

平成 21 年 3 月 31 日現在

研究種目：基盤研究（B）
 研究期間：2006～2008
 課題番号：18405038
 研究課題名（和文） ロドコッカス・エクイ感染症の生物地理学：モンゴルと中国にその起源と伝播過程を探る
 研究課題名（英文） Biogeography of *Rhodococcus equi* infections in domestic animals: origin and route of transmission of the virulent *R. equi* from Mongolia and China to Japan
 研究代表者 高井 伸二 (TAKAI SHINJI)
 北里大学・獣医学部・教授
 研究者番号：80137900

研究成果の概要：

平成 14～16 年度科学研究費海外学術調査“動物の移動・定着に伴う病原体の伝播に関する分子疫学調査”は、1) 韓国済州島の済州馬由来分離株の中に日本の木曾馬と同じ病原性プラスミド型 (90kb II 型) と韓国特有の新しい型 (90kb V 型) が見いだされ、確かに韓国から日本にこの病原細菌も馬と共に渡来したことが実証された。2) 中国の調査では、内蒙古自治区のホロンバイル草原とシリングル草原の馬とその飼育環境からロドコッカス・エクイを分離することはできたが、全てが無毒株であった。さらに、3) モンゴル・ウランバートル近郊の遊牧民の馬とその飼育環境からの菌分離を試みたが全く分離されなかった。モンゴルの子馬からロドコッカス・エクイが全く分離できなかったという「真実の意外性」は、病原細菌と宿主（馬）との出会いを再考する一石となった。感染症とは過去のある時代、地球上のどこかで、それまで相互に無縁に近い存在であった生物が偶然生活場所を重ね、その結果、一方は病原微生物に進化し、他方は一方的に害を受ける側の宿主になったものと理解される。その進化した病原微生物がロドコッカス・エクイ強毒株であり、感受性宿主が子馬であると考えていた。本研究では、ウランバートル近郊の子馬からロドコッカス・エクイが存在しないことが、モンゴル全土の馬にも普遍的であるといえるかを明らかにすることであり、スクリーニングとして馬血清中のロドコッカス・エクイ特異抗体の調査、抗体陽性地域の菌分離と病原性更には遺伝子型調査を実施した。驚くべきことに、日本・韓国では全く分離されなかった 85-kbI 型プラスミドがモンゴル Selenge 県の馬糞便から分離され、それがオランダの強毒株のパルス型と類似していた。分離された強毒株とオランダ分離株の Vap family 遺伝子の塩基配列の解析を行い、この領域の配列が良く保存されていることが明らかとなった。

交付額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2006 年度	1,700,000	510,000	2,210,000
2007 年度	1,600,000	480,000	2,080,000
2008 年度	1,600,000	480,000	2,080,000
年度			
年度			
総計	4,900,000	1,470,000	6,370,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：応用獣医学

キーワード：*Rhodococcus equi*、病原性プラスミド、モンゴル、伝播経路、強毒株、馬、感染症、起源、進化

1. 研究開始当初の背景

ロドコッカス・エクイ (*Rhodococcus equi*) は子馬の化膿性肺炎の起因菌で、獣医学領域では古くから知られた病原細菌である。本菌感染症は膿瘍形成を伴う化膿性肺炎、腸管附属リンパ節炎並びに腹腔膿瘍を主徴とし、子馬が1-3ヶ月齢時のみに発症する感染症である。我が国においても世界各地の軽種馬生産地と同様に、毎年晩春から夏に発生し、長期間の治療を必要とする経済的損失の最も大きい細菌感染症で、生産地では依然として問題となっている。近年ヒト AIDS 患者の日和見感染症として症例数が急増し、我が国でも2004年にヒト HIV 感染患者で初発し、人獣共通感染症としても注目されている。

私たちはこれまで、ロドコッカス・エクイの病原性発現機構、診断法、感染免疫、疫学などの研究を通して、2種類の病原性プラスミド存在し、それが2つの強毒と中等度毒力という毒力レベルを規定し

(*J. Clin. Microbiol.* 1991, *Infect. Immune.* 1991, *J. Infect. Dis.* 1995)、馬と豚にそれぞれの毒力株が棲み分けをしていることを明らかにしてきた (*Vet. Microbiol.* 1997)。さらに、病原性プラスミドの全塩基配列の決定

(*Infect. Immun.* 2000)に基づくプラスミドのゲノム情報から、本菌の分子疫学の世界を展開してきた (*J. Clin. Microbiol.* 1999,

Vet. Microbiol. 2001, *J. Vet. Med. Sci.* 2003,

CIMID, 2005 等)。世界各地から本菌感染子馬由来の強毒株と豚或いは AIDS 患者由来の中

等度毒力株を分与頂き我が国の馬生産地から分離した強毒株の病原性プラスミド DNA の制限酵素切断像と比較検討を行ったところ、現時点で、強毒株の病原性プラスミドには12

種類のプラスミド型が存在することが明らかとなった (CIMID, 2005)。これらの分布は、地域特異性があり、ヨーロッパ・アメリカ・オセアニアで認められる6種類の病原性プラスミド型 (85kb の I-IV 型、87kb I 型と III 型) と、日本と韓国でのみ認められる病原性プラスミド型 (87kb II 型と 90kb の I-V 型) の6

種類である。この分布の地域特異性から海外学術調査によって、これら全ての病原性プラスミドが存在する場所があるのではとの作業仮説を立て、強毒株の故郷を日本在来馬或いは中国・韓国在来馬の祖先であるモンゴル馬に求めた。このような考え方の背景には、病原性プラスミドの全塩基配列から、病原性プラスミドは、GC 含量が異なる大きな遺伝子挿入部位 (病原性遺伝子群=毒力関連抗原遺伝子ファミリー (Vap family) を含んでいるので Pathogenicity island と名付けた) を持つキメラ構造が明らかとなり

(*Infect. Immun.* 2000)、そのキメラ構造の成り立ちを解明する為の平成 16-18 年基盤研究 (B) (一般) 「ロドコッカス・エクイ病原性プ

ラスミドの Pathogenicity Island-病原体の進化と分子疫学-」の研究から、プラスミド型の多型性の成立には単純な塩基の点変異だけではなく、遺伝子の欠失と挿入というダイナミックな遺伝子の水平伝播があることが明らかとなった。この進化を考えていくと、古墳時代前後 (5-6 世紀) に馬が我が国に伝播した時間的な経過と、ロドコッカス・エクイが病原性プラスミドを獲得して、さらに進化して多型性を持つように至る時間経過は、明らかに時間のオーダーが異なるものと推測された。つまり、プラスミドの多型性が日本の在来馬の中で生まれたのではなく、異なるプラスミド型をもつ強毒株が日本に馬と共に伝播したと考えるのが妥当である。踏み込んで考えれば、馬と密接な関係があると思われたロドコッカス・エクイ強毒株は、現代馬がどこかの地で、新興感染症のように、偶然の出会いがあったのではないかと考えている。さらに、4000 年前の馬の家畜化に伴って、人と一緒に移動し、全世界に拡散したのではないかと考えている。モンゴルでは無毒株も存在しないということは、本菌の汚染を受けていない馬の集団と、汚染を受けた集団が存在することを示唆している。これは病原細菌と宿主の関係がどのように形成されていったのかを考える普遍的なモデルにもなるのであろう。平成 16-18 年基盤研究 (B) (一般) 「ロドコッカス・エクイ病原性プラスミドの Pathogenicity Island-病原体の進化と分子疫学-」では、病原性プラスミドの進化は、馬ではなく、土壤中本菌が捕食者である原生動物 (アメーバなど) からのサバイバル戦略として、本菌が長時間をかけて獲得していったものではないかと考え、自由生活性アメーバである *Acanthamoeba castellanii* と *A. polyphaga* を用いた食菌・殺菌試験を検討し、興味ある知見を得ている。食菌試験の結果、ロドコッカス・エクイはその菌株とアメーバの種類に関係なく他種の菌よりも極めて速く、かつ極めて多くアメーバに食菌されることがわかった。大腸菌は *A. castellanii* と *A. polyphaga* 内で、黄色ブドウ球菌は *A. polyphaga* 内で生存できなかったのに対し、25°C 条件下では、ロドコッカス・エクイはリステリア菌と同様アメーバ内で生存可能であった。さらに興味あることに乾燥が菌の生存に及ぼす影響を調べたところ、ロドコッカス・エクイは乾燥状態では最長で9日間しか生存できなかったが、アメーバに食菌された状態で乾燥させると、少なくとも70日以上生き残った。自由生活性アメーバは、ロドコッカス・エクイの“乾燥に対するシェルター”としての役割と、遺伝子の水平伝播による細胞内寄生菌の“進化のゆりかご”としての役割を果たす可能性が示唆された。

2. 研究の目的

強毒株と中等度毒力株の相違は、それぞれが保有する病原性プラスミドの違いにある。その塩基配列を比較すると、2種類の病原性プラスミドの約20kbのPathogenicity island (PAI) 領域以外は99%以上の類似性を有することが予想を反して明らかとなった。つまり、強毒と中等度を決定するのは、Vap遺伝子群の組み合わせが強毒株の病原性プラスミドではVapA, C, D, E, F, G, Hであり、中等度毒力株の病原性プラスミドではVapB, I, J, K, Lであるということに起因していた。2種類の病原性プラスミドはロドコッカス・エクイが保有していた潜在性プラスミドが2種類のPAI領域が水平伝播したことによると推測される。これを強く示唆する成績を既に私たちは得ている。強毒株の病原性プラスミドのPAI領域以外に位置するORFをプローブとして我が国並びに海外で分離された無毒株の潜在性プラスミドについてPCR或いはサザンハイブリダイゼーションで反応するプラスミドを探索したところ、そこから病原性プラスミドの先祖（プロトタイプ）と思われる潜在性プラスミドが見いだされた。

遺伝子の水平伝播は、細菌においてはゲノム多様性の源であり、新しい環境への適応を可能にしている。特にその病原性や薬剤耐性を獲得する上で極めて重要な出来事であるが、その詳細についてはよく知られていない。本研究の目的は、土壌細菌であるロドコッカス・エクイが、土壌中で他の細菌からPAI領域を獲得し、土壌のなかのアメーバなどの原生生物＝高等動物によって細胞内で寄生する能力の選択を受け、最終的に馬の病原細菌となっていく過程の一端を明らかにし、最終ゴールとして、この作業仮説を証明することにある。3年間の研究期間に、プロトタイプとなる潜在性プラスミドの塩基配列を決定し、強毒株に存在する15種類の病原性プラスミド、中等度毒力株に存在する32種類の病原性プラスミドのPAI領域付近の塩基配列と比較検討し、どのようにPAIが挿入されたのかを明らかにする。遺伝子の水平伝播を模式図に示したが、土壌での細菌DNAによる形質転換（上図左）、プラスミドによる接合（中）フェージによる形質導入（右）が考えられ、これら進化の痕跡をPAI領域付近に見いだすことにある。更には、Vap familyは遺伝子重複を経て発生し、その進化の過程で病原性と多様性を獲得したものであり、このVapの機能を明らかにする上でも重要な手がかりを与えてくれるであろう。

3. 研究の方法

本研究は以下の項目に従って行った。

(1) ロドコッカス・エクイ強毒株に存在する15種類病原性プラスミドのPAI領域付近の塩基配列の決定と比較

これまでに12種類の病原性プラスミド

(85kb-type I, II, III, IV, 87-kb type I, IIa, IIb, 90-kb type I, II, III, IV, V) が欧米（5種類）、日本（5種類）、韓国（1種類：J. Vet. Med. Sci. 2003）、ブラジルの子馬由来株が新たなプラスミド型（90kb type V: CIMID, 2005）に存在することを私たちの分子疫学調査から明らかにした。平成20年度にこれに加えて、3つの病原性プラスミドが発見された。2つは北海道日高地方のサラブレッド種感染子馬の臨床分離株、一つはオランダの感染子馬由来の臨床分離株に発見された病原性プラスミドである。これらは基盤研究B（平成18-20年）の成果の一部であるが、これら15種類病原性プラスミドのPAI領域付近の塩基配列を既に塩基配列が分かっているp33701(85-kb type I)を元にサザンハイブリダイゼーションとプライマーウオーキングによる塩基配列を決定し、PAIの挿入がどのように行われたかの遺伝子の痕跡を探った。

(2) ロドコッカス・エクイ中等度毒力株に存在する32種類病原性プラスミドのPAI領域付近の塩基配列の決定と比較

ロドコッカス・エクイ中等度毒力株は、海外、特にアジアではタイのAIDS患者の喀痰、血液、気管洗浄液などから分離され、結核と類症鑑別が必要な細菌の一つである。わが国ではと畜場で健康な豚の下顎リンパ節からも数%の割合で分離され、感染源としての可能性が疑われている。ハンガリー、スロベニア、タイなどの豚からも中等度毒力株が分離され、そのプラスミド型は27種類に至った(Makrai et al. 2008)。最近、オランダの豚由来株から新型28-31型が、日本・和歌山のイノシン分離株から32型が分離され、32種類のプラスミド型となった。プラスミド型の分布は、馬の強毒株の病原性プラスミドとは全く異なり、地域特異性は認められない。この理由は豚という家畜の品種とその国際的な移動にあると推測される。何れにせよ、強毒株同様に、既に塩基配列が決定された中等度毒力株の病原性プラスミド1型(pREA3)を参考にPAI領域付近の塩基配列の決定し、比較検討した。

(3) ロドコッカス・エクイ無毒株の潜在性プラスミドから強毒株・中等度毒力株の病原性プラスミドのプロトタイプの検索

無毒株はどこにある土壌からも容易に分離され、病原性プラスミドは保有しないが、潜在性プラスミドを10～30%位の頻度で保有し、これまでにアフリカ、中国、韓国、日本の無毒株が10～30%位の頻度でそれを保有していることを明らかにした(J. Vet. Med. Sci, 2004, 2006)。潜在性プラスミドの大きさは数kb～100kbに及び、その種類も多数存在する。こ

これらの潜在性プラスミドと病原性プラスミドの類似性をPCR及びサザンハイブリダイゼーションで明らかとし、病原性プラスミドのプロトタイプの候補を検索した。

(4) ロドコッカス・エクイ強毒株、中等度毒力株、無毒株を用いたアメーバによる食菌・殺菌実験方法の確立と形態観察

既に、自由生活性アメーバである *Acanthamoeba castellanii* と *A. polyphaga* を用いた食菌・殺菌試験を検討し、興味ある知見を得ているが、形態的観察は殆ど行われていない。そこで電子顕微鏡（学部既設）、微分干渉顕微鏡などを用いて形態的観察から毒力とアメーバ内での動態を比較検討した。

4. 研究成果

(1) 強毒株病原性プラスミドは制限酵素 EcoR I および Hind III 切断パターンにより 13 種のプラスミド型に型別され、5 つのグループ(①85kb I, II, III, IV型、②90kb II, V型、③87kb I, III型、④90kb I, III, IV型、⑤87kb II a, II b 型: 87kb II 亜型)に分類される。この中で④と⑤のグループは日本でのみ分離される病原性プラスミド型である。本研究では北海道とオランダで新たに分離された 2 種類の強毒株新型病原性プラスミドの解析を行った。北海道の仔馬気管洗浄液由来強毒株 R07-21 株が保有する新型病原性プラスミドは、サザンハイブリダイゼーションにおいて制限酵素 EcoR I 切断断片の 9 本のうち 7 本が 87kb II a および b 型と一致した。また日本固有のプラスミド型(④と⑤)に特徴的な断片が存在したため 87kb II 亜型として 87kb II c 型と命名した。さらに 87kb II c 型において、既存のプラスミドで変異が存在する 12 箇所の領域の塩基配列を決定したところ、10 箇所でグループ⑤、2 箇所でグループ④の変異と一致した。2 つのグループの変異の特徴を合わせ持つ病原性プラスミド型は 87kb II c 型が初めてであり、地域特異的に分離されている病原性プラスミドが共通の祖先プラスミドを持つ可能性が考えられた。一方、オランダの病馬気管洗浄液由来強毒株 U19 株が保有する新型病原性プラスミドはそのサイズが小さく、サザンハイブリダイゼーションでは 85kb I 型の EcoRI 切断断片の 9 本中 7 本と一致した。PCR とシーケンスによって EcoRI 切断断片 1 と 2 にまたがって 28, 919bp の欠損が確認され、全プラスミドサイズは 51, 691bp と推定されたので、52kb 型と命名した。また、シーケンスにおいて 17 箇所中 14 箇所の塩基配列は 85kb I 型と一致し、両者の類似性が明らかとなった。約 29kb が欠損した新型病原性プラスミドは *R. equi* の病原性プラスミドの構造、機能および進化を検討するうえで重要な発見となった。

(2) 31 種類の病原性プラスミドの多型性の成立過程を明らかにする為、4 種類の新型プラスミドについて PAI 内外の 15 箇所の ORF 等の領域のシーケンスを行い、全塩基配列が解明されている 1 型プラスミド(pREA3)を含めた 27 種類のプラスミド型と比較検討した。またその過程で 5-9、11-17 型のプラスミド地図の修正を行った。シーケンスの結果から PAI 近傍では両端に存在する挿入因子である *invA*(ORF24)の塩基配列が pREA3 のプラスミド型と一致した群と PCR で増幅できない群に分類された。PAI 内の遺伝子及びその近隣の ORF には変異が全く認められないのに対し、PAI のより下流(約 23, 000bp)では遺伝子の挿入や欠損などの変異が認められた。点変異が存在した 11 領域において変異部位を比較することにより新型 4 種類(28、29、30、31 型)がどのプラスミド型と近縁なのかを調べたところ、28、30 型はほとんどの変異が同じ位置で共通していたことから、この 2 つのプラスミド型は非常に近縁であると考えられた。また 28、30 型は 3、4、11 型と 4 つの領域で程度の差はあるものの大半が共通の場所で変異を示していたことからこれらのプラスミド型と近縁なプラスミド型であると考えられた。31 型は変異の様子から基本的には 1 型に近いグループに分類されると考えられるが、その中でも 24、26、27 型と 2 領域で程度の差異はあるものの共通の変異を認められたことから、これらのプラスミド型と近縁であると考えられた。29 型は変異が他のプラスミド型に比べてとても少ないことから pREA3 に極めて近いプラスミド型であると考えられた。中等度毒力株と強毒株の病原性プラスミドの多型性は挿入、欠失、点変異、置換により形成されるが、その多寡が何に依存するか興味深い。

(3) これまでの当研究室の研究で、*R. equi* は *Acanthamoeba castellanii* と *A. polyphaga* の殺菌作用に抵抗し、2 種類のアメーバのシスト(休眠型)中で菌単独の場合より長く生存することが明らかとなった。しかし、これまでに使用された強毒株の菌株は限定されており、また形態観察も十分でなかった。今回、新たに以下の知見を得た。2 種類のアメーバ (5×10^5 /ml に調整)に菌濃度を $5 \times 10^2 \sim 10^7$ /ml の 6 段階に調整した *R. equi* 強毒、中等度毒力及び無毒株、*Listeria monocytogenes*、*Escherichia coli*、*Staphylococcus aureus* を与えたところ、最も高い被食菌率で、それぞれ約 13%、4%、16%、0.005%、1.8%、2.7%となっており、*R. equi* は毒力にかかわらず、多く食食されていた。更に強毒株 14 菌株を調べたところ被食菌率に差が認められた。*R. equi* 強毒株を食食した *A. polyphaga* シストとトロフォゾイト(栄

養型)における透過型電子顕微鏡観察では、今までの蛍光顕微鏡観察では確実に証明できなかったトロフォゾイト及びシストに内在される菌の存在が確認され、小胞内で粘液様物質に囲まれた菌が多く観察された。アメーバを破碎した液で菌を培養したところ、*R. equi* 強毒株、中等度毒力株、無毒株は、破碎液中で増殖したが、アメーバの殺菌作用に抵抗できない *E. coli* は全く増殖しなかった。以上の成績により、*R. equi* はアメーバなどの原生動物を利用して生き残れる選択肢を増やしている可能性、原生動物は、*R. equi* の“乾燥に対するシェルター”、“遺伝子の水平伝播による細胞内寄生菌の“進化のゆりかご””としての役割を果たす可能性が強く示唆された。今後、土壤中での *R. equi* と原生動物の生棲状況などを詳しく検討しこれらの仮説を実証したい。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 11 件)

- ① Makrai, L., A. Kobayashi, M. Matsuoka, Y. Sasaki, T. Kakuda, B. Dénes, I. Hajtós, I. Révész, K. Jánosi, L. Fodor, J. Varga and S. Takai. 2008. Isolation and characterisation of *Rhodococcus equi* from submaxillary lymph nodes of wild boars (*Sus scrofa*). *Vet. Microbiol.* 131(3-4):318-23.
- ② Cohen, N. D., Carter, C. N., Scott, H. M., Chaffin, K., Smith, J. L., Grimm, M. B., Kuskie, K., Takai, S., Martens. R. J. 2008. Association of soil concentrations of *Rhodococcus equi* and occurrence of *R. equi* foal pneumonia at farms in central Kentucky. *Am. J. Vet. Res.* Am J Vet Res. 69(3):385-395.
- ③ Nakamura, Y., H. Nishi, Y. Katayama, H. Niwa, T. Matsumura, T. Anzai, Y. Ohtsu, K. Tsukano, N. Shimizu, and S. Takai. 2007. Abortion due to avirulent *Rhodococcus equi* infection in a Thoroughbred horse in Japan. *Vet. Rec.* 161(10):342-346.
- ④ Faris, M. R., Takai, S., Ribeiro, M. G., Fabris, V. E., and Franco, S.R.V.S. 2007. Cutaneous pyogranuloma in a cat caused by virulent *Rhodococcus equi* containing an 87-kb type I plasmid. *Aust Vet J.* 85(1-2):29-31.
- ⑤ Venner, M., Meyer-Hamme, B., Verspohl, J., Hatori, F., Shimizu, N., Sasaki, Y., Kakuda, T., Tsubaki, T., and Takai, S. 2007. Genotypic characterization of VapA

positive *Rhodococcus equi* in foals with pulmonary affection and their soil environment on a warmblood-horse-breeding farm in Germany. *Res. Vet. Sci.* 83:311-317.

- ⑥ Grimm MB, Cohen ND, Slovis NM, Mundy GD, Harrington JR, Libal MC, Takai S, Martens RJ. 2007. Evaluation of fecal samples from mares as a source of *Rhodococcus equi* for their foals by use of quantitative bacteriologic culture and colony immunoblot analyses. *Am. J. Vet. Res.* 68(1):63-71.
 - ⑦ Attili, A. R., Kennerman, E., Takai, S., Or, M. E., Marenzoni, M. L., Torun, S., Pieramati, C., Kayar, A., Golcu, E., Parkan, C., Yilmaz, Z., Gonul, R., Valente, C., and V. Cuteri. 2006. Seroepidemiological survey of *Rhodococcus equi* infection in asymptomatic horses from Bursa, Izmir and Istanbul provinces, Turkey. *CIMID*, 19:323-333.
 - ⑧ Takai, S., Zhuang, D., Huo, X., Madarame, H., Gao, M., Tan, Z., Gao, S., Yan, L., Guo, C., Zhou, X., Hatori, F., Sasaki, Y., Kakuda, T., and Tsubaki, S. 2006. *Rhodococcus equi* in the soil environment of horses in Inner Mongolia, China. *J. Vet. Med. Sci.* 68:739-742.
 - ⑨ Szeredi, L., Molnar, T., Glavits, R., Takai, S., Makrai, L., Denes, B., and Del Piero, F. 2006. Two cases of equine abortion caused by *Rhodococcus equi*. *Vet. Pathol.* 43:208-211.
 - ⑩ Son, G. W, Lee, D.S., Yamatoda, N., Hatori, F., Shimizu, N., Kakuda, T., Sasaki, Y., Tsubaki, S., and Takai, S. 2006. Molecular Typing of VapA-Positive *Rhodococcus equi* Isolates from Jeju Native Horses, Korea. *J. Vet. Med. Sci.* 68:249-253.
 - ⑪ Makrai, L., Kira, K., Kono, A., Sasaki, Y., Kakuda, T., Tsubaki, S., Fodor, L., Varga, J., and Takai, S. 2006. Plasmid profiles of virulent *Rhodococcus equi* isolates from soil environment on horse-breeding farms in Hungary. *Acta Vet. Hung.* 54:11-18.
- [学会発表] (計 6 件)
- ① 中村芳子、西英機、片山芳成、安齊了、高井伸二 *Rhodococcus equi* 無毒株が分離された馬流産の 1 症例第 142 回日本獣医学会 (山口) 2006 年 10 月
 - ② 鷹見朱位子、二見秀一、安田理、田口敦子、佐々木由香子、角田勤、高井伸二 *Acanthamoeba* による *Rhodococcus equi* の食菌と殺菌-アメーバ内での長期間生存と乾燥

抵抗性-第 143 回日本獣医学会 (つくば) 2007 年 3 月

③小林亜由美、松岡未沙、橋本梨里、本多弥生、Laszl Makrai、林義規、池町安雅、佐々木由香子、角田勤、高井伸二 野生イノシシにおけるロドコッカス・エクイ中等度毒力株の分離と抗体調査 第 61 回日本細菌学会東北支部総会 (仙台) 2007 年 8 月

④鷹見朱位子、二見秀一、安田理、田口敦子、佐々木由香子、角田勤、高井伸二 *Acanthamoeba* 内でロドコッカス・エクイの長期間生存と乾燥抵抗性について 第 61 回日本細菌学会東北支部総会 (仙台) 2007 年 8 月

⑤小林 亜由美 松岡 未沙 L_szl_ Makrai, Katalin J_nosi, L_szl_ Fodor, J_nos Varga、林 義規、池町安雅、佐々木由香子、角田勤、高井伸二 野生イノシシにおけるロドコッカス・エクイ中等度毒力株の分離と抗体調査 第 144 回日本獣医学会 (江別) 2007 年 9 月

⑥松岡 道則、小林 亜由美、松岡 未沙 本多弥生、橋本梨里、高井伸二 豚の下顎リンパ節病変部からのロドコッカス・エクイの分離 第 145 回日本獣医学会 (麻布大) 2008 年 3 月

6. 研究組織

(1) 研究代表者

高井 伸二 (TAKAI SHINJI)
北里大学・獣医学部・教授
研究者番号:80137900

(2) 研究分担者

角田 勤 (KATUDA TSUTOMU)
北里大学・獣医学部・准教授
研究者番号:80317057

(3) 連携研究者

なし