

令和 4 年 6 月 13 日現在

機関番号：24402

研究種目：挑戦的研究(萌芽)

研究期間：2019～2021

課題番号：19K22459

研究課題名(和文)病原細菌の宿主適応とニッチ拡散：定着因子の分子進化から拓く微生物生態学の新展開

研究課題名(英文) Host adaptation and niche expansion of pathogenic bacteria: a new approach of microbial ecology based on molecular evolution of colonization factors

研究代表者

和田 崇之(WADA, Takayuki)

大阪市立大学・大学院生活科学研究科・教授

研究者番号：70332450

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,900,000円

研究成果の概要(和文)：細菌が感染するには、菌体表面の「定着因子」が宿主の細胞を認識・接着する必要がある。このことから、定着因子の進化は、宿主をまたいで感染を広げる細菌の生存戦略とも言える。本研究課題では、宿主域を変化させうる可能性が高い定着因子(クラスCU)に着目し、さまざまな動物由来の大腸菌株遺伝子の配列データを解析するとともに、保有株の検出システムを確立し、ヒト細胞接着性を持つ新規定着因子の同定に成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

微生物が宿主に感染する時、第1段階としてその宿主細胞に接着する必要がある。本研究では宿主細胞に接着するための菌体成分(定着因子)に着目し、ヒトや家畜、その他動物から分離された大腸菌株の定着遺伝子を比較・検証し、その相関や接着性能、新しいヒト接着因子の発見に結びつけた。こうした結果は、未知の食中毒・感染症の原因究明に役立てられる基礎的データとなるとともに、様々な動物を宿主として広がる感染性微生物の生態を知る手がかりとして活用していくことができる。

研究成果の概要(英文)：In bacterial infection, colonization factors (CFs) on the surface of the bacteria need to recognize and adhere to host cells. Thus, the evolution of CFs can be regarded as a survival strategy for bacteria that spread infection over different hosts. In this project, we focused on a CF (-class CU) that is considered to have a high potential to switch the host range. We analyzed the sequence data of the genes of Escherichia coli strains isolated from various resources, established a detection system for the CF homologues, and successfully identified novel CFs possessing human cell adhesion properties.

研究分野：微生物学

キーワード：腸内細菌 宿主適応 定着因子 分子進化 細菌ゲノム

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

(1) 病原体が宿主に感染するには、宿主細胞を認識して接着することがその初期段階として必須である。本研究において取り上げる腸内細菌をはじめとして、多くの感染性細菌では、定着因子と呼ばれるタンパク質が細菌の表面に露出しており、宿主細胞表面に局在するさまざまな分子(糖やタンパク質など)を特異的に認識して速やかに接着する。定着因子の多くは微細な線毛構造を持ち、細菌が宿主細胞に効率よく接着するために適した形状を呈している。定着因子と接着する対象分子の間に見られる特異的認識は、宿主だけでなく感染組織をも規定する。例を挙げると、尿路感染性大腸菌は腸管上皮細胞だけでなく尿路上皮細胞、腎上皮細胞などにも接着できることが病原性的一端となっている。

(2) 感染性細菌が異なる宿主間をまたいで伝播し、感染域を広げることが有利にはたらくとき、定着因子には正の淘汰圧(突然変異することによって新たな特性を持ち、それが有利に機能しうるような状況)がかかることとなる。つまり、新たな宿主へと移行した微生物がその中でうまく感染を成立させるには、定着因子が変異し、新たな宿主細胞への接着能を獲得することが求められる。こうした適応進化により、定着因子には極めて多様なバリエーションの形成と遺伝子の多重化が起こり、結果として菌体にはさまざまな接着能がもたらされる。実際、ヒトに限らず、さまざまな動物種をターゲットとした定着因子がこれまでも多数報告されており、定着因子における遺伝子配列の近縁性や系統関係を「宿主を超えた感染伝播の痕跡」として検証することが可能である。

(3) 主に腸内細菌科において重要な定着因子として機能しているのが「シャペロン-アッシャー型定着因子(CU)」である。CUは、(i) 菌体外に露出し、細胞接着を担うアドヘジン、(ii) 菌体外膜に局在し、アドヘジンの土台となるアッシャー、(iii) アッシャーを経由してアドヘジンを菌体外へ送り出す機能を持つシャペロンによって構成される。シャペロン・アッシャーはアミノ酸配列の保存度がきわめて高いのに対し、アドヘジンは多型性に富み、上述したような正の淘汰圧を受けて接着対象を進化的に切り替えてきたことが示唆される。近年、Nuccioら(*Microbiol Mol Biol Rev*, 2007)は、過去に報告されてきたアッシャーのアミノ酸配列をもとに分子系統樹を構築し、CUが大きく6遺伝系統($\alpha, \beta, \gamma, \kappa, \sigma, \pi$)に分類できることを示した。こうした定義は、それまで新規定着因子が発見されるたびに新たな名称が付与された結果として、分類上大きく混乱することとなった状況を整理するものであり、CU全体の多様性、役割、普遍性を俯瞰する上で重要な基盤を与える。

(4) κ クラスはNuccioらが定義したCUクラスの一つであり、子豚下痢症の原因となる病原性大腸菌の定着因子として古くから知られるF4(K88)を含む。また、本研究の代表者らが研究対象としてきた毒素原性大腸菌O169:H41の保有するプラスミドには、F4(K88)に高い相同性を示す新規定着因子であるK88_{O169}が見出されており、その接着対象がヒト上皮細胞である可能性が示唆されている(未発表データ)。こうした状況を踏まえ、F4(K88)のシャペロンをコードする遺伝子*faeE*を核酸配列データベースにて相同性検索したところ、ヒトの定着因子として既に同定されていたCshやLda、ウサギ定着因子であるAF/R2のほか、爬虫類常在性が高いサルモネラ、魚病菌として報告されるエドワジエラ、植物病菌であるエルウィニアなどの遺伝子配列が検出された。こうした結果は、 κ クラスCUの極めて高い配列保存度と、それに反して菌種多様性・宿主多様性が極めて広い状況が浮かび上がってきた。これらの定着因子群は短い系統進化時間のうちに幅広い宿主域へと感染対象を広げてきた可能性が高く、捕食-被食関係のような生態学的相関や共通水源の利用など、宿主間をまたいだ微生物伝播の関係性を示す指標として活用できる可能性があると考えられた。

(5) 以上のような背景のもと、本研究代表者は*faeE*_{O169}における相同配列群の共通配列部分を利用し、遺伝子検出技術を確認した。ヒト、家畜、野生動物の糞などの試料から抽出されたDNAをターゲットとした予備的分析では、本遺伝子(または高相同性遺伝子)が高頻度で検出された。こうしたことから、 κ クラスCU、とりわけF4(K88)と高い相同性を示す定着因子(F4-related Adhesins, F4-rAds)の配列情報を多様な試料から集積し、その系統進化を追うことができれば、生態学的観点から見た感染性微生物の拡散と未知の伝播ネットワークを広域的に調査・分析できる可能性が高まった。

(6) これらの微生物生態学的観点に加え、CUのヒト病原因子としての潜在的危険性は充分認識されていない。既知の毒素原性大腸菌では、毒素遺伝子保有株が特定のCUを組み合わせて保持していることが病原性と強く関連することがわかっており、これらの定着因子が実際にヒト細胞への接着能を示すことが病原性を担保している。しかし、これらの定着因子に関する先行研究は毒素遺伝子を保有する菌株のみを対象としたアプローチであり、遺伝子の水平伝播によって病原性を新規に獲得していく腸内細菌の進化様式を踏まえると、必ずしも十分な知見として成

立していない状況である。また、集団食中毒事例において時折検出される耐熱性腸管毒素 EAST-1 については、そうした定着因子の組み合わせに基づく調査研究も不十分であり、体系的な研究が待たれる段階である。

2. 研究の目的

本研究では、ヒト、家畜、野生動物の糞などの試料を多面的に収集し、ここから κ クラス CU (とくに F4-rAds) の多様性を網羅的に分析することで、本定着因子の高い宿主適応能が感染性細菌に与える拡散能の遺伝学的背景を示すとともに、宿主間の相関と定着因子の分子進化がもたらす病原性微生物の潜在リスクを探る研究領域、すなわち「感染微生物生態学」を確立することを目的とした。

(1) 当初目的とした広域的な環境調査・野外動物調査は、新型コロナウイルス感染症の流行により実施できない状況が発生したことから、先行研究によって大量に集積されていたヒト・家畜由来大腸菌株を対象として定着因子データの拡充を図るとともに、ヒト由来株の場合には新規病原因子の探索を目的とした。これにより、副次的に感染症学領域における研究成果を確保し、本来の目的に向けた研究進展として将来につなぐ糸口を増やすこととした。

(2) さらに、既にゲノム配列データベースに登録された大腸菌株のゲノム配列情報を参照し、 κ クラス CU がどのように分布しているのかを調査・分析することとした。とりわけ、様々な動物種から分離された菌株のゲノムデータを優先的に抽出し、 κ クラス CU の高相同性配列領域 (シャペロンまたはアッシャー遺伝子) を探索し、分子系統的な相同性と由来宿主間の関係性について検証することを目的とした。

3. 研究の方法

(1) 分析対象菌株

(i) 散発下痢症患者から単離した細菌 (924 株) の中から、ヒト上皮培養細胞 HEp-2 を用いた接着試験によって分散型接着性を示し、既知の定着因子である Afa/Dr を保有しないことが PCR によって確認された大腸菌株 (12 株) を対象とした。接着試験ではメチル- α -マンノピラノシドを添加することにより、マンノース依存型接着の可能性を除外した。これらの菌株は未知の新規定着因子によってヒト細胞に接着している可能性が考えられたことから、直接ゲノム DNA を抽出精製し、MiSeq (Illumina) を用いてショートリード配列を取得した。

(ii) ヒトおよび家畜 (ブタ・ウシ) の糞、ならびに食肉をはじめとした食品から分離された EAST-1 遺伝子 (*astA*) 保有大腸菌株 (計 308 株) を対象とした。これらの抽出 DNA を *faeE* 特異的リアルタイム PCR システムに供試し、F4-rAds 遺伝子の保有を確認した。本システムは 4 組の蛍光検出 PCR からなり、本分析では少なくとも 1 組の検出陽性によって遺伝子保有株であると判定した。陽性となった 55 株は直接ゲノム DNA を抽出精製し、MiSeq を用いてショートリード配列を取得した。

(2) *faeE* 特異的リアルタイム PCR システム

faeE の配列保存領域 (4 領域) を選択し、増幅プライマーおよび TaqMan プローブを合成してそれぞれ別チューブでのリアルタイム PCR により蛍光検出を行なった。各株のゲノム DNA は、精製後にゲノムコピー数を測定し、 1.0×10^5 コピーが鋳型となるよう濃度調整した。4 領域のうち、少なくとも 1 領域において蛍光陽性となった菌株を F4-rAds 保有株として判定した。

(3) 菌株ゲノム配列解読

ゲノム解読対象とした大腸菌 (計 67 株) から抽出されたゲノム DNA は MiSeq kit ver. 3 (600-cycle) により短鎖配列データを取得した。得られたデータを用いて CLC Genomics Workbench (QIAGEN) によってアセンブルし、コンティグを作成した。コンティグは DFAST (Tanizawa et al., *Bioinformatics*, 2018) によりアノテーションを行い、遺伝子予測した。

(4) ゲノム情報からの CU 遺伝子探索

各株のアノテーション結果から CU オペロンを探索するために、各株の全アノテーション結果 (アミノ酸配列) をデータベースとし、代表的なアッシャーのアミノ酸配列 (11 本) を検索配列とした BLASTp 検索を行なった。オペロン構造を Artemis (Carver et al., *Bioinformatics*, 2011) で目視確認し、シャペロン、アッシャー、およびアドヘジンにコードする遺伝子が含まれる領域を CU オペロンとして抽出した。

(5) ヒト由来株の新規 CU における細胞接着能検証

ヒト細胞接着能が認められ、ゲノム解読によって新規 κ クラス CU を 2 組保有することが確認された株 (V594) から、それぞれの CU オペロン領域を PCR 増幅してベクターに組換え、実験室大腸菌株 DH5 α に導入した。組換え株は上述した方法と同様に HEp-2 を用いた接着試験を行い、抗大腸菌抗体による免疫染色にて接着の有無を確認した。

(6) データベース登録株の配列探索および分子系統解析

PATRIC (Pathosystems Resource Integration Center) のゲノムデータベースから由来宿主ごとに大腸菌ドラフトゲノム配列をダウンロードし, *FaeE*_{O169} アミノ酸配列を検索配列として tBLASTn 相同性検索を行った. 相同配列を保有することが確認されたドラフトゲノムは Prokka (Seemann, *Bioinformatics*, 2014) によってオートアノテーションし, CU オペロン構造を精査した. 結果, シャペロン, アッシャー, およびアドヘジンをコードする遺伝子が確認されたゲノム配列 (171 株) を対象として選抜し, 分子系統解析に供した. アッシャー配列は既知のアミノ酸配列とともに MAFFT によってアライメントを作成し, MEGAX を用いて近接結合法によって分子系統樹を構築した. コアゲノム系統樹は ParSNP (Treangen et al., *Genome Biol.*, 2014) を用いて構築した.

4. 研究成果

(1) 既知定着因子 *Afa/Dr* を保有しない分散接着大腸菌 (12 株) について, ゲノム解読によりそれぞれの特性を確認した (表 1). *Afa/Dr* が ST131 をはじめとした特定の遺伝系統に集中して検出されるのに対し, *Afa/Dr* 非保有型の分散接着性は広く多系統的に分布し, 特定の遺伝的背景によって規定されていないことが想定された. 事実, 保有する CU レポートリーを系統的に分類すると, 株特異的な CU クラス (β , γ 3, κ) が認められ (表 2), こうした株固有性が菌株の接着対象に多様性を与えている可能性が示唆された. このうち, V594 が保有する 2 組の新規 κ クラス CU (V594K1, V594K2) を導入した実験室大腸菌株 DH5 α において HEp-2 細胞への接着が確認され (図 1), 本因子がヒト上皮細胞への接着能に寄与していることが示唆された.

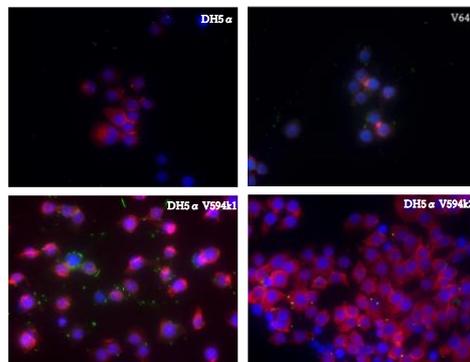


図 1 新規に同定された κ クラス CU の組換え体における HEp-2 細胞への接着. 細胞核 (青), 細胞質 (赤), 大腸菌 (緑) に抗体染色した. V64 は陽性コントロール.

表 1 既知定着因子 (*Afa/Dr*) を保有しない分散接着性大腸菌 (12 株) のゲノムデータに基づくプロファイル

菌株名	全長 (bp) / コンティグ数	遺伝子数	血清型	MLST	遺伝系統
V9	4,912,290 / 46	4,574	O13/O129:H4	357	B2
V123	4,767,448 / 38	4,418	O166:H49	2144	B1
V210	4,942,339 / 37	4,637	O13/O129:H4	357	B2
V236	5,176,478 / 84	4,838	O18ac:H5	12	B2
V255	5,012,194 / 59	4,652	O166:H15	349	D
V338	4,893,139 / 94	4,521	O126:H21	101	B1
V387	5,007,970 / 35	4,682	O83:H31	372	B2
V594	4,865,114 / 63	4,490	O150:H8	906	B1
V691	4,963,924 / 118	4,697	OUT:H33	10	A
V771	5,404,913 / 117	5,012	O11:H1	501	D
V915	5,201,211 / 86	4,856	OUT:H5	977	C
V920	5,001,219 / 90	4,855	O8:H3/H27	5784	A

表 2 既知定着因子 (*Afa/Dr*) を保有しない分散接着性大腸菌 (12 株) のゲノムデータに基づく保有 CU のレポートリー

菌株名	Usher 数	CU クラス									
		α	β	γ 1	γ 1#	γ 2	γ 3	γ 4	κ	π	σ
V9	9	1		2	2			2		2	
V123	13	2		4	2			2		3	
V210	9	1		2	2			2		2	
V236	11	1		3		1		3		3	
V255	12	1		4				3	1	3	
V338	13	2		4	2			2		3	
V387	10	1		4	1			2		2	
V594	15	2		4	2			2	2	3	
V691	11	1	1	2	1			3		3	
V771	10	1		2	1		1	3		2	
V915	13	2		3	3		1	1		3	
V920	10	2		3				2		3	

(2) 種々の試料から単離された *astA* 陽性大腸菌 (308 株) から, リアルタイム PCR によって *faeE* 遺伝子陽性と推定された株は 55 株 (17.9% : ヒト 4/18 (22.2%), ウシ 40/115 (34.8%), ブタ 1/108 (0.9%), 食品 10/67 (14.9%)) であった. これらの菌株のうち, ヒト糞便由来株のゲノムデータを詳細に解析したところ, うち 2 株からは既知のヒト定着因子である CS23 に近縁性が高い F4-rAds が, 1 株からは新規性が高い F4-rAds が検出された. また, 残る 1 株からは断片的に *faeE* 相同遺伝子が検出されたものの, オペロン構造は識別できなかった. なお, 他の由来株におけるゲノム解析は現在 (2022 年 6 月) 実施中であり, 年度内に終了予定である. 本結果は, *faeE* 検出システムが正しく機能し, κ クラス CU 保有株を選択する上で有効な方法であったことを示すとともに, *astA* 陽性大腸菌において本因子群が何らかの接着応答に寄与している可能性が示唆される.

(3) PATRIC データベースから, ヒト (日本国内), ウシ (日本国内), ブタ, ニワトリ, ウサギ, ウマ, ヒツジ, イヌを由来宿主とする大腸菌ドラフトゲノムを取得した (4,924 株). ここから相同性検索によって *faeE* 遺伝子陽性と推定された株は 218 株 (4.4% : ヒト 20/1,151 (1.7%), ウシ 52/442 (11.8%), ブタ 56/1,297 (4.3%), ニワトリ 58/1,319 (4.4%), ウサギ 8/23 (34.8%), ウマ 7/121 (5.8%), ヒツジ 5/115 (4.3%), イヌ 12/397 (3.0%)) であった. ここから, CU オペロン構造が保持されていることが確認できた 171 株を対象とし, アッシャーのアミノ酸配列に基づく分子系統樹を構築し (図 2 (A)), 相同性に従って 8 つの系統グループ (κ -usher phylogroup, KUP) を定義した. KUP は, それぞれ単一の宿主由来株で構成される群 (KUP2, 3, 4, 6, 8) と複数の宿主由来株が混在している群 (KUP1, 5, 7) に分類された. 前者のうち KUP3 は F4 (K88), KUP8 は AF/R2 を含み, これらが宿主特異的な病原性に寄与している可能性が示唆される一方, *Csh* や *Lda* は宿主が混在する KUP1 や, 特異性が高く, 分類されなかった配列として存在していた.

これらの菌株のコアゲノム配列に基づく分子系統樹を構築し、それぞれの KUP における系統分布を確認した (図 2 (B)). その結果、KUP2, 8 を除く KUP において、複数の菌株系統をまたいで分布していることが認められた. κ クラス CU はプラスミドにコードされていることが多いことから、菌株系統に限局されることなく菌種全体に普及していることが示唆される. 特に、複数の宿主由来株で保有されていた KUP1, 5, 7 はいずれも多系統に細かく分布し、活発に水平伝播を繰り返していることが裏付けられた. 本解析は既存データに基づくものであるが、多様な宿主から κ クラス CU の配列データを集積することで、宿主間における微生物の拡散伝播と適応進化の道筋を再構築できることが期待される.

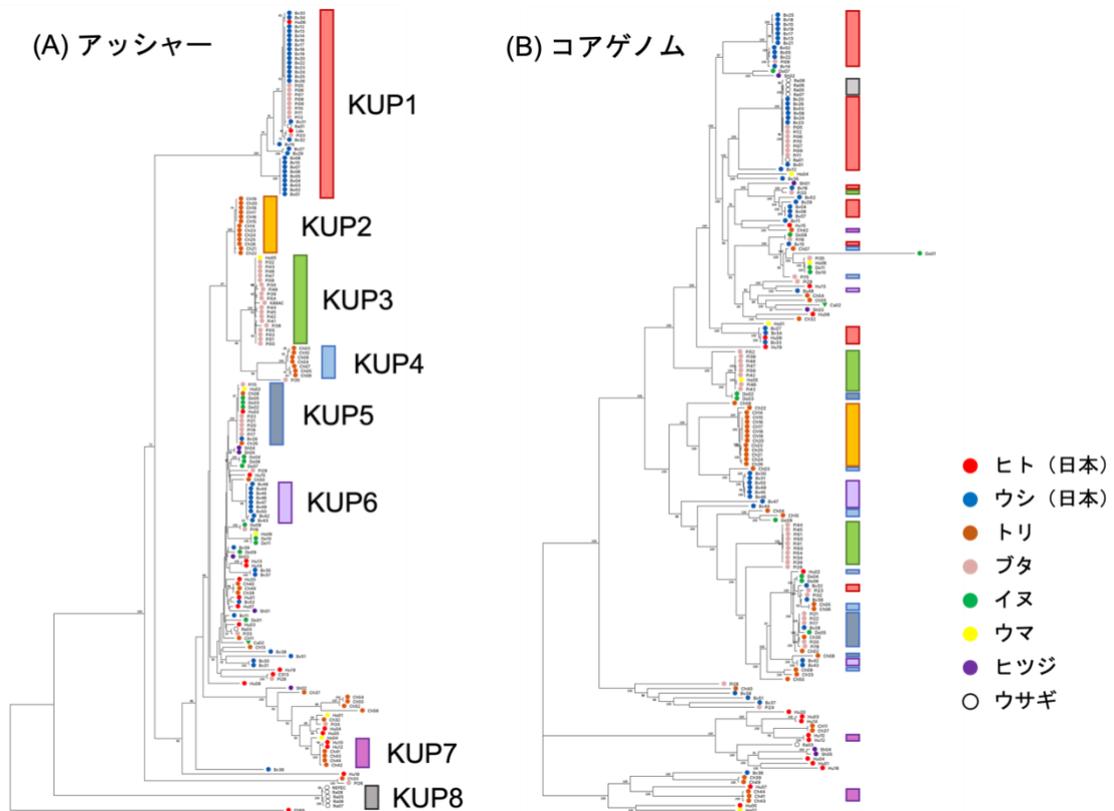


図 2 (A) PATRIC データベースから大腸菌ドラフトゲノム配列を取得し、 κ クラス CU 保有株を選んでそのアッシャー配列による分子系統樹を構築した. ここから、Bootstrap 値が高く、株数が多い系統を KUP1-8 として定義した. (B) コアゲノム系統樹により、KUP の菌株系統分布を確認した. 系統樹の右側に示した帯は、(A)で示した KUP 保有株を同色で示している. 各株の由来宿主は凡例に示している.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計6件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 4件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Yoshihiko Tanimoto, Miyoko Inoue, Kana Komatsu, Atsuyuki Odani, Takayuki Wada, Eriko Kage-Nakadai, Yoshikazu Nishikawa	4. 巻 150, e6
2. 論文標題 Seroepidemiological survey on pigs and cattle for novel K88 (F4)-like colonisation factor detected in human enterotoxigenic Escherichia coli	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Epidemiology and Infection	6. 最初と最後の頁 1-5
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1017/S0950268821002697	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 Yoshihiko Tanimoto, Miyoko Inoue, Kana Komatsu, Atsuyuki Odani, Takayuki Wada, Eriko Kage-Nakadai, Yoshikazu Nishikawa	4. 巻 2021.05.01
2. 論文標題 Seroepidemiological survey on pigs and cattle for novel K88 (F4)-like colonization factor detected in human enterotoxigenic Escherichia coli	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 bioRxiv	6. 最初と最後の頁 442292
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1101/2021.05.01.442292	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 -
1. 著者名 Parvej MS, Alam MA, Shono M, Zahan MN, Masuma Parvez MM, Ansari WK, Jowel MS, Uddin MS, Kage-Nakadai E, Rahman MT, Nishikawa Y	4. 巻 73(1)
2. 論文標題 Prevalence of Virulence Genes of Diarrheagenic Escherichia coli in Fecal Samples Obtained from Cattle, Poultry and Diarrheic Patients in Bangladesh	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Infectious Diseases	6. 最初と最後の頁 76-82
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.7883/yoken.JJID.2019.016	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 Parvej MS, Nakamura H, Alam MA, Wang L, Zhang S, Emura K, Kage-Nakadai E, Wada T, Hara-Kudo Y, Nishikawa Y	4. 巻 85(6)
2. 論文標題 Host range-associated clustering based on multi-locus variable-number tandem-repeat analysis, phylotypes, and virulence genes of atypical enteropathogenic Escherichia coli strains	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Applied and Environmental Microbiology	6. 最初と最後の頁 e02796-18
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1128/AEM.02796-18	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 Chen CC, Chang AM, Wada T, Chen MT, Tu YS	4. 巻 14(9)
2. 論文標題 Distribution of Carnivore protoparvovirus 1 in free-living leopard cats (<i>Prionailurus bengalensis chinensis</i>) and its association with domestic carnivores in Taiwan	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 PLoS ONE	6. 最初と最後の頁 e0221990
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0221990	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 Tsai MA, Wang PC, Yoshida S, Aono A, Mitarai S, Wada T, Chen SC	4. 巻 164
2. 論文標題 Establishment of loop-mediated isothermal amplification for rapid and convenient detection of <i>Mycobacterium marinum</i> complex	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Journal of Microbiological Methods	6. 最初と最後の頁 105671
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.jmimet.2019.105671	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

[学会発表] 計6件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 山崎康祐, 谷本佳彦, 陳彦霖, 西川禎一, 中台 (鹿毛) 枝里子, 和田崇之
2. 発表標題 定型接着因子不明な分散接着性大腸菌の全ゲノム解析
3. 学会等名 第42回日本食品微生物学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 鈴木優希, 谷本佳彦, 陳彦霖, 西川禎一, 和田崇之
2. 発表標題 astA保有大腸菌におけるF4相同性接着因子の検出
3. 学会等名 第42回日本食品微生物学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 山崎康祐, 谷本佳彦, 陳彦霖, 西川禎一, 中台(鹿毛)枝里子, 和田崇之
2. 発表標題 定型接着因子不明な分散接着性大腸菌の全ゲノム解析
3. 学会等名 第95回日本細菌学会総会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 鈴木優希, 谷本佳彦, 陳彦霖, 西川禎一, 和田崇之
2. 発表標題 astA保有大腸菌におけるF4相同性接着因子の検出
3. 学会等名 第95回日本細菌学会総会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 井上三代子, 小松加奈, 鄭冬明, 大森裕子, 山口良弘, 宮田真人, 和田崇之, 中台(鹿毛)枝里子, 西川禎一
2. 発表標題 ヒト腸管毒素原性大腸菌0169:H41の新規定着因子に対する抗体のブタにおける保有状況
3. 学会等名 第72回日本細菌学会関西支部総会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 井上三代子, 小松加奈, 鄭冬明, 大森裕子, 山口良弘, 宮田真人, 和田崇之, 中台(鹿毛)枝里子, 西川禎一
2. 発表標題 ブタおよびウシにおけるヒト腸管毒素原性大腸菌0169:H41の新規付着因子に対する抗体保有状況
3. 学会等名 第93回日本細菌学会総会
4. 発表年 2020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	西川 禎一 (NISHIKAWA Yoshikazu) (60183539)	帝塚山学院大学・人間科学部・特任教授 (34423)	

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			
台湾	国立屏東科技大学			