

厚生労働科学研究費補助金（健康安全・危機管理対策総合研究事業）  
公衆浴場等におけるレジオネラ発生防止及び衛生管理の推進のための研究  
研究代表者 泉山信司 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所寄生動物部

#### 分担研究報告書

#### *Legionella pneumophila* ST23 ならびに ST89 の分子疫学解析

研究分担者 佐伯 歩 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 細菌第一部  
研究分担者 前川純子 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 細菌第一部

#### 研究要旨：

本研究は、*Legionella pneumophila*国内臨床分離株の全ゲノムデータの蓄積と解析手法の確立を目的とする。今年度は、国内で臨床からの分離頻度の高い遺伝子型(ST)であるST23ならびにST89の菌株の全ゲノム解析を行なった。方法として、ゲノムシーケンサーで各分離株のショートリードを読み取り、解析パイプラインである SNPcasterを用い、各STごとに解析を行なった。結果として、疫学的に関連のある株の2株間SNP数は、疫学的に関連のない菌株間よりも少なく、SBT法では区別できないST23、ST89を高解像に識別できた。Gubbins処理の有無で2株間SNP数を比較したところ、いずれのSTでも、Gubbinsあり（組換え領域を解析から除く）よりも、Gubbinsなし（組換え領域を解析に含める）で、識別能が高かった。ST89は、疫学的に関連がないと考えられる株間でSNPが数個となる場合が多く存在し、ST23よりも多様性に乏しかった。ST89の感染源調査は、より注意が必要と考えられた。今後、国内で多く分離される他のSTの特徴を明らかにして、次の感染源調査に備えることが重要と考えられた。

#### A. 研究目的

レジオネラ症の主要な起因菌である *L. pneumophila* は、土壌、浴槽水など環境中に広く生息している。レジオネラ症患者の感染源を特定するには、患者から菌株を分離し、感染源が疑われる入浴施設などからの環境分離株をスクリーニングし、血清群が一致した菌株について、遺伝子解析を行い、その同一性を確認する。

Sequence-based typing (SBT)法による遺伝子型別がよく用いられるが、高頻度に分離される遺伝子型(ST)では、感染源特定の判断が困難となるため、他の分子疫学解析手法と合わせて調査する必要がある。Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE)は、このようなSTの菌株の識別に用いられてきたが、操作が煩雑である

こと、製造やサポートが終了すること、近年は次世代シーケンサーが普及していることがあり、分子疫学全般がPFGEから全ゲノム解析に移行しつつある。実際、全ゲノム解析は高い解像度を持つ識別性の高い手法であることが示されており、レジオネラ属菌の分子疫学においても整備が課題となっている<sup>1,2)</sup>。*L. pneumophila*のゲノムは組み換えが頻繁に起こりやすいことが知られており<sup>3,4)</sup>、全ゲノム解析においては、組換え領域を解析に含めるかどうか等、解析手法の検討を行う必要がある<sup>5,6,7)</sup>。

ST23 ならびに ST89 は、国内で臨床から高頻度に分離されるSTである<sup>8,9)</sup>。ST23は、散发事例や集団感染事例を引き起こし、国内では2000年、2002年、2015年に発生した公衆浴場集団感染事例の起因菌でもあった。さらに、冷

却塔水を感染源とした事例も存在するが、散発事例での感染源は不明なことが多い<sup>8,10)</sup>。ST89は、2事例の入浴施設を感染源とした PFGE 確定例（うち1例は複数 ST の株の感染事例）の他、入浴施設や運送業・建設解体業、畑仕事等を推定感染源とする散発事例を引き起こしているが、感染源は不明なことが多い<sup>8,11)</sup>。

本研究では、*L. pneumophila*国内臨床分離株の全ゲノムデータの蓄積と解析手法の確立を目的として、ST23ならびにST89の菌株の全ゲノム解析を行い、菌株間の相違を検証した。

## B. 研究方法

### 1. 菌株

ST23 の菌株は、2000 年から 2023 年までに日本国内で分離された *L. pneumophila* ST23 の 78 株（臨床分離株 61 株ならびに環境分離株 17 株）を用いた。

ST89 の菌株は、2006 年から 2024 年までに日本国内で分離された *L. pneumophila* ST89 の 83 株（臨床分離株 46 株ならびに環境分離株 37 株）を用いた。

### 2. ゲノム解析

菌株の DNA は、MagMAX™ DNA Multi-Sample Ultra 2.0 Kit (Thermo Fisher Scientific) ならびに KingFisher Duo Prime (Thermo Fisher Scientific) を用いて抽出した。QIAseq FX DNA Library kit (QIAGEN) を用いて DNA ライブラリを調製後、MiSeq (Illumina) あるいは NovaSeq (Illumina) を用いてリードデータを取得した。

SNP 解析は、BactSNP を主体としたパイプラインである SNPcaster (<https://github.com/leechrr/SNPcaster>)<sup>12)</sup>を用い、各 ST ごとに解析を行った。すなわち、BactSNP で各株の SNP をコール後、snippy を用いてコアゲノム SNP (リピート領域は除去) を抽出した。組み換え領域の除去には、Gubbins<sup>13)</sup>を用いた。リファレンス配列は、ST23 の解析に *L. pneumophila* strain ST23 (GenBank accession. No. LT632615) のゲノム配列、ST89 の解析に ST89 の国内臨床分離株の一つである NIIB3707 配列を用いた。こ

の目的のために、MinION (ONT) でシーケンシングを行い、Illumina のショートリードと ONT のロングリードのハイブリッドアセンブリ (Hybracter) により、NIIB3707 のコンプライートゲノム配列を決定した。抽出した SNP を基に iTOL (<https://itol.embl.de/>)を用いて系統樹を作成した。

(倫理面への配慮)

本研究は、国立感染症研究所の病原体取扱管理規定にしたがった。開示すべき企業からの経済的利益は受けていない。

## C. 研究結果

### (1) ST23 のゲノム解析

*L. pneumophila* ST23 の 78 株の SNP について、Gubbins あり（組み換え領域の除去を行なった場合）と Gubbins なし（行わない場合）を比較した。全ゲノム配列による系統樹を図 1 ならびに図 2 に示した。Gubbins なしの場合、コアゲノムサイズは 2,910,351 bp、ゲノムカバー率は 85%であったのに対し、Gubbins ありの場合、コアゲノムサイズは 1,024,465 bp、ゲノムカバー率は 30%まで減少した。Gubbins なしの場合、2 株間 SNP 数は 0~13,114 の範囲であったのに対し（表 1）、Gubbins ありは 0~1,050 と減少した（表 2）。

Gubbins なしの場合、疫学的に関連のある株（確定または推定）の 2 株間 SNP 数は 0~2 の範囲であった。また、疫学的に関連がないと考えられる株間で 2 株間 SNP 数が 0~2 の範囲の組み合わせが 10 組存在した（疫学的な関連はないが、2 株間 SNP 数が少なく、同一感染源が存在した可能性、あるいは近縁のレジオネラが地域に定着していた可能性が示唆されたため、同一都道府県内での散発事例を除く）（表 1）。

一方、Gubbins ありの場合、疫学的に関連のある株（確定または推定）の 2 株間 SNP 数は 0~1 の範囲であった。また、疫学的に関連がないと考えられる株間で 2 株間 SNP 数が 0~1 の範囲の組み合わせが 273 組と多数あることを認めた（表 1 と同様のため、同一都道府県内で

の散発事例を除く) (表 2)。

## (2) ST89 のゲノム解析

*L. pneumophila* ST89 の 83 株の SNP を、Gubbins の有無で比較した。全ゲノム配列による系統樹を図 3 ならびに図 4 に示した。

Gubbins なしの場合、コアゲノムサイズは 2,932,614 bp、ゲノムカバー率は 85%であったのに対し、Gubbins ありの場合、コアゲノムサイズは 2,445,467 bp、ゲノムカバー率は 70%と減少した。Gubbins なしの場合、2 株間 SNP 数は 0~4,248 の範囲であったのに対し (表 3)、Gubbins ありの場合、0~27 と減少した (表 4)。

Gubbins なしの場合、疫学的に関連のある株 (確定または推定) の 2 株間 SNP 数は 0~3 の範囲であった。また、疫学的に関連がないと考えられる株間で 2 株間 SNP 数が 0~3 の範囲の組み合わせが 139 組と、割と多く存在した (表 3)。

Gubbins ありの場合も、疫学的に関連のある株 (確定または推定) の 2 株間 SNP 数は 0~3 の範囲であった。また、疫学的に関連がないと考えられる株間で 2 株間 SNP 数が 0~3 の範囲の組み合わせが 392 組と多数であった (表 4)。

## D. 考察

本研究では、*L. pneumophila* ST23 ならびに ST89 について全ゲノム解析を行った。これらの ST は高頻度に分離され、SBT 法のみでは菌株の異同の識別が困難となる。本研究では SNP 解析でこれを補おうとしたが、解析手法の選択や ST 型の特徴によっては、解像度の不足が懸念される場面があった。

*L. pneumophila* のゲノムは組み換えが頻繁に起こりやすく<sup>3,4)</sup>、組み換えが解析に影響しないように Gubbins で組み換え領域を除外したうえで、SNP 解析を行うことが当初の解析パイプラインであった。ただし、この処理によって SNP 検出を行うゲノムカバー率が大きく減少することがあり、それは解像度の低下につながる。本研究では、Gubbins 処理の有無による解像度の違いを明らかにすべく、Gubbins なしと Gubbins ありの場合で、各分離株の 2 株間 SNP

数を検証した。

ST23 の解析では、Gubbins なしの場合、ゲノムカバー率は 85%であり、疫学的に関連のある株の 2 株間 SNP 数は 0~2 の範囲となり、疫学的に関連のない菌株間の範囲よりも小さく (疫学的に関連がないと考えられる株間での SNP 数が 2 以下のものも 10 組存在)、従来の SBT 法では区別できなかった菌株を区別し、全ゲノム解析は ST23 の菌株の識別に有用であった。一方で、Gubbins ありの場合では、ゲノムカバー率はわずか 30%と小さかった。疫学的に関連がない株間の SNP 数は、1 以下が 273 組も存在し、菌株の識別が困難であった。

ST89 の解析では、Gubbins なしの場合、ゲノムカバー率は 85%、疫学的に関連のある株の 2 株間 SNP 数は 0~3 の範囲であった。疫学的に関連がない株間の SNP 数が 3 以下のものも 139 組も存在し解像度は不足する傾向であったが、SBT 法では区別できなかった菌株を区別し、全ゲノム解析は ST89 の菌株の識別に有用であった。一方、Gubbins ありの場合、ゲノムカバー率が 70%と若干の減少で済んだにも関わらず、疫学的に関連がないと考えられる株間の SNP 数が 3 以下のものが 392 組も存在し、Gubbins なしの場合より識別能が低下した。

以上より、ST23 と ST89 の菌株の SNP 解析においては、Gubbins なしの方が、Gubbins ありの場合よりも、SNP 検出を行うゲノムカバー率が大きいことが明らかとなった。また、Gubbins ありの場合、Gubbins なしの場合よりも疫学的に関連がないと考えられる株間で、SNP が数個となるケースが多くあったことから、Gubbins なしの方が識別能が高いことが明らかとなった。

また、ST89 の解析では、Gubbins 処理の有無にかかわらず、疫学的に関連がないと考えられる株間で SNP が数個となるケースが多くあった。すなわち、ST89 は ST23 と比較して、多様性に乏しく、感染源調査においてはより注意する必要があると考えられた。

このように、国内で多く分離される ST 型の

特徴を事前に明らかにしておくことで、次の感染源調査に備えることが重要と考えられた。

#### E. 結論

全ゲノム解析により、SBT 法による型別では区別できない ST23、ST89 を高解像に識別できた。いずれの ST でも Gubbins あり（組換え領域を解析から除く）よりも、Gubbins なし（組換え領域を解析に含める）の識別能が高かった。しかし、ST89 は ST23 よりも多様性に乏しく、より注意する必要があると考えられた。

#### F. 参考文献

- 1) David S, Mentasti M, Tewolde R, Aslett M, Harris SR, Afshar B, Underwood A, Fry NK, Parkhill J, Harrison TG. Evaluation of an Optimal Epidemiological Typing Scheme for *Legionella pneumophila* with Whole-Genome Sequence Data Using Validation Guidelines. J Clin Microbiol 54: 2135-2148, 2016.
- 2) Raphael BH, Baker DJ, Nazarian E, Lapierre P, Bopp D, Kozak-Muiznieks NA, Morrison SS, Lucas CE, Mercante JW, Musser KA, Winchell JM. Genomic Resolution of Outbreak-Associated *Legionella pneumophila* Serogroup 1 Isolates from New York State. Appl Environ Microbiol 82: 3582-3590, 2016.
- 3) Haas W, Lapierre P, Musser KA. A Bioinformatic Pipeline for Improved Genome Analysis and Clustering of Isolates during Outbreaks of Legionnaires' Disease. J Clin Microbiol 59(2): e00967-20, 2021.
- 4) Qin T, Zhang W, Liu W, Zhou H, Ren H, Shao Z, Lan R, Xu J. Population structure and minimum core genome typing of *Legionella pneumophila*. Sci Rep 6: 21356, 2016.
- 5) 金谷潤一、磯部順子、稲窪 大治. レジオネラ症の感染源調査のための迅速・簡便な検査法の開発. 厚生労働科学研究費補助金 健康安全・危機管理対策総合研究事業「公衆浴場の衛生管理の推進のための研究」令和 4 年度総括・分担研究報告書 研究代表者：泉山信司:90-97, 2023.
- 6) 佐伯歩、前川純子. *Legionella pneumophila* ST23 臨床分離株の分子疫学解析. 厚生労働科学研究費補助金 健康安全・危機管理対策総合研究事業「公衆浴場の衛生管理の推進のための研究」令和 6 年度総括・分担研究報告書 研究代表者：泉山信司:294-300, 2025.
- 7) 中西典子、野本竜平、小松頌子、藤永千波、平塚貴大. 分子疫学解析法の活用と環境水における NGS を用いた網羅的解析. 厚生労働科学研究費補助金 健康安全・危機管理対策総合研究事業「公衆浴場の衛生管理の推進のための研究」令和 6 年度総括・分担研究報告書 研究代表者：泉山信司:301-310, 2025.
- 8) Amemura-Maekawa J, Kura F, Chida K, Ohya H, Kanatani J, Isobe J, Tanaka S, Nakajima H, Hiratsuka T, Yoshino S, Sakata M, Murai M, Ohnishi M. *Legionella pneumophila* and Other *Legionella* species Isolated From Legionellosis Patients in Japan between 2008 and 2016. Appl Environ Microbiol 84: e00721-18, 2018.
- 9) 佐伯歩、前川純子、明田幸宏. *L. pneumophila* の分子疫学解析. IASR 45:124-125, 2024.
- 10) 病院内冷却塔からのレジオネラ感染疑い事例—福岡市. 松田正法、重村久美子、徳島智子、吉田英弘、佐藤正雄. 廣瀬みよ子 門司慶子. 石津尚美. 竹中章、前川純子. IASR 36:13-14, 2015.
- 11) 同一利用施設（フィットネスクラブ）で感染したレジオネラ症の 2 例—新潟市. 新潟市保健所、新潟市衛生環境研究所（旧新潟市衛生試験所）. IASR 28: 144-145, 2007.
- 12) Lee K, Iguchi A, Uda K, Matsumura S, Miyairi I, Ishikura K, Ohnishi M, Seto J, Ishikawa K, Konishi N, Obata H, Furukawa I, Nagaoka H, Morinushi H, Hama N, Nomoto R, Nakajima H, Kariya H, Hamasaki M, Iyoda S. Whole-genome

- sequencing of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* OX18 from a fatal hemolytic uremic syndrome case. *Emerg Infect Dis* 27:1509-1512. 2021.
- 13) Croucher NJ, Page AJ, Connor TR, Delaney AJ, Keane JA, Bentley SD, Parkhill J, Harris SR. Rapid phylogenetic analysis of large samples of recombinant bacterial whole genome sequences using Gubbins. *Nucleic Acids Res* 43(3):e15. 2015.
  - 14) David S, Afshar B, Mentasti M, Ginevra C, Podglajen I, Harris SR, Chalker VJ, Jarraud S, Harrison TG, Parkhill J. Seeding and Establishment of *Legionella pneumophila* in Hospitals: Implications for Genomic Investigations of Nosocomial Legionnaires' Disease. *Clin Infect Dis* 64: 1251-1259, 2017.
- G. 研究発表
1. 紙上発表
    - 1) Hiratsuka T, Nakanishi N, Akita H, Masuda K, Komatsu S, Nomoto R, Amemura-Maekawa J. A large outbreak investigation of Legionnaires' disease associated with a public bath facility in Hiroshima, Japan, using PFGE, SBT, MLVA, and whole-genome sequencing. *Int J Med Microbiol*. 2025 Nov 1;321:151680. doi: 10.1016/j.ijmm.2025.151680.
    - 2) Shimbashi R, Arima Y, Yahara K, Masutani M, Kasamatsu A, Fukusumi M, Kajihara T, Arashiro T, Takahashi T, Otsuka M, Kobayashi Y, Komase K, Tsuchihashi Y, Chang B, Amemura-Maekawa J, Sunagawa T, Suzuki M, Aakeda Y. A pluralistic approach to interpreting surveillance data: The likely decline in the occurrence of invasive pneumococcal disease in Japan during the COVID-19 pandemic. *Ann Epidemiol*. 2025, 108:63-70.
    - 3) 淀谷雄亮, 西里恵美莉, 小嶋由香, 佐々木麻里, 蔡国喜, 井原基, 田栗利紹, 柳本恵太, 緒方喜久代, 武藤千恵子, 梅津萌子, 高久靖弘, 山口友美, 前川純子. 浴槽水等のレジオネラ属菌検査におけるレジオラート/QT法と平板培養法の比較検討. *日本防菌防黴学会誌*. 53(1), 3-8, 2025.
    - 4) 前川純子. レジオネラ症の概要、発生動向、発生防止の対策等について. *公衆衛生情報*, 55(3), 4-5, 2025.
  2. 学会発表
    - 1) 細川賢人、田中孝典、山田耕造、藤井志子、山本哲司、泉山信司、前川純子. 循環ろ過式浴槽の新規・省力化配管洗浄法の検討. *日本温泉科学会第78回大会*. 2025年9月. 東京.
    - 2) 中臣昌広、井上浩章、前川純子、金谷潤一、大島萌愛. 令和6年能登半島地震の津波被災地の泥及び奥能登豪雨被災地の泥から検出されたレジオネラ属菌について. *日本防菌防黴学会 第52回年次大会*. 2025年9月. 三重.
  3. 研修会
    - 1) 前川純子：レジオネラ対策. 専門課程 I 保健福祉行政管理分野分割前期・専門課程 III 地域保健福祉専攻科. 2025年5月. Web 対応.
    - 2) 前川純子：レジオネラ属菌の検査と対策. 令和7年度 短期研修 環境衛生監視指導研修. 2025年11月. Web 対応.
    - 3) 佐伯歩：レジオネラ症・検査法の総論. 令和7年度 新興再興感染症技術研修. 2025年11月.
    - 4) 前川純子：レジオネラについて. 第37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. 2026年1月.
    - 5) 佐伯歩：レジオネラ. 令和7年度 希少感染症・重点感染症診断技術研修会. 2026年2月. Web 対応.
- H. 知的財産権の出願・登録状況  
なし

表1. ST23型 78株の2株間SNPの組合せ（Gubbinsなし）

| 2株間SNPs   | 組合せ（組） | （うち疫学的に関連あり） | （うち疫学的に関連なし）           |
|-----------|--------|--------------|------------------------|
| 0         | 112    | 66           | 46（うち46組は同一都道府県での散発事例） |
| 1         | 20     | 17           | 3                      |
| 2         | 9      | 1            | 8（うち1組は同一都道府県での散発事例）   |
| 3         | 20     | 0            | 20                     |
| 4         | 18     | 0            | 18                     |
| 5         | 24     | 0            | 24                     |
| 6-10      | 24     | 0            | 24                     |
| 11-13,114 | 2776   | 0            | 2776                   |

表2. ST23型 78株の2株間SNPの組合せ（Gubbinsあり）

| 2株間SNPs  | 組合せ（組） | （うち疫学的に関連あり） | （うち疫学的に関連なし）            |
|----------|--------|--------------|-------------------------|
| 0        | 207    | 83           | 124（うち46組は同一都道府県での散発事例） |
| 1        | 197    | 1            | 196（うち1組は同一都道府県での散発事例）  |
| 2        | 199    | 0            | 199                     |
| 3        | 447    | 0            | 447                     |
| 4        | 488    | 0            | 488                     |
| 5        | 284    | 0            | 284                     |
| 6-10     | 794    | 0            | 794                     |
| 11-1,050 | 387    | 0            | 387                     |

表3. ST89型 83株の2株間SNPの組合せ（Gubbinsなし）

| 2株間SNPs  | 組合せ（組） | （うち疫学的に関連あり） | （うち疫学的に関連なし） |
|----------|--------|--------------|--------------|
| 0        | 476    | 475          | 1            |
| 1        | 115    | 97           | 18           |
| 2        | 49     | 7            | 42           |
| 3        | 86     | 8            | 78           |
| 4        | 160    | 0            | 160          |
| 5        | 376    | 0            | 376          |
| 6-10     | 894    | 0            | 894          |
| 11-4,248 | 1247   | 0            | 1247         |

表4. ST89型 83株の2株間SNPの組合せ（Gubbinsあり）

| 2株間SNPs | 組合せ（組） | （うち疫学的に関連あり） | （うち疫学的に関連なし） |
|---------|--------|--------------|--------------|
| 0       | 512    | 506          | 6            |
| 1       | 100    | 68           | 32           |
| 2       | 79     | 5            | 74           |
| 3       | 288    | 8            | 280          |
| 4       | 433    | 0            | 433          |
| 5       | 591    | 0            | 591          |
| 6-10    | 997    | 0            | 997          |
| 11-27   | 403    | 0            | 403          |

リファレンス: ST23  
(NZ\_LT632615.1)

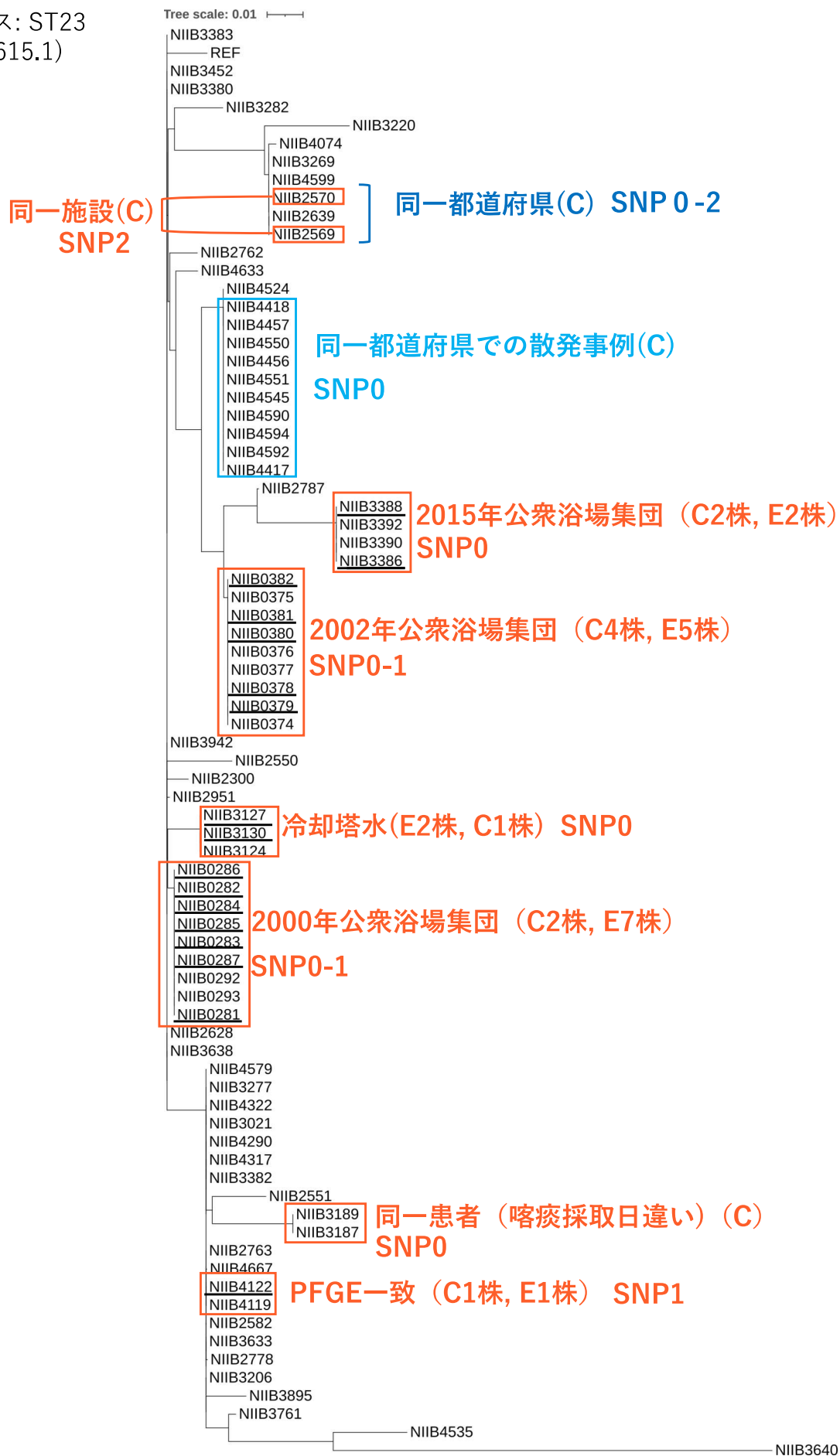


図1. *L. pneumophila* ST23 78株の全ゲノム配列による系統樹 (Gubbinsなし)  
菌株名に下線があるのは環境分離株 (E)、下線のないものは臨床分離株 (C)。

リファレンス: ST23  
(NZ\_LT632615.1)

Tree scale: 0.01

REF

NIIB3127  
NIIB3130  
NIIB3124

冷却塔水(E2株, C1株) SNP0

NIIB2951  
NIIB3633  
NIIB2551  
NIIB3383  
NIIB2762  
NIIB4524

NIIB4418  
NIIB4590  
NIIB4457  
NIIB4551  
NIIB4545  
NIIB4594  
NIIB4550  
NIIB4456  
NIIB4592  
NIIB4417

同一都道府県での散発事例(C)  
SNP0

NIIB2628  
NIIB4290  
NIIB3382  
NIIB3638  
NIIB3761

NIIB3189  
NIIB3187

同一患者（喀痰採取日違い）（C）SNP0

NIIB4667  
NIIB4579  
NIIB4074  
NIIB3021  
NIIB2763  
NIIB3895  
NIIB4317  
NIIB3269  
NIIB3380  
NIIB3206  
NIIB4633  
NIIB4322  
NIIB3277  
NIIB3942  
NIIB2300  
NIIB2550

NIIB4122  
NIIB4119

PFGE一致（C1株, E1株）SNP0

NIIB0282  
NIIB0285  
NIIB0293  
NIIB0286  
NIIB0284  
NIIB0292  
NIIB0283  
NIIB0287  
NIIB0281

2000年公衆浴場集団（C2株, E7株）  
SNP0

NIIB4599  
NIIB2582  
NIIB3452  
NIIB3282  
NIIB2778

NIIB2570  
NIIB2639  
NIIB2569

SNP1 同一施設(C)

同一都道府県(C) SNP 0 -1

NIIB3220

NIIB4535

NIIB3640

NIIB2787  
NIIB3388  
NIIB3390  
NIIB3392  
NIIB3386

2015年公衆浴場集団（C2株, E2株）  
SNP0

NIIB0375  
NIIB0376  
NIIB0380  
NIIB0382  
NIIB0381  
NIIB0379  
NIIB0378  
NIIB0377  
NIIB0374

2002年公衆浴場集団（C4株, E5株）  
SNP0

図2. *L. pneumophila* ST23 78株の全ゲノム配列による系統樹（Gubbinsあり）  
菌株名に下線があるのは環境分離株（E）<sub>78</sub>、下線のないものは臨床分離株（C）。

リファレンス:  
 NIIB3707  
 (ST89の国内臨床  
 分離株)

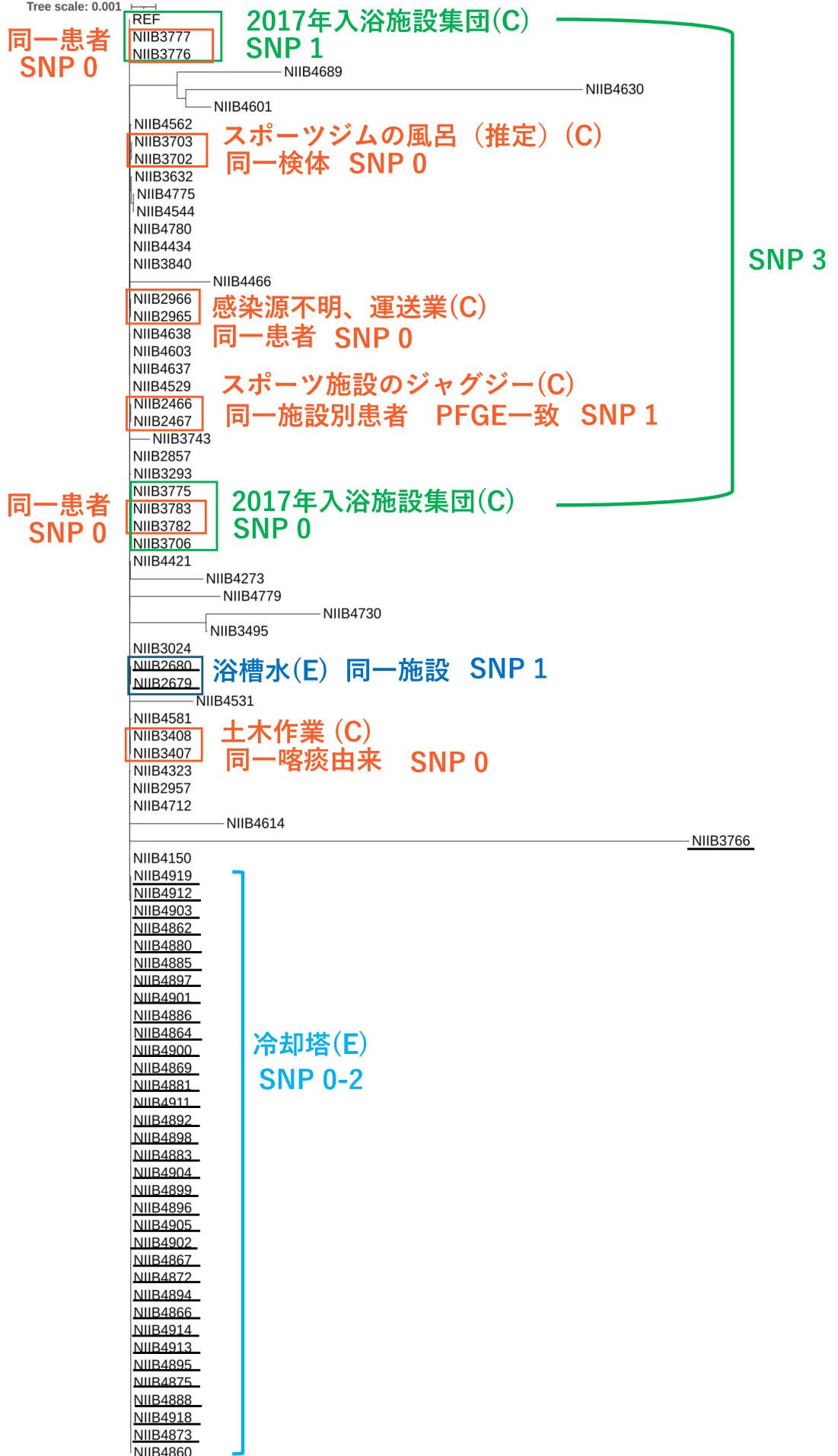


図3. *L. pneumophila* ST89 83株の全ゲノム配列による系統樹 (Gubbinsなし)  
 菌株名に下線があるのは環境分離株 (E)、下線のないものは臨床分離株 (C)。

リファレンス:  
 NIIB3707  
 (ST89の国内臨床  
 分離株)

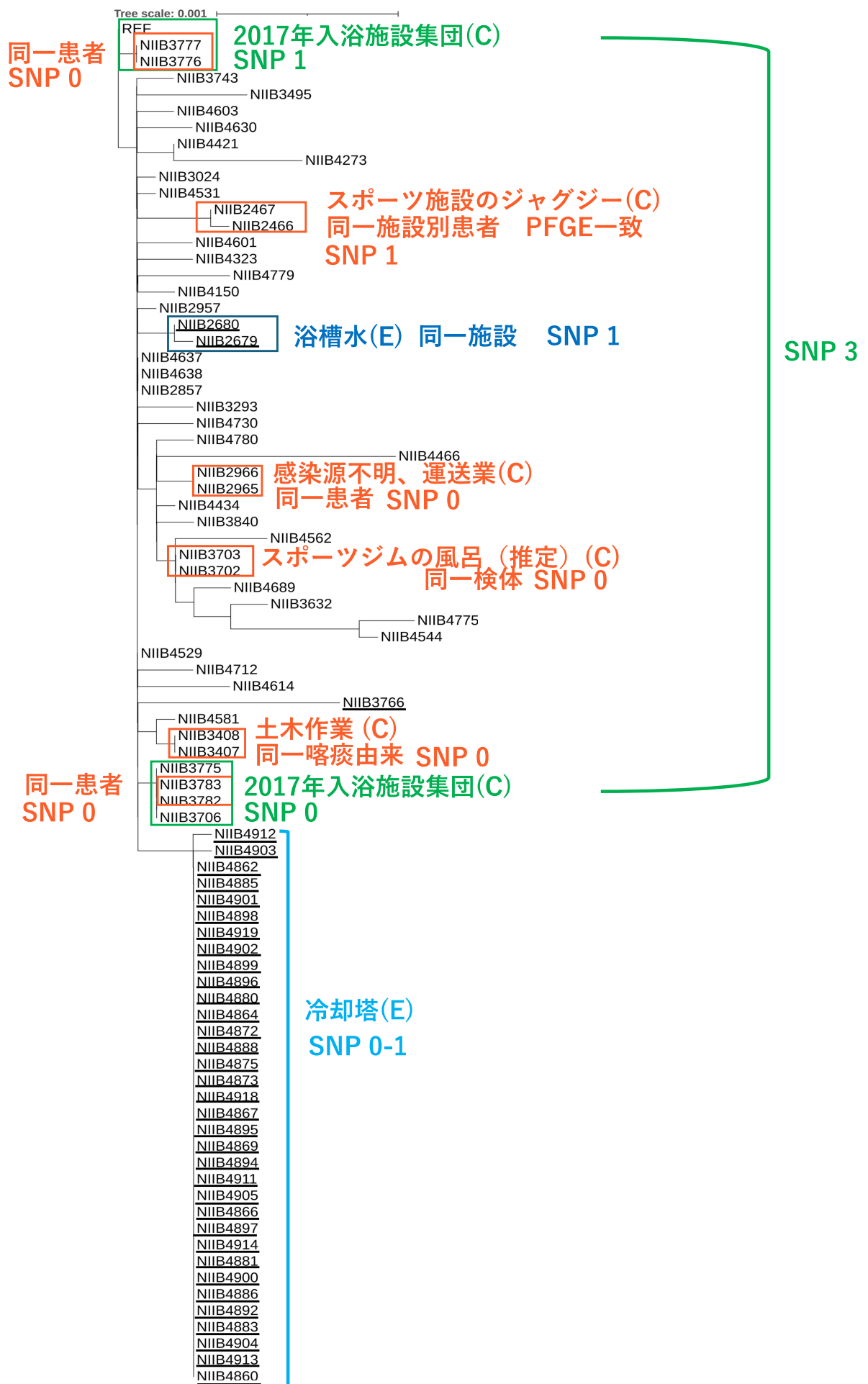


図4. *L. pneumophila* ST89 83株の全ゲノム配列による系統樹 (Gubbinsあり)  
 菌株名に下線があるのは環境分離株 (E)<sup>80</sup>、下線のないものは臨床分離株 (C)。