

令和 4 年 6 月 10 日現在

機関番号：32644

研究種目：基盤研究(B) (海外学術調査)

研究期間：2016～2019

課題番号：16H05819

研究課題名(和文) アジアのヒトとマカクにおける腸管寄生病原アメーバの探索と共進化の解明

研究課題名(英文) Isolation of pathogenic Entamoeba species from humans and macaques in Asia and analysis of host-parasite coevolution

研究代表者

橘 裕司 (TACHIBANA, Hiroshi)

東海大学・医学部・客員教授

研究者番号：10147168

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,300,000円

研究成果の概要(和文)：アジアに生息する様々なマカクの糞便から、腸管寄生病原アメーバの*Entamoeba nuttalli*を検出した。その分離株には地理的距離を反映する遺伝的多型性を認めた。一方、学童における調査では、*E. nuttalli*は検出されなかった。検出された赤痢アメーバや*E. dispar*の遺伝的多型解析から、クラス内でアメーバが伝播していることが示唆された。また、*E. nuttalli*の全ゲノムを解析し、種特異的に発現される表面タンパク質を同定した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

わが国ではニホンザルがヒトの生活圏に出没し、他のアジア諸国でもテンブルモンキーや飼育マカクにおいてヒトとの濃厚な接触がみられる。マカクの腸管寄生病原アメーバが人獣共通感染症の病原体なのかを明らかにすることは重要であるが、本研究の範囲ではヒトの感染例は確認されなかった。また、腸管寄生アメーバの遺伝的多型解析は、宿主マカクと寄生アメーバの地理的分布の解明やヒトにおける感染経路の解明に有用であった。

研究成果の概要(英文)：*Entamoeba nuttalli* was detected in the feces of various macaques in Asia. The isolates showed genetic polymorphism reflecting geographical distance. On the other hand, no *E. nuttalli* infections were found in the survey of school children. Genotyping of *E. histolytica* and *E. dispar* suggested transmission of these amoebae within school classes. Whole genome analysis of *E. nuttalli* revealed a unique species-specific surface protein.

研究分野：寄生原虫学

キーワード：Entamoeba nuttalli 赤痢アメーバ マカク 疫学 遺伝子多型 ゲノム 人獣共通感染症 進化

## 1. 研究開始当初の背景

赤痢アメーバ (*Entamoeba histolytica*) は熱帯・亜熱帯を中心に世界に広く分布しており、年間約 5 千万人が大腸炎や肝膿瘍を発症し、約 10 万人が死亡している。わが国でもアメーバ赤痢は 5 類感染症に分類されており、最も報告数の多い原虫感染症である。従来、赤痢アメーバはヒト以外の霊長類にも感染すると考えられており、サル類における赤痢アメーバ感染の実態を明らかにすることは、人獣共通感染症対策の観点からも重要である。研究代表者らは、以前に国内の飼育ザルや飼育チンパンジーにおける腸管寄生アメーバの感染状況を調べ、赤痢アメーバの感染はみられず、形態的に差はないが非病原性の *Entamoeba dispar* 感染が多いことを報告した。ところがその後、ネパールのアカゲザルから分離したアメーバ株について解析したところ、18S rRNA 遺伝子の配列が赤痢アメーバと *E. dispar* の中間に位置していた。この虫体はハムスターに実験的に肝膿瘍を形成する病原アメーバであることを確認し、*Entamoeba nuttalli* という学名を復活させた。さらに、中国やミャンマーのアカゲザル、中国のチベットモンキー、タイのカニクイザル、スリランカのトクザルなど、アジア各地に生息するマカク類において、*E. nuttalli* を分離培養した。そして、宿主マカクの種や地理的分布によって多様な遺伝子型を有することを確認している。

## 2. 研究の目的

本研究では、アジアにおいて更に調査地を拡げ、各種マカク類における腸管寄生アメーバの感染実態を明らかにする。そして、*E. nuttalli* の株間における遺伝的多型について比較解析し、宿主マカクの分化、進化、拡散に伴う共進化について検討する。*E. nuttalli* の標準株については、全ゲノム配列の解析を進め、他の *Entamoeba* 属虫体ゲノムとの比較解析を行う。また、アジア地域においてヒトの腸管寄生アメーバ感染の実態を調査し、*E. nuttalli* が人獣共通感染症の病原体であるのかについても検討する。

## 3. 研究の方法

### (1) 調査地と試料収集

ネパールのカトマンズ渓谷における野生のアカゲザルとアッサムモンキーの糞便収集や学校におけるヒト糞便試料の収集は、エベレスト国際臨床研究センターのスタッフらの協力を得て実施し、同センターにおいて試料の処理を行った。中国の黄山における野生チベットモンキーの糞便試料の収集は、復旦大学基礎医学院のスタッフの協力によって実施し、同大学病原生物学系研究室において試料を処理した。タイ南部における野生のカニクイザルとミナミブタオザルの糞便収集やタイ北西部の学校でのヒト糞便試料の収集は、チュラロンコン大学医学部のスタッフの協力を得て実施し、同医学部寄生虫学教室において試料の処理を行った。台湾東部と南部における野生タイワンザルの糞便試料収集は、国立屏東科技大学のスタッフの協力により実施し、同野生動物保育研究所にて試料処理を行った。日本国内各地の野生ニホンザル生息地においても、糞便試料の収集を行った。

### (2) 試料の解析

収集した糞便試料については、鏡検を実施すると共に、糞便から DNA を抽出し、*E. nuttalli*、赤痢アメーバ、*E. dispar*、*E. moshkovskii*、大腸アメーバ、*E. chattoni*、*E. polecki* について、種特異的なプライマーを用いて PCR 法による検出を行った。また、細菌共棲培養によって *E. nuttalli* 株を分離培養し、一部の株は無菌化した。18S rRNA 遺伝子の他、セリンリッチタンパク質遺伝子、tRNA 関連反復配列などについて PCR 増幅し、シーケンスを解析した。タイの学校において、児童生徒から検出された赤痢アメーバと *E. dispar* についても、DNA 多型を解析した。また、一部の糞便試料については、宿主マカクの mtDNA HVS-I 遺伝子を PCR 増幅し、解析した。

### (3) 全ゲノム解析

*E. nuttalli* の標準株である P19-061405 株について、ロングリードとショートリードの塩基配列データを用い、全ゲノムの解析を行った。

### (4) タンパク質の解析

大腸菌で *E. nuttalli* 由来の組換えタンパク質を調製した。精製タンパク質でマウスを免疫してポリクローナル抗体を作製し、免疫染色に使用した。

## 4. 研究成果

### (1) ネパールの野生マカクから分離した *E. nuttalli* における遺伝的多型性

カトマンズ市内の寺院やナガルジュン国立公園に生息するアカゲザルやアッサムモンキーの

糞便 49 検体について、各種 *Entamoeba* の感染率を PCR 法で調べた。*E. chattoni* 陽性が 92%、大腸アメーバ陽性が 86%、*E. nuttalli* 陽性が 41%、*E. dispar* 陽性が 18%であったが、赤痢アメーバは検出されなかった。培養により 4 株の *E. nuttalli* を分離し、そのうち 3 株については無菌化に成功した。セリンリッチタンパク質遺伝子の解析では、4 株は 2 つのタイプに分類された。これらの遺伝子型は以前にカトマンズの別の場所で分離した株の遺伝子型とそれぞれ一致し、カトマンズ溪谷の北西部と北東部において異なるタイプの株が分布していると考えられた。

(2) タイ南部の野生マカクから分離した *E. nuttalli* における遺伝的多型性

タイ南部のチュンポンとラノーンにおいて採取したカニクイザルとミナミブタオザルの糞便 106 検体における各種アメーバの陽性率は、*E. chattoni* と大腸アメーバが 75%、*E. nuttalli* が 44%、*E. dispar* が 8%であり、赤痢アメーバは検出されなかった。細菌共棲培養により、7 株の *E. nuttalli* を分離した。分離株では地理的分布や宿主の違いを反映する遺伝的多型性が認められた。

(3) 台湾の野生タイワンザルから分離した *E. nuttalli* における遺伝的多型性

台湾東部の東河と南部の南化において収集した糞便 68 検体における各種アメーバの陽性率は、*E. chattoni* が 93%、*E. nuttalli* が 47%、大腸アメーバが 44%であった。赤痢アメーバ、*E. dispar*、*E. polecki*、*E. moshkovskii* は検出されなかった。さらに糞便を細菌共棲培養することにより、東河の検体から 3 株の *E. nuttalli* を分離した。また、tRNA 関連反復配列の座位 D-A の塩基配列を解析したところ、これまでに 5 タイプが同定され、これらは他種マカク由来の *E. nuttalli* の配列とは異なっており、地域によって特異な DNA 型であることを確認した。

(4) 中国の野生チベットモンキーから分離した *E. nuttalli* 株における遺伝的多型性と宿主-寄生体遺伝子の相関解析

中国の黄山に生息するチベットモンキーの糞便 60 検体について、PCR 法による *Entamoeba* の検出を行った。*E. chattoni* 陽性が 87%、*E. nuttalli* 陽性が 58%、大腸アメーバ陽性が 25%であったが、赤痢アメーバや *E. dispar* は検出されなかった。*E. nuttalli* を 6 株分離培養して遺伝的多型を調べたところ、セリンリッチタンパク質遺伝子と tRNA 関連反復配列はすべての株で同じであったが、これまでに報告している峨眉山に生息するチベットモンキーや中国のアカゲザル由来株の型とは異なっていた。これらの株も含めて解析したところ、地理的距離と遺伝的距離において、有意な相関が認められた。さらに、宿主マカクの mtDNA HVS-I 遺伝子も含めて解析したところ、より強い相関が認められた。

(5) 野生ニホンザルから分離した *E. nuttalli* における遺伝的多型性

これまでに日本国内において収集した糞便検体の PCR では、*E. nuttalli* は本州に生息するニホンザルからのみ検出され、赤痢アメーバや *E. dispar* の野生ニホンザルにおける感染は確認できなかった。分離した *E. nuttalli* 10 株について、遺伝子型を比較した。その結果、18S rRNA 遺伝子では 3 タイプ、セリンリッチタンパク質遺伝子では大きく 4 タイプに分類され、東日本側の 2 グループはアカゲザルやカニクイザルなどの大陸由来株との差異が大きかった。ニホンザルは最終氷期に祖先の分布が西日本に縮小し、後氷期に東日本で拡大したとする仮説があるが、*E. nuttalli* も共進化したと考えると、本研究結果はこの仮説を支持する。

(6) ネパールの学校における腸管寄生アメーバの感染状況調査

カトマンズ市内で校内に野生アカゲザルが出没する 2 つの学校の計 185 名の児童生徒の糞便検体について、PCR 法によって *Entamoeba* を探索したところ、大腸アメーバ陽性が 13%、*E. dispar* 陽性が 0.5%であったが、赤痢アメーバは検出されなかった。*E. nuttalli*、*E. chattoni* もすべて陰性であり、サルを自然宿主とする腸管寄生アメーバのヒトへの感染は確認されなかった。

(7) タイ北西部ミャンマー国境付近の学校における腸管寄生アメーバの感染状況調査

Tak 州 Tha Song Yang において、3 つの学校の児童生徒 1,233 名の糞便検体における各種アメーバ陽性率を PCR にて解析した。その結果、赤痢アメーバ陽性は 2.5%、*E. dispar* 陽性は 4.5%、大腸アメーバ陽性は 22%であった。一方で、*E. moshkovskii* や *E. nuttalli* は検出されなかった。細菌共棲培養によって、赤痢アメーバ 5 株と *E. dispar* 5 株を分離し、このうち赤痢アメーバ 2 株については完全無菌化に成功した。培養虫体と一部の糞便検体から抽出した DNA の解析から、この地域における赤痢アメーバと *E. dispar* の遺伝的多型の特徴が明らかになった。tRNA 関連反復配列の座位 D-A において、赤痢アメーバでは 13 検体で 5 タイプ、*E. dispar* では 45 検体で 13 タイプが確認された。特に小学校では、クラス内で同一の DNA 型が有意に多く認められたことから、校内におけるヒト-ヒト伝播が示唆された。また、兄弟姉妹も在籍しているグループのアメーバ感染率は有意に高く、家庭内での伝播も示唆された。

(8) *E. nuttalli* の全ゲノム解析

ネパールのアカゲザル由来の *E. nuttalli* P19-061405 株の全ゲノムについて、ロングリードとショートリードの塩基配列データを用い、9,647 遺伝子を含む 23 Mb のアセンブリデータを構築した。そして、赤痢アメーバに加え、霊長類を宿主とするが非病原性の *E. dispar*、爬虫類を宿主とする *E. invadens* との比較ゲノム解析を行った。その結果、*E. nuttalli* ゲノムに含まれる 6,602 遺伝子群のうち、4,564 遺伝子群は 4 種の *Entamoeba* に共通に存在し、1,327 遺伝子群は霊長類を宿主とする *Entamoeba* に共通であった。一方で、114 遺伝子が *E. nuttalli* に特異的に存在していた。詳細な解析を行った結果、8 アミノ酸配列[G,E]KPTDTPS の 42 回反復を含む特徴的なタンパク質をコードする遺伝子が同定された。組換えタンパク質に対して作製したポリクローナル抗体を用いて *E. nuttalli* の免疫染色を行い、このタンパク質が虫体表面に局在していることを確認した。また、他の 3 種の *Entamoeba* は染色されず、種特異的なタンパク質であることが示唆された。このタンパク質は、*E. nuttalli* が宿主マカクとの長い共進化の過程で獲得した可能性がある。虫体の表面タンパク質は宿主特異性や病原性、免疫機構からの回避に関わると考えられ、このタンパク質の宿主寄生体関係において果たす役割が注目される。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計24件（うち査読付論文 22件 / うち国際共著 17件 / うちオープンアクセス 14件）

1. 著者名 Tuda Josef, Feng Meng, Imada Mihoko, Kobayashi Seiki, Cheng Xunjia, Tachibana Hiroshi	4. 巻 63
2. 論文標題 Identification of Entamoeba polecki with unique 18S rRNA gene sequences from Celebes crested macaques and pigs in Tangkoko Nature Reserve, North Sulawesi, Indonesia	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Journal of Eukaryotic Microbiology	6. 最初と最後の頁 572 ~ 577
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/jeu.12304	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 Guan Yue, Feng Meng, Min Xiangyang, Zhou Hang, Fu Yongfeng, Tachibana Hiroshi, Cheng Xunjia	4. 巻 12
2. 論文標題 Characteristics of inflammatory reactions during development of liver abscess in hamsters inoculated with Entamoeba nuttalli	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 PLOS Neglected Tropical Diseases	6. 最初と最後の頁 e0006216
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pntd.0006216	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 該当する
1. 著者名 Feng Meng, Pandey Kishor, Yanagi Tetsuo, Wang Ting, Putaporntip Chaturong, Jongwutiwes Somchai, Cheng Xunjia, Sherchand Jeevan B., Pandey Basu Dev, Tachibana Hiroshi	4. 巻 117
2. 論文標題 Prevalence and genotypic diversity of Entamoeba species in inhabitants in Kathmandu, Nepal	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Parasitology Research	6. 最初と最後の頁 2467 ~ 2472
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00436-018-5935-2	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 Wei Miao, Feng Meng, Guan Yue, Guo Ce, Zhou Hang, Fu Yongfeng, Tachibana Hiroshi, Cheng Xunjia	4. 巻 12
2. 論文標題 Correlation of genetic diversity between hosts and parasites in Entamoeba nuttalli isolates from Tibetan and rhesus macaques in China	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 BioScience Trends	6. 最初と最後の頁 375 ~ 381
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.5582/bst.2018.01157	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 該当する

1. 著者名 Tanaka Masayuki, Makiuchi Takashi, Komiyama Tomoyoshi, Shiina Takashi, Osaki Ken, Tachibana Hiroshi	4. 巻 13
2. 論文標題 Whole genome sequencing of Entamoeba nuttalli reveals mammalian host-related molecular signatures and a novel octapeptide-repeat surface protein	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 PLOS Neglected Tropical Diseases	6. 最初と最後の頁 e0007923
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pntd.0007923	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 Feng Meng, Yanagi Tetsuo, Putaporntip Chaturong, Pattanawong Urassaya, Cheng Xunjia, Jongwutiwes Somchai, Tachibana Hiroshi	4. 巻 70
2. 論文標題 Correlation between genotypes and geographic distribution of Entamoeba nuttalli isolates from wild long-tailed macaques in Central Thailand	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Infection, Genetics and Evolution	6. 最初と最後の頁 114 ~ 122
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.meegid.2019.02.030	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 Pattanawong Urassaya, Putaporntip Chaturong, Kakino Azumi, Yoshida Naoko, Kobayashi Seiki, Yanmanee Surasuk, Jongwutiwes Somchai, Tachibana Hiroshi	4. 巻 15
2. 論文標題 Analysis of D-A locus of tRNA-linked short tandem repeats reveals transmission of Entamoeba histolytica and E. dispar among students in the Thai-Myanmar border region of northwest Thailand	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 PLOS Neglected Tropical Diseases	6. 最初と最後の頁 e0009188
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pntd.0009188	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 該当する

1. 著者名 Mon Hla Myat, Feng Meng, Pattanawong Urassaya, Kosuwin Rattiporn, Yanagi Tetsuo, Kobayashi Seiki, Putaporntip Chaturong, Jongwutiwes Somchai, Cheng Xunjia, Tachibana Hiroshi	4. 巻 92
2. 論文標題 Genotyping of Entamoeba nuttalli strains from the wild rhesus macaques of Myanmar and comparison with those from the wild rhesus macaques of Nepal and China	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Infection, Genetics and Evolution	6. 最初と最後の頁 104830 ~ 104830
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.meegid.2021.104830	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 Ling Zijian, Feng Meng, Xu Jian, Tachibana Hiroshi, Cheng Xunjia	4. 巻 93
2. 論文標題 Identification of Mamu-DRB1 gene as a susceptibility factor for Entamoeba nuttalli infection in Chinese Macaca mulatta	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Infection, Genetics and Evolution	6. 最初と最後の頁 104952 ~ 104952
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.meegid.2021.104952	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 橘 裕司、小林正規	4. 巻 37
2. 論文標題 人獣共通感染症としてのアメーバ症	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 病原微生物検出情報	6. 最初と最後の頁 249-250
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 無
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 -

[学会発表] 計33件 (うち招待講演 1件 / うち国際学会 2件)

1. 発表者名 Tachibana Hiroshi, Pattanawong Urassaya, Kakino Azumi, Kobayashi Seiki, Yoshida Naoko, Putaporntip Chaturong, Jongwutiwes Somchai
2. 発表標題 Prevalence and genotypic diversity of Entamoeba histolytica and Entamoeba dispar in schoolchildren from the Thai-Myanmar border region in northwest Thailand
3. 学会等名 29th European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Pandey Kishor, Yoshida Naoko, Kakino Azumi, Makiuchi Takashi, Kobayashi Seiki, Chalise Mukesh, Pandey Basu, Tachibana Hiroshi
2. 発表標題 Intestinal parasitic infections among humans and macaques in Nepal
3. 学会等名 29th European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 橘 裕司, 馮 萌, 柳 哲雄, Putaporntip Chaturong, Pattanawong Urassaya, 程 訓佳, Jongwutiwes Somchai
2. 発表標題 タイ中央部に生息する野生カニクイザルから分離した腸管寄生アメーバ <i>Entamoeba nuttalli</i> のDNA型と地理的分布の相関
3. 学会等名 第35回日本霊長類学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 田中政之, 牧内貴志, 橘 裕司
2. 発表標題 <i>Entamoeba nuttalli</i> の全ゲノム解析によって明らかになった <i>Entamoeba</i> 種間の共通遺伝子群と種特異的な新規表面タンパク質
3. 学会等名 第89回日本寄生虫学会大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 橘 裕司, 小林正規, 柳 哲雄, 松岡史朗, 辻 大和, 垣野あずみ, 金田良雅, 松林清明
2. 発表標題 わが国に分布するマカクにおける <i>Entamoeba nuttalli</i> の感染状況と分離株の遺伝的多様性
3. 学会等名 第90回日本寄生虫学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 橘 裕司, Pattanawong Urassaya, 垣野あずみ, 小林正規, 吉田菜穂子, Putaporntip Chaturong, Jongwutiwes Somchai
2. 発表標題 タイ北西部ターク県の学校における腸管寄生アメーバの感染状況調査
3. 学会等名 第59回日本熱帯医学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 橋 裕司、Pattanawong Urassaya、垣野あずみ、小林正規、吉田菜穂子、Putaporntip Chaturong、Jongwutiwes Somchai
2. 発表標題 タイ北西部ミャンマー国境地帯の学校における赤痢アメーバとEntamoeba disparの分布および遺伝子多型の解析
3. 学会等名 第88回日本寄生虫学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 橋 裕司、Guan Yue、Feng Meng、Cai Junlong、Min Xiangyang、Zhou Xingyu、Xu Qing、Tan Ning、Cheng Xunjia
2. 発表標題 中国に生息する野生チベットモンキーからの腸管寄生アメーバEntamoeba nuttalliの分離と遺伝的多型解析
3. 学会等名 第33回日本霊長類学会大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 橋 裕司
2. 発表標題 赤痢アメーバ症の診断 - 知っておきたい近縁種 -
3. 学会等名 第77回日本寄生虫学会東日本支部大会（招待講演）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 橋 裕司、小林正規、垣野あずみ、牧内貴志、吉田菜穂子、Pandey Kishor、Chalise Mukesh、Pandey Basu
2. 発表標題 ネパールのヒトとマカクにおける病原アメーバEntamoeba nuttalli感染の探索と分離株の遺伝的多型解析
3. 学会等名 第58回日本熱帯医学会大会・第32回日本国際保健医療学会学術大会・第21回日本渡航医学会学術集会合同大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 田中政之、牧内貴志、小見山智義、椎名 隆、橘 裕司
2. 発表標題 ロングリードおよびショートリードハイスループットシーケンサーを用いたEntamoeba nuttalliの全ゲノムシーケンシング解析
3. 学会等名 第87回日本寄生虫学会大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 橘 裕司、Tuda Josef、馮 萌、今田美穂子、小林正規、程 訓佳
2. 発表標題 スラウェシ島のクロザルにおける腸管寄生アメーバの感染状況
3. 学会等名 第32回日本霊長類学会大会
4. 発表年 2016年

〔図書〕 計0件

〔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	牧内 貴志  (MAKIUCHI Takashi)  (80587709)	東海大学・医学部・講師   (32644)	

	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 協力者	小林 正規  (KOBAYASHI Seiki)		
研究 協力者	吉田 菜穂子  (YOSHIDA Naoko)		

6. 研究組織（つづき）

	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
研究協力者	程 訓佳  (CHENG Xunjia)		

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			
タイ	チュラロンコン大学			
中国	復旦大学	国立屏東科技大学		
ネパール	エベレスト国際臨床研究センター	トリブバン大学		