロック及び地衛研における病原体解析の体制維持、MLVA普及に向けた能力向上、問題点の共有などの観点から重要な位置を占めており、今後も継続して実施していく必要がある。

本研究班においてはclosed network上にて病原体情報のデータベースを利用するシステム、すなわちパルスネット、ISPSデータベースの構築および運用を進めてきた。しかしながら、病原体解析手法のMLVAへの移行が進みつつあり、MLVAのためのシステム構築が必要と考えられる。現在VPSサーバ上にMLVAシステムを構築中であり、これについては今後実際に運用し、検証を重ねていく

必要がある。

わが国では上記のようにMLVAがEHEC分離株の第一の解析手法として、PFGE、ISPSが第二の選択肢として活用される方向になりつつある。分離菌株の全ゲノム解析を用い、MLVAの結果と比較することで、MLVAの評価を行った。またゲノム解析から系統及び亜系統を同定し、（亜）系統によって病原性の違いが示唆された。2019年11月に検出された広域株においてはゲノム解析を用いてMLVAデータを検証し、ゲノム解析が流行株の解析に活用された。ゲノム解析は最も信頼性の高い病原体解析手法であるが、かかる費用と時間の関係からルーチン化することは難しい。しかしながら、蓋然性の高い解析が可能となり、今後もゲノム解析を使った検討を続けていくことは現行の病原体サーベイランスの性能を理解する点、流行中の病原体の系統を知る点において重要である。

## E. 結論

病原体の分子疫学解析手法における技術開発、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、分子疫学解析手法としてMLVA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。2018年6月に厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により病原体解析手法としてMLVAにシフトする方向性が示された。いくつかの事例ではMLVAデータを直接地衛研と感染研とでやりとりすることで迅速な対応に結び付いた。本研究班並びに各地衛研における努力によってMLVAを実施する地衛研が増えつつあ

る。しかしながら、病原体サーベイランス並びに情報共有システム構築には、病原体解析手法の普及、整備、精度管理、データ解析及び共有のためのシステム構築、技術的及びシステムの問題点の情報収集など多くの課題があり、今後も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。

## F. 健康危険情報

特記事項なし

## G. 研究発表

### 1) 誌上発表

1. Lee K, Izumiya H, Iyoda S, Ohnishi M. Effective surveillance using multilocus variable-number tandem-repeat analysis and whole-genome sequencing for enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157. *Appl Environ Microbiol.* 2019 Sep 1;85(17).
2. 泉谷秀昌、李謙一、伊豫田淳、大西真：2018年に分離された腸管出血性大腸菌のMLVA法による解析。IASR、第40巻、81-82、2019年5月
3. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の分子疫学解析（MLVA法）について。食品衛生学雑誌、第60号第1巻、J-7-8、2019年2月。
4. 泉谷秀昌：広域散发事例探知に向けた取り組み。日本食品微生物学会雑誌、第36巻第1号、10-12、2019年。
5. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌～分子疫学解析を利用した病原体サーベイランス。感染制御と予防衛生、第3巻第2号、75-80、2019年。

### 2) 学会発表等

1. 李謙一、泉谷秀昌、伊豫田淳、大西真：WGS解析によるMLVAの評価と効率的腸管出血性大腸菌 O157 サーベイランス手法の確立。第92回日本細菌学会総会、2019年4月、北海道札幌市
2. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の分子疫学解析について。衛生微生物技術協議会第40回研究会、2019年7月、熊本県熊本市。
3. 泉谷秀昌：MLVA法の概要について。令和元年度特別区専門研修「検査技術」、2019年9月、東京都
4. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌 O157、O26、O111株のMLVA解析について。令和元年度 地域保健総合推進事業 腸管出血性大腸菌 MLVA 技術研修会、2019年11月、東京都
5. 泉谷秀昌、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：2018年における腸管出血性大腸菌のMLVAによる分子疫学解析。第40回日本食品微生物学会学術総会、2019年11月、東京都
6. 小西典子、原田幸子、尾畑浩魅、河村真保、山梨敬子、小野明日香、齊木大、前田雅子、赤瀬悟、門間千枝、畠山薫、鈴木淳、貞升健志：2018年に東京都で分離された腸管出血性大腸菌の特徴と食中毒事例、第23回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2019年11月、愛媛県松山市
7. 小西典子、河村真保、尾畑浩魅、山梨敬子、小野明日香、原田幸子、齊木大、前田雅子、赤瀬悟、門間千枝、畠山薫、鈴木淳、貞升健志：東京都内で発生した腸管出血性大腸菌 O121 による食中

毒事例とその検査法、第 31 回日本臨床微生物学会総会学術集会、2020 年 2 月、石川県金沢市

8. 長岡宏美、大越魁、鈴木香菜、小川紋、水元嗣郎、森主博貴、神田隆、岩佐浩行、山田裕貴、中嶋郁子、岩佐裕子、久川祐稔：Diffuse outbreak が疑われた VT 産生 O145 による胃腸炎事例、第 32 回地方衛生研究所全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会研究会、2020 年 2 月埼玉県さいたま市
9. 若林友騎、原田哲也、河合高生、高橋佑介、梅川奈央、泉谷秀昌、川津健太郎：単回帰分析を用いた EHEC MLVA のリピート数決定法の検討。第 23 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2019 年 11 月、愛媛県松山市
10. 若林友騎、高橋佑介、梅川奈央、原田哲也、河原隆二、余野木伸哉、河合高生、川津健太郎：EHEC MLVA 検査体制の確立と大阪府内分離株の解析。令和元年度地方衛生研究所全国協議会近畿支部細菌部会研究会、2019 年 11 月、和歌山県

#### 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