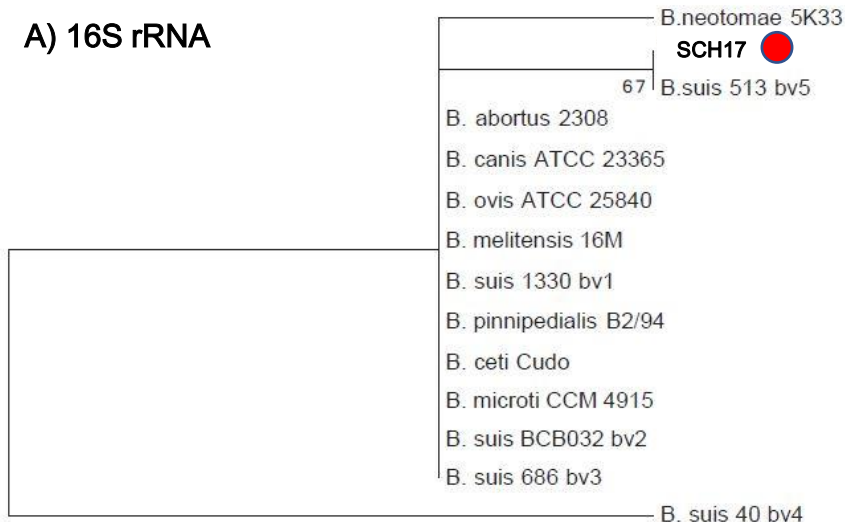


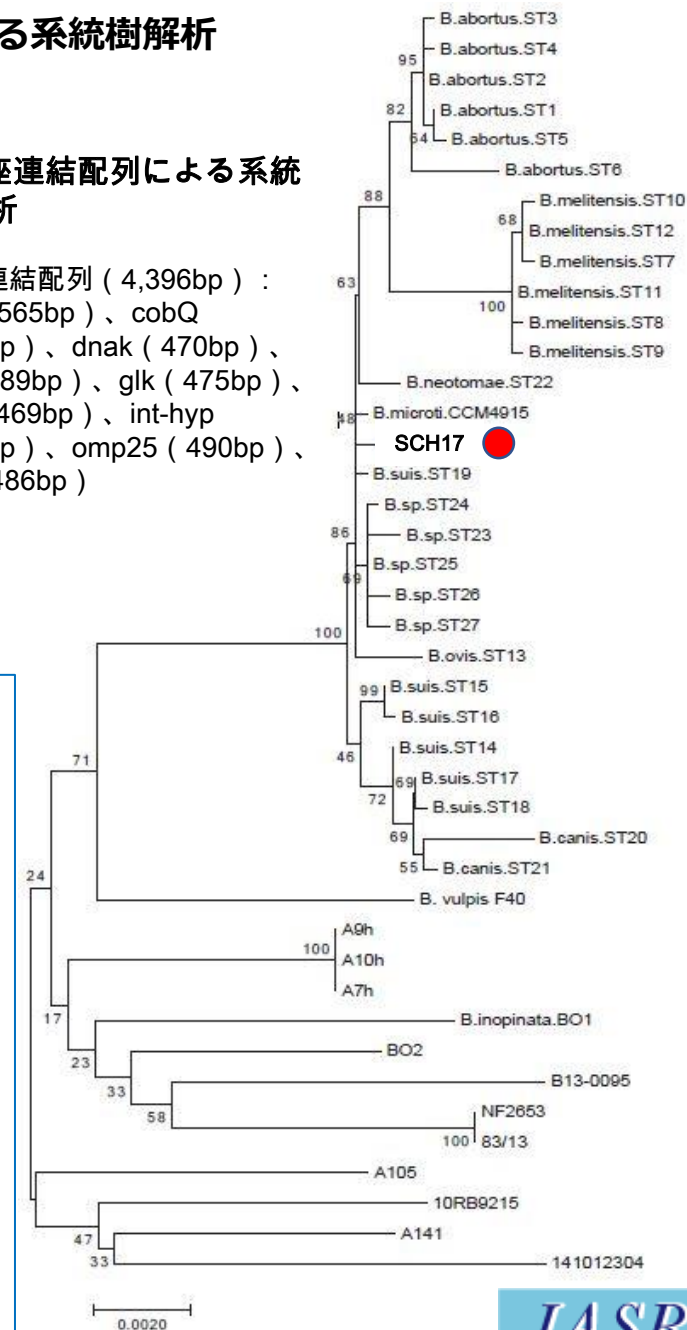
図 . 16S rRNA遺伝子配列および9座連結配列 (MLSA) による系統樹解析

A) 16S rRNA



B) 9座連結配列による系統樹解析

9座の連結配列 (4,396bp) :
 aroA (565bp) 、 cobQ
 (422bp) 、 dnaK (470bp) 、
 gap (589bp) 、 glk (475bp) 、
 gyrB (469bp) 、 int-hyp
 (430bp) 、 omp25 (490bp) 、
 trpE (486bp)



ST	Bacillus species	Host
1~6	<i>B. abortus</i>	牛、水牛、エルク
7~12	<i>B. melitensis</i>	山羊、めん羊、ラクダ
13	<i>B. ovis</i>	めん羊
14~19	<i>B. suis</i>	
20~21	<i>B. canis</i>	犬 (イヌ科)
22	<i>B. neotomae</i>	げっ歯目
23		ネズミイルカ、アシカ
24		アザラシ、クジラ
25	<i>B. sp (marine)</i>	アザラシ、イルカ
26		イルカ
27		イルカ、ヒト
B. suis biovar		
14	1	ブタ、いのしし
15	2	ブタ、野ウサギ
16	2	ブタ、野ウサギ
17	3, 4	ブタ、いのしし
18	4	トナカイ、カリブー
19	5	げっ歯目

系統樹は、MEGA7を用いてNJ法により推定した。
 ブートストラップ値 (1000回複製) はブランチの横に表示した。枝長、縮尺は、推定に用いられた進化距離と同じ縮尺で、描かれている (p-distance) 。
 ST1~27のシーケンスタイピングと菌種、宿主動物については右図に記載した。