

令和 4 年 9 月 12 日現在

機関番号：82601

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19K06432

研究課題名(和文) 感染事象から紐解く、カンピロバクターの病態発現に係る分子基盤の解明

研究課題名(英文) Molecular biological study on the virulence property of *Campylobacter* based on the infection biology

研究代表者

朝倉 宏 (Asakura, Hiroshi)

国立医薬品食品衛生研究所・食品衛生管理部・部長

研究者番号：40370936

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：本研究ではカンピロバクターがヒト感染過程で顕す遺伝子発現及び腸内細菌叢の動態を検討し、原因株のゲノム特性等との融合を通じ本菌感染によるヒト病態発現の分子基盤に係る知見の集積を図ることを目的とした。菌叢解析を通じ、患者腸内細菌叢は検体間で多様性に富み、本菌感染に由る影響は大きくないことが示唆された。また原因菌株のWGS解析を通じ、同一起源でも患者間で多くのSNPがみられる事象が確認された。transcriptome解析を通じ、鞭毛構成遺伝子等の複数遺伝子発現変動が確認され、培養細胞での発現亢進も認められたことから、本菌感染に伴う病態との関連性を有する遺伝子群と結論づけた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

食品媒介性に多発するカンピロバクターによる感染における細菌側因子の挙動に着目した検討を進めた。同研究を通じ、本菌感染に伴う菌叢への影響は大きくはない可能性が示唆され、菌叢管理による本菌感染症対策の効果は限定的と推察された。また、食中毒原因菌株のSNP解析結果から、食中毒事例における原因菌株の同一性を判断する上での指標となるSNP数に関する知見を得ることができ、本菌による食中毒時の集団感染であるかを見極める際の根拠として活用するための基礎的知見を収集できた。Transcriptome解析では本菌感染時の機能性が示唆される遺伝子群をスクリーニングでき、診断等でのマーカーとしての活用が期待される。

研究成果の概要(英文)：Here we investigated the dynamics of genetics and microbiota in humans following infection with *Campylobacter jejuni* to better understanding its pathogenesis in human. Metagenomic analyses suggested less impact of the *Campylobacter* infection on the microbiota composition. Whole genome sequencing analysis of the causative *C. jejuni* isolates revealed genomic variations even in the case with identical source, suggesting in vivo genomic alteration during infection. Transcriptome analyses showed that increased expression of a series of bacterial genes both in humans and in vitro cell culture, which were considered to be one of the hallmark for the development of *Campylobacter* infection in humans.

研究分野：微生物学

キーワード：カンピロバクター 食中毒 NGS解析

1. 研究開始当初の背景

Campylobacter jejuni 及び *C. coli* による食品媒介性感染症(以後、カンピロバクター食中毒)は、我が国を含む先進諸国で多発しており、平成 29 年の国内発生件数は 320 件と食中毒病因物質のうち最多、患者数は 2,315 名とノロウイルスに次いで第二位となっている(厚生労働省・食中毒統計資料)。近年のカンピロバクター食中毒事例では生食或いは加熱不十分な鶏肉の喫食による事例が多占している。鶏は腸管内に当該菌を持続的に保菌し、食鳥肉として供する過程で可食部を汚染し、ヒトに感染を顕すため、鶏肉の微生物汚染低減を図るための応用研究が広く推進されている状況にある。

このうち、消費段階での本菌感染に対する予防制御策としては、加熱調理の徹底をはじめとした消費者啓蒙がなされているが、本菌感染事例は一向に減少を示していない。このことは、特に消費者への啓蒙普及及び感染制御の推進にあたって、更なる学術的知見の創出が必要不可欠であると考えられる。とりわけ、本菌罹患者に関する疫学事象の多くは不明である。本菌罹患は下痢・発熱等の一般的な下痢原性主徴を齎すが、その程度は患者により異なり、更に不顕性患者も一定数含まれるとされるため、本菌感染に対するヒト宿主の感受性については多岐と解釈される。この宿主要因に関する学術的「問い」に係る事項として、米国では本菌感染に関する宿主要因の検討が行われ、年齢：5 歳以下及び 20-29 歳、性別：男性、職業：食肉・食鳥肉取扱業者、喫食歴：未殺菌乳や未殺菌上水の飲用、その他：家畜・愛玩動物の飼育歴等が本菌感染に対する高感受性要因であることが報告されている。こうした宿主要因の探知にあたっては、Case control ベースの食品寄与率推定手法が用いられるが、国内では詳細な患者情報が解析されておらず、関連する疫学的知見の集積は本食中毒の動向を把握し、対策を講じる上で必要不可欠な事項と考えられる。

加えて、ヒトへのカンピロバクター感染が何故下痢原性を誘起するかの学術的「問い」に対する答えは未だ導き出されていない。ヒト腸管内には 100 兆個以上もの多様な細菌が分布し、本菌を含む病原細菌の感染定着を正負両面で変動させる。腸内細菌叢の産生する抑制物質(代謝産物、バクテリオシン等)や同細菌叢の共存による競合的栄養枯渇、宿主免疫機構の賦活化等はそれらの変動要因と目される。実際に、ヒト由来腸内細菌叢を移植したノトバイオマウスは非移植個体に比べ有意に本菌感染感受性を亢進することから、カンピロバクターによるヒト病態発現に腸内細菌叢とのクロストークが介在する可能性が示唆される。本研究では、カンピロバクター食中毒患者便検体を研究対象として設定し、同環境に潜む本菌並びに腸内細菌叢の動態を合わせて探知することにより、この点を解明できるほか、本菌感染成立に必要な本菌並びに腸内細菌叢の標的分子の網羅的同定へとつながるとも期待されるものであることから、速やかに検討を開始すべき項目と位置付けられる。

この他、本菌感染によるヒトへの健康危害性を図る上では、発症菌数に関する知見も必要不可欠である。1980 年代に米国で実施された volunteer による経口感染実験により算出された 500 ~ 800CFU との値が現在に至るまでヒトの発症菌数として多くのリスク分析・評価等に活用されているが、より少ない菌数(360CFU)での発症例も示されていることから、下痢原性等の病態発現は原因菌株により異なるとの想定もされうる状況となっている。しかしながら、これらを支えうる学術的根拠は得られていない。

2. 研究の目的

本研究は、本菌が顕す下痢原性発現を裏付ける細菌分子基盤に関する基礎知見の集積を図ることを目的とする。

本菌はヒトに対して下痢原性を顕す一方、多くの動物宿主に対しては不顕性感染を呈する。本菌の病原性発現機構に関する知見の多くは、実験動物や培養細胞を用いた評価に基づき得られているが、前文の事象を踏まえると科学的根拠には乏しいと考えられる。そのため、本研究ではヒト臨床検体(発症患者便)を対象として、本菌が同環境中で顕す遺伝子発現動態を把握し、検体間での疫学情報等を踏まえ、病原発現関連遺伝子群を同定しようとする学術的独自性に富む計画内容を企図した。本検討により、本菌感染制御に資する標的分子候補の特定がはかられ、予防・治療策の構築へと波及することが期待される。更に、同一検体に含まれる腸内細菌叢の特性把握は本菌感染に伴い変動を示す腸内細菌叢の特定へとつながる。これにより得られる知見は、直接的利用またはプロバイオティクス等としての間接的利用による本菌感染制御策への波及が期待される創造性を併せ持つ。

3. 研究の方法

本菌の病原因子については、主に培養細胞や動物モデルを用いた予測的評価に留まっており、予防治療法の構築や疫学知見の更新等、広く公衆衛生学上の意義を有するアウトプットの創出には感染事象を基にしたデータ創出が不可欠である。本研究では研究実施期間中に本菌発症患者由来の新鮮便検体を単年度あたり約 15 事例を収集し、原因菌のゲノム特性探知と共に同検体中で本菌及び腸内細菌叢が顕す遺伝子発現動態をプロファイル化し、疫学情報と融合させるこ

とで、本菌感染に伴うヒト腸管環境での下痢原性発現機構に関する基礎知見の集積を図る。本菌及び腸内細菌叢の遺伝子発現動態のプロファイル化にあたっては、本菌によるヒトへの感染を通じ、下痢原性が顕れる際に発現亢進を示す遺伝子群を Ion GeneStudio S5 system を用いた RNAseq 解析（以下、メタゲノム解析）を通じた網羅的同定を行った上で、in vitro 下での本菌遺伝子発現動態との比較を通じ、ヒト腸管内での病態形成に関連性を示す遺伝子群を抽出する。同検体を構成する腸内細菌叢のプロファイル化を図るため、16S rRNA 菌叢解析を並行的に実施し、全体のコミュニティ構造を捉える。同解析には 16S rRNA V3-V4 領域を標的とし、Ion GeneStudio S5 system を用いて配列データを取得する。メタゲノム解析結果より各検体における細菌叢遺伝子発現情報を抽出する。Human HG19 assembly に対する Blast 検索を通じ、ヒト由来遺伝子を除去後、SOAPdenovo 及び CD-HIT を用いて assembly を行う。その後、non-redundant gene を同定するとともに、各遺伝子の機能性及び検体間の系統解析を行う。上記を通じて得られた感染患者由来腸内細菌叢データは日本人健常者の腸内細菌叢データと比較解析に供する。菌叢の比較解析にあたっては Shannon diversity index, UniFrac distances, PCoA 解析を実施する。各事例の原因菌株については、研究分担者中村博士が分離保管を担当し、集団感染事例では、MLST 解析を通じ代表株を選定した上でドラフトゲノム解析に供する。出力データは Trimming/Assembly 後、菌株間の系統学的関連性探知に供する。配列データを RAST に投入し Annotation 情報を得る。更に、疫学情報としては喫食歴、潜伏期間、症状の重軽等を収集する。各要因と原因菌株の特性並びに腸内細菌叢との関連性評価には Permutational Multivariate Analysis of Variance (PERMANOVA) 法を用いる他、Spearman's Rank Correlation Coefficients を求める。

4. 研究成果

本研究では、食品媒介性感染症として世界中で猛威を奮うカンピロバクターが、ヒト宿主への感染過程において顕す遺伝子発現並びに腸内細菌叢に係る動態を発症患者由来検体を研究対象としてプロファイル化し、患者疫学情報及び原因菌株のゲノム特性と融合させることで、本菌感染によるヒト病態発現の分子基盤に係る基礎知見の集積を図ることを目的として検討を進めた。

本研究では、カンピロバクター食中毒事例検体を対象として、16S rRNA sequencing 解析による腸内細菌叢のプロファイリングを行うと共に、原因菌株の WGS 解析を進めた。更に、ヒト由来 RNA 及び細菌由来リボソーム RNA 遺伝子を除去した上で、細菌の Transcriptome 解析を進めた。腸内細菌叢解析結果を統合的に解析することにより、患者腸内細菌叢は検体間での多様性に富むが、本食中毒菌感染に由る、腸内細菌叢構成への影響は大きくはないことが確認された。

食中毒原因菌株に係る WGS 解析を通じて、同一事例の中であっても複数患者間で数十の SNP がみられることが確認されたほか、一部腸内細菌や phage 由来と推察される遺伝子配列の挿入等が確認された。また、Transcriptome 解析では RNA 解析結果を得ることができ、鞭毛構成遺伝子をはじめとする複数の遺伝子の発現変動を確認することができ、同遺伝子は培養細胞を用いた in vitro 評価系においても発現亢進が認められたことから、本菌感染に伴う病態との関連性を有する遺伝子群であると結論づけた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計15件（うち査読付論文 15件／うち国際共著 1件／うちオープンアクセス 6件）

1. 著者名 Asakura H, Sakata J, Yamamoto S, Igimi S	4. 巻 9
2. 論文標題 Draft genome sequences of non-H2S-producing strains of Salmonella enterica serovars Infantis, Enteritidis, Berta, and Kiambu in Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Microbiology Resource Announcements	6. 最初と最後の頁 e00335-20
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1128/MRA.00335-20	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Kumagai Y, Pires SM, Kubota K, Asakura H	4. 巻 83
2. 論文標題 Attributing human foodborne diseases to food sources and water in Japan using analysis of outbreak surveillance data	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Food Protection	6. 最初と最後の頁 2087-2094
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.4315/JFP-20-151	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Kawase J, Hirai S, Yokoyama E, Hayashi F, Kurosaki M, Kawakami Y, Fukuma A, Sakai T, Kotani M, Asakura H	4. 巻 78
2. 論文標題 Phylogeny, prevalence, and shiga toxin (Stx) production of clinical Escherichia coli O157 clade 2 strains isolated in Shimane Prefecture, Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Current Microbiology	6. 最初と最後の頁 265-273
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00284-020-02252-4	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 佐々木貴正, 岩田剛敏, 上間匡, 朝倉宏	4. 巻 61
2. 論文標題 牛胆嚢内胆汁のカンピロバクター汚染状況と分離株の性状	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 食品衛生学雑誌	6. 最初と最後の頁 126-131
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3358/shokueishi.61.126	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Asakura H, Sakata J, Nakamura H, Yamamoto S, Murakami S	4. 巻 34
2. 論文標題 Phylogenetic Diversity and Antimicrobial Resistance of <i>Campylobacter Coli</i> From Humans and Animals in Japan	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Microbes Environ	6. 最初と最後の頁 146-154
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1264/jsme2.ME18115	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Asakura H, Makino SI, Watanabe K, Tuchida Y, Kawabe M, Sakurai D.	4. 巻 24
2. 論文標題 Kuma Bamboo Grass (<i>Sasa Veitchii</i>) Extracts Exhibit Protective Effects Against Atypical <i>Aeromonas salmonicida</i> Infection in Goldfish (<i>Carassius Auratus</i>)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Biocontrol Sci	6. 最初と最後の頁 145-154
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.4265/bio.24.145	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 朝倉 宏	4. 巻 3
2. 論文標題 カンピロバクター感染症の疫学,病原性および診断治療	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 感染制御と予防衛生	6. 最初と最後の頁 87-93
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Sugita-Konishi Y, Kobayashi N, Takasaki K, Kanno T, Itoh M, Riztyan, Futo S, Asakura H, Taira K, Kawakami Y.	4. 巻 81
2. 論文標題 Detection of <i>Sarcocystis</i> spp. and Shiga toxin-producing <i>Escherichia coli</i> in Japanese sika deer meat using a loop-mediated isothermal amplification-lateral flow strip	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 J Vet Med Sci	6. 最初と最後の頁 586-592
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1292/jvms.18-0372	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Takahashi T, Kabeya H, Sato S, Yamazaki A, Kamata Y, Taira K, Asakura H, Sugiyama H, Takai S, Maruyama S	4. 巻 56
2. 論文標題 Prevalence of Yersinia among wild sika deer (Cervus nippon) and boars (Sus scrofa) in Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 J Wildlife Dis	6. 最初と最後の頁 270-277
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.7589/2019-04-094	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Asakura H, Yamamoto S, Sasaki Y, Okada Y, Katabami S, Fujimori A, Munakata K, Shiraki Y, Nishibu H, Hisamoto C, Kawase J, Ojima Y, Kiyoshima A, Shiroma K.	4. 巻 85
2. 論文標題 Bacterial Distribution and Community Structure in Beef Cattle Liver and Bile at Slaughter	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 J Food Prot	6. 最初と最後の頁 424-434
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.4315/JFP-21-288	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Ogawa A, Nagaoka H, Asakura H.	4. 巻 Epub ahead of print
2. 論文標題 Draft Genome Sequence of Campylobacter jejuni ST-508 Strain Shizu21005, Isolated from an Asymptomatic Food Handler in Japan, 2021.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Microbiol Resour Announc.	6. 最初と最後の頁 e0031622
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1128/mra.00316-22	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Asakura H, Sakata J, Sasaki Y, Kawatsu K.	4. 巻 9
2. 論文標題 Development and Evaluation of Fluorescence Immunochromatography for Rapid and Sensitive Detection of Thermophilic Campylobacter	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Food Saf (Tokyo)	6. 最初と最後の頁 81-87
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.14252/foodsafetyfscj.D-21-00006	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 朝倉宏	4. 巻 70
2. 論文標題 食肉・食鳥肉製品のハザードとその管理	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 保健医療科学	6. 最初と最後の頁 100-106
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Asakura H, Nakayama T, Yamamoto S, Izawa K, Kawase J, Torii Y, Murakami S.	4. 巻 8
2. 論文標題 Long-Term Grow-Out Affects Campylobacter jejuni Colonization Fitness in Coincidence With Altered Microbiota and Lipid Composition in the Cecum of Laying Hens.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Front. Vet. Sci.	6. 最初と最後の頁 675570
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fvets.2021.675570	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている(また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Asakura H, Yamamoto S, Sasaki Y, Okada Y, Katabami S, Fujimori A, Munakata K, Shiraki Y, Nishibu H, Hisamoto C, Kawase J, Ojima Y, Kiyoshima A, Shiroma K.	4. 巻 85
2. 論文標題 Bacterial Distribution and Community Structure in Beef Cattle Liver and Bile at Slaughter.	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 J. Food Prot.	6. 最初と最後の頁 424-434
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.4315/JFP-21-288	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計20件(うち招待講演 8件/うち国際学会 3件)

1. 発表者名 米満研三, 佐々木貴正, 上間匡, 朝倉宏
2. 発表標題 市販鶏レバーにおけるカンピロバクター汚染の定量調査
3. 学会等名 日本カンピロバクター研究会第13回総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 山田和弘, 續木洋一, 佐藤克彦, 朝倉宏
2. 発表標題 市販鶏肉から分離されるCampylobacter jejuniの血清遺伝子型分布調査
3. 学会等名 日本カンピロバクター研究会第13回総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 熊谷優子, 窪田邦宏, 朝倉宏
2. 発表標題 カンピロバクター食中毒の食品寄与率に関する研究
3. 学会等名 日本カンピロバクター研究会第13回総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 渡部百合, 関口幸恵, 内田和之, 朝倉宏
2. 発表標題 Campylobacter 定量試験における自動生菌数測定装置 TEMPOとmCCDA 培地との比較
3. 学会等名 日本カンピロバクター研究会第13回総会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Asakura H, Kawase J, Okamura M, Yamamoto S, Chuma T
2. 発表標題 Does Campylobacter jejuni paves the way for host switching from wild bird to poultry in coincidence with genomic recombination?
3. 学会等名 International Union of Microbiological Societies 2020 Annual Congresses (IUMS 2020) (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Asakura H
2. 発表標題 Current progress on the HACCP introduction in Japan
3. 学会等名 台湾食品薬物管理署2020年次講演会（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Asakura H, Sakata J, Akase S, Yamamoto S, Kawase J
2. 発表標題 Distribution and phylogenetic diversity of <i>Campylobacter jejuni</i> HS:19 in Japan
3. 学会等名 日本微生物生態学会第33回大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 渡部百合，関口幸恵，内田和之，朝倉宏
2. 発表標題 自動生菌数測定装置TEMPOを用いた <i>Campylobacter</i> 定量法とmCCDA培地との比較
3. 学会等名 第40回日本食品微生物学会学術総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 中山達哉，山本詩織，朝倉宏，村上覚史，鳥居恭司
2. 発表標題 鶏の生産段階におけるカンピロバクター動態解析
3. 学会等名 第40回日本食品微生物学会学術総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 中村寛海, 野本竜平, 山本香織, 朝倉宏, 梅田薫, 小笠原準
2. 発表標題 大阪市内の食中毒患者から分離された <i>Campylobacter jejuni</i> の分子疫学解析
3. 学会等名 第40回日本食品微生物学会学術総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 朝倉宏
2. 発表標題 食中毒細菌
3. 学会等名 日本防菌防黴学会第 46 回年次大会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 朝倉宏
2. 発表標題 <i>Campylobacter jejuni</i> の細菌学的特性, 並びにその制御に関する研究
3. 学会等名 第40回日本食品微生物学会学術総会 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 朝倉宏, 山本詩織, 中山達哉, 佐々木貴正, 中村寛海
2. 発表標題 鶏の生産・食鳥処理・消費段階における <i>Campylobacter</i> spp.の動態解析
3. 学会等名 第93回日本細菌学会学術総会 (招待講演)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Hiroshi Asakura
2. 発表標題 Microbiological Risk Assessment Framework and Process Flow: JEMRA Approach
3. 学会等名 ILSI ASEAN Workshop on Microbiological Risk Assessment (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 朝倉宏
2. 発表標題 鶏肉等におけるカンピロバクター汚染低減対策とその有効性評価について
3. 学会等名 食の安全を確保するための微生物検査協議会2021年度講演会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 朝倉宏
2. 発表標題 食肉および食鳥肉の衛生管理における定量的微生物モニタリング
3. 学会等名 第42回日本食品微生物学会学術総会共催セミナー (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 朝倉宏
2. 発表標題 生食用食鳥肉の製造加工を通じたリスク管理について
3. 学会等名 第58回獣医疫学会学術集会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 朝倉宏, 中山達哉, 山本詩織, 伊澤和輝, 川瀬遵, 鳥居恭司, 村上覚史
2. 発表標題 長期飼育を通じた, 採卵鶏におけるCampylobacter jejuni の腸管定着の経時変動並びに腸内菌叢・脂質組成との関連性探索
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 朝倉宏, 山本詩織, 町田李香, 中馬猛久
2. 発表標題 南九州で製造加工される生食用食鳥肉製品における衛生指標菌汚染分布と工程管理との関連性に関する検討
3. 学会等名 第42回日本食品微生物学会学術総会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 朝倉宏, 山本詩織, 佐々木貴正, 池田徹也, 阿部光一郎, 山田和弘, 中村寛海, 野本竜平, 川瀬遵
2. 発表標題 国内流通鶏肉におけるカンピロバクターの定量的汚染実態に関する検討
3. 学会等名 第14回日本カンピロバクター研究会総会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 朝倉宏	4. 発行年 2022年
2. 出版社 医学書院	5. 総ページ数 7
3. 書名 臨床検査(カンピロバクターによる食中毒の項を担当)	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	中村 寛海 (Nakamura Hiromi) (00332445)	地方独立行政法人 大阪健康安全基盤研究所・微生物部・主 幹研究員 (84407)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関