

課題番号 : 26指103

研究課題名 : 次世代シーケンサを活用した結核菌等の薬剤耐性菌の高度・迅速検査法の開発と臨床応用

主任研究者名 : 秋山 徹

分担研究者名 : 切替 照雄

キーワード : 結核菌、全ゲノム配列、次世代シーケンサ、オンライン解析システム、分子疫学、ゲノム疫学、ネットワーク構築

研究成果 :

研究目的: 結核菌は世界最大規模の感染症であり、さらに抗菌剤がほとんど奏功しない多剤耐性菌の出現が問題となっている。結核菌の疫学的検査や薬剤耐性検査は PCR や培養などの労力を要する手法で実施されている。これらの検査の基盤はすべて結核菌の持つ遺伝子情報であり、結核菌全ゲノム情報取得により、理論的にはそれらを網羅的に解析可能である。次世代シーケンサの出現は結核菌全ゲノム情報の短時間で安価な入手を可能とした。筆者等は国内随一の次世代シーケンサによる病原体ゲノム解析の実績を有しており、既に千例以上の結核菌などの臨床分離株の全ゲノム解析を実施している。これらの実績を元に、これまで個別実施されていた結核菌の薬剤耐性・疫学検査を、次世代シーケンサによる解析で包括的に実施可能な基盤を開発した。結核の専門家はもとより、それ以外の研究者なども、次世代シーケンサのデータのみで、結核菌の薬剤耐性情報と疫学情報を取得可能とし、さらに従来では事実上不可能だった SNP レベルでの比較を行う高精細な結核菌型別を可能とする Web サービスを構築し、一般公開した。本研究では、一般公開されたサービスの有用性を検証するため、地方衛研と協力して、地方衛研に保有される結核菌株の詳細な疫学解析を行っている。

必要性: 結核菌治療の根幹である抗結核薬投与には、標的株の薬剤耐性情報獲得が必須である。これらの情報は従来、培養や PCR などの労力や時間を要する手法で個別実施されてきた。次世代シーケンサのデータによりこれらの情報を統合的に扱える基盤が構築可能である。次世代シーケンスにより、従来の疫学解析では検討不可能だった、接触感染事例など類似性の高い菌株同士の関係を解析することも可能となる。そのため、本計画で構築される結核解析基盤は、高精度でより迅速な結核菌治療開始に極めて有用であり必須の基盤となる。これらの基盤を誰でも利用可能

とするため、結核菌が収集されている地方衛研と協力して、保有株の詳細な疫学解析を行うことは、結核の全体像を把握するために極めて重要である。

期待される成果：本計画で構築される基盤は、結核菌臨床分離株のゲノム解析による薬剤耐性検出と疫学的情報を包括的に取得するための、検体採取からデータ出力までの徹底的に最適化されたワークフローを提供する。バイオインフォマティクスなどの高度な知識なしで利用可能な結核用 Web サーバーは、これまで存在しないため、結核菌の臨床と研究の両面に大きく貢献する。本研究では結核菌が収集されている地方衛研のネットワークを構築することで日本の結核の基本的な疫学情報が高精細に解明される。従来の結核の疫学解析は、大まかな菌の系統は把握可能であるが、集団感染事例など、元来、菌株同士が密接な関係にある事例を解析するのに足る解像力を持った系統解析法は、近年ようやく現実のものとなった全ゲノム配列解析を利用した SNP レベルの解析のみである。近年では、薬剤耐性になりやすい結核菌系統が報告されており、結核菌全体の疫学的動向を常に監視し、多剤耐性結核の出現などをモニターする必要がある。結核菌の薬剤耐性、疫学情報はすべて固有の遺伝子情報に基づいているため、対象菌株の全ゲノム解析により、理論的にはこれらの情報を取得可能である。本研究では、自動化解析サーバーにより、これまで煩雑な手段で実施されてきた結核菌の薬剤耐性情報や疫学情報を誰でも簡単に解析可能とする。

研究成果：これまで個別実施されていた結核菌の薬剤耐性・疫学検査を、次世代シーケンサによる解析に包括的に置き換える基盤を開発した。結核の専門家はもとより、それ以外の研究者なども、次世代シーケンサのデータのみで、結核菌の薬剤耐性情報と疫学情報（一般的に知られるものとしてスポリゴタイピング、VNTR、Beijing 型別など）を取得可能とし、さらに従来では事実上不可能だった SNP レベルでの比較を行う高精細な結核菌型別を可能とする Web サービスを構築し、一般公開した。当該ホームページは国立国際医療研究センター研究所ホームページから直接アクセス可能である (<http://castb.ri.ncgm.go.jp/CASTB/>)。すでに当該サービスには 1923 株のデータが登録されており、アフガニスタン、アルゼンチン、ブラジル、カナダ、中国、フィンランド、ドイツ、インド、アイルランド、イスラエル、イタリア、日本、韓国、マダガスカル、メキシコ、ネパール、オランダ、ニュージーランド、ポルトガル、ロシア、シンガポール、南アフリカ、タイ、ウガンダ、英国、米国ののべ 26 か国、81 名のユーザにより広く利用されている。

解析サービスは常にアップデートされており、特に薬剤耐性の検出効率を向上させるべく、データの収集を行っている。

本研究では、構築される結核菌の自動解析 Web サービスについて、地方衛生研究所などと協力して、結核菌全ゲノム配列の次世代シーケンサによる解析を、ノウハウを有する当センターで実施し、臨床分離株を中心に解析支援を行うスキームを構築することで、構築されたサーバーの効率的運用を促進し、新規の高度感染症診断技術の均てん化を図った。地方衛研との共同研究で、過去数年間の分離菌株すべてについて、全ゲノム配列を解析し、各菌株の疫学的背景を明らかにすることで、当該地域における、結核菌の伝搬状況を分子レベルで初めて明らかにすることができた。すなわち、当該地域では、北京型と呼ばれるタイプの結核菌が多い日本の状況をそのまま反映している一方で、外国人において、日本では分離頻度が極めて低いが、アフリカなどで高頻度に分離されるタイプが保有されているなど、地域性を反映した結核菌の分布がゲノムレベルで解明された。これらの知見に加えて、当該地域で発生した、集団感染疑い事例について、全ゲノム解析により、実際にそれらの症例が集団感染であることを分子レベルで確認した。

NCGM 呼吸器内科との共同研究では、特に注目される結核症例として、長期排菌 (67 株)、粟粒結核 (11 株)、髄膜炎 (37 株)、多剤耐性 (12 株)、QFT 陰性 (9 株)、骨関節結核 (20 株)、そしてこれらの比較対象となる一般的な結核症例 (105 株) に由来する分離菌株の全ゲノム解析を行った。特に解析が進んでいる長期排菌結核例では、分離菌株の系統分布が、一般的な症例とは異なっている傾向を見いだしており、症例数を蓄積中である。また、通常は結核菌専用の固形分離培地に増殖させた結核菌のゲノムを使用して解析を行っているが、耐性情報などが緊急に必要な症例の場合には、より迅速に増菌が可能な液体培地 (但し、他の菌種が混在している可能性が高まる) による培養から得たゲノムの全ゲノム解析を行い、結核菌の情報のみを抽出してから、解析を行う手法を確立し、薬剤耐性についてのより迅速な判定を可能とした。

Subject No. : 26A103

Title : Development and translational research for precise and rapid analyses for drug resistance pathogens including *Mycobacterium tuberculosis* complex based on next generation sequencing.

Researchers : Tohru Miyoshi-Akiyama and Teruo Kirikae

Key word : *Mycobacterium tuberculosis*, whole genome sequence, next generation sequencer, online analysis, molecular epidemiology, genome epidemiology, network establishment

Abstract :

We developed a server enabling online epidemiological analyses, prediction of drug resistance, and phylogenetic analysis based on SNP concatemers for *M. tuberculosis*. This CASTB consists of a bacterial isolate genome sequence database (BIGSdb), a velvet *de novo* assembler, MUMmer utilities and custom scripts. This CASTB can analyze three types of data, NGS (gzipped fastq file), assembled contigs (Multi Fasta) and registered isolate sequences. After determining whether the up-loaded sequences correspond to *M. tuberculosis*, CASTB performs spoligotyping, large sequence polymorphism (LSP) typing, Beijing typing and VNTR virtually, all of which are used to type these strains. These epidemiological data can be merged seamlessly with existing data based on wet experiments. Furthermore, CASTB performs phylogenetic analysis based on SNP concatemers, allowing very high-resolution analysis of relationships among *M. tuberculosis* isolates.

We analyzed the whole genome sequences of 18 laboratory strains obtained from the National Center for Biotechnology Information database using CASTB. The performance of the CASTB analysis to determine genotypings, including spoligotyping, VNTR, LSP and Beijing typing was satisfactory and accorded with available published data. We also analyzed 259 clinical isolates, including 36 drug-resistant isolates, which have been reported. The predictions of drug resistance by CASTB were consistent with the results of drug susceptibility testing. We are currently conducting an epidemiological study of *M. tuberculosis* clinical isolates in Tochigi prefecture, Japan. The results of which will be reported elsewhere.

Researchers には、分担研究者を記載する。

Currently, 1381 isolates have been registered in the service, and the service was utilized by users from Japan, Korea China, South Africa, United Kingdom, United states, India, Singapore, Brazil, New Zealand Russia federation, Thailand, Germany and Netherland. Information in the database to analyze isolates is constantly updated, and analysis speed has been improved improvement dramatically by refinement of the algorism.

In conclusion, CASTB is a useful tool for identifying strains from WGS data, even when bioinformatics knowledge is limited. User feedback may further improve CASTB, (email: [CASTB@ri.ncgm.go.jp](mailto:CASTB@ri.ncgm.go.jp)).

(modified from our publication (Iwai H, Kato-Miyazawa M, Kirikae T, Miyoshi-Akiyama T. CASTB (the comprehensive analysis server for the Mycobacterium tuberculosis complex): A publicly accessible web server for epidemiological analyses, drug-resistance prediction and phylogenetic comparison of clinical isolates. Tuberculosis (Edinb). 2015 Dec;95(6):843-4.

We also analyzed genetic diversity of *Mycobacterium tuberculosis* isolates from Tochigi prefecture, a local region of Japan. Foreign-born patients with tuberculosis (TB) may introduce globally disseminated isolates of *Mycobacterium tuberculosis* into large cities in Japan. The risk of dissemination of these isolates into local regions, however, has not been determined. This study analyzed the molecular epidemiology of *M. tuberculosis* isolates obtained from TB patients living in a local region of Japan. Whole genome sequences of 169 *M. tuberculosis* isolates, obtained from 148 Japanese-born and 21 foreign-born patients living in Tochigi, Japan, were analyzed using the Comprehensive analysis server for the *Mycobacterium tuberculosis* complex (CASTB). The 169 isolates were clustered into four clades; Lineage 2 (111 isolates 65.7%), Lineage 4 (43 isolates, 25.4%), Lineage 1 (13 isolates, 7.7%), and Lineage 3 (2 isolates, 1.2%). Of the 111 isolates belonging to Lineage 2, 79 (71.2%) were of the atypical Beijing sub-genotype. Of the 13 Lineage 1 isolates, nine (69.2%) were from foreign-born patients. The isolates belonging to Lineage 4 were further clustered into three clades, two containing isolates shared by both Japanese- and foreign-born patients.

Researchers には、分担研究者を記載する。

The two isolates belonging to Lineage 3 were obtained from foreign-born patients. The genotypic diversity of *M. tuberculosis* in a local region of Japan is increased primarily by the presence of isolates obtained from foreign-born patients.

(modified from our publication (Mizukoshi F, Miyoshi-Akiyama T, Iwai H, Suzuki T, Kiritani R, Kirikae T, Funatogawa K. Genetic diversity of Mycobacterium tuberculosis isolates from Tochigi prefecture, a local region of Japan. BMC Infect Dis. 2017 May 25;17(1):365.)

In a collaboration study with respiratory medicine at NCGM, as notable TB cases, whole genome sequence of *M. tuberculosis* isolates derived long carrier (67 isolates), miliary tuberculosis (11 isolates) , meningitis (37 isolates), multi-drug resistance (12 isolates), QFT-negative (9isolates), bone-joint tuberculosis (20 isolates),and conventional TB as the control (105 isolates) were analyzed. In long carrier cases, lineage distribution of isolates tended to be different from that of conventional TB cases. Thus we are now accumulating the isolates from cases and control.

Usually we use genomic DNA purified from isolates grown on solid media to analyze whole genome sequence. In case of which critical clinical information such as drug resistance, we use liquid media, which allows rapid growth of isolates (although bacteria other than *M. tuberculosis* might co-exist) to obtain whole genome sequence data rapidly. We established a method to extract *M. tuberculosis* data from the mixed bacterial sequence data. This method allows to obtain drug resistance data of the isolates more quickly.

# 結核菌等の病原体の全ゲノムオンライン解析

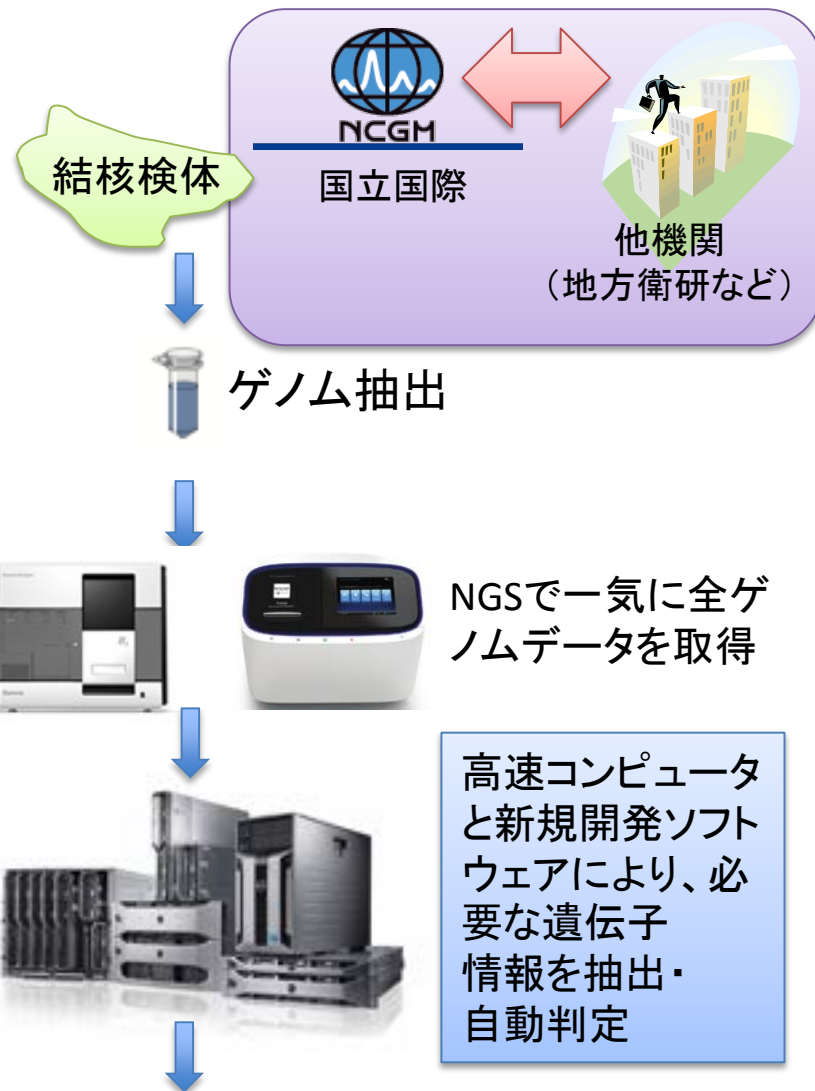
・結核菌の薬剤耐性・疫学情報を、次世代シーケンサ(NGS)による全ゲノム解析に基づき、自動判定するソフトウェアとコンピュータを構築し、対外的な解析サービスを提供する。

## 特徴

- ・NGSデータに基づく結核菌の薬剤耐性・疫学情報解析の自動化サービスを提供
- ・NGSデータさえあれば、**専門家**でなくとも詳細な結核菌解析が可能。
- ・NGSデータ取得のためのNCGMを中心とした地方衛研などの**機関ネットワーク**を構築

既にWebサービス公開を完了

[\(http://castb.ri.ncgm.go.jp/CASTB/\)](http://castb.ri.ncgm.go.jp/CASTB/)



薬剤耐性・疫学情報  
高精細系統解析



# 公開されているオンライン解析システム

トップ画面

The screenshot shows the homepage of CASTB. The header includes the logo and the text 'The Comprehensive Analysis Server for the Mycobacterium tuberculosis complex'. A navigation menu on the left lists: Introduction, Analysis, Site policy, Acknowledgment, Registration, Limitation, History, and Contact. The main content area features an 'Introduction' section with a sub-header 'A total solution for epidemiological and genomic analysis of Mycobacterium tuberculosis complex'. Below this, there is a paragraph describing the system's capabilities and a small image of a globe with red markers. The footer mentions the National Center for Global Health and Medicine (NCGM).

解析結果画面と結果のダウンロード先リンク

The screenshot displays the analysis results page. It shows several sections for different typing methods: Virtual Spoligo Typing, Virtual Long Sequence Polymorphism (LSP) Typing, Virtual Beijing Typing, and Virtual VNTR Typing. Each section contains a table of results with columns for isolate names and various genetic markers. At the bottom, there is a 'Download Files' section listing links for Virtual Beijing Typing, Virtual Drug Resistance Analysis, Virtual Long Sequence Polymorphism (LSP) Typing, Virtual Spoligo Typing, Virtual VNTR Typing, and a Tar file containing output files. A note at the bottom states: 'Please note that job results will remain on the server for 7 days.'

配列アップロードと解析選択画面

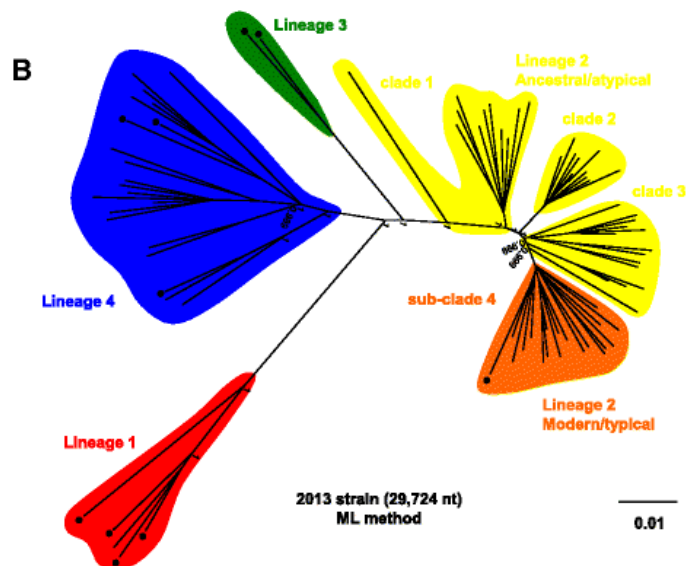
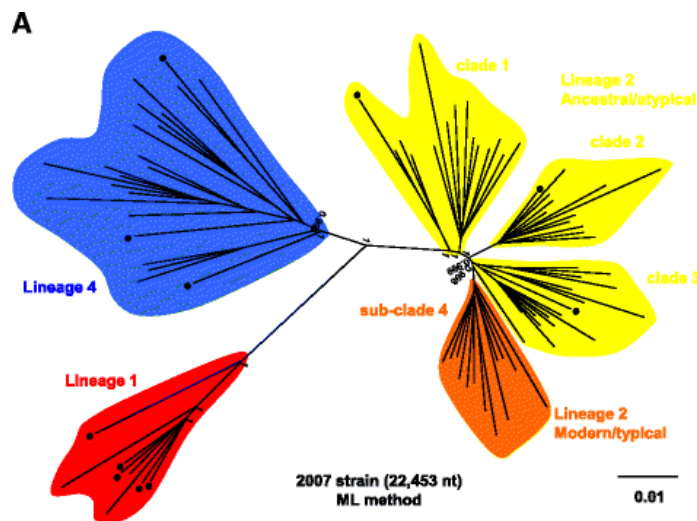
The screenshot shows the analysis selection and upload interface. It includes a 'Query Sequence' section with radio buttons for 'Assembled Genome/Contig Sequence (Multi Fasta)', 'NGS Sequence Data (gipped fastq file)', and 'Registered isolate sequence'. Below this are fields for 'Isolate Name', 'Alias', 'PubMed id', and 'Method'. There are also sections for 'Virtual Typing Parameters' (with checkboxes for Spoligo, LSP, Beijing, and VNTR typing) and 'Phylogenetic Analysis Parameters' (with a checkbox for 'Execute phylogenetic analysis'). At the bottom, there are input fields for 'Minimum distance between SNPs' and 'Minimum distance to end of sequence', and an 'E-Mail Notification' section with a checkbox for 'Notify me by e-mail when analysis finished'. 'Reset' and 'Submit' buttons are at the bottom.

<http://castb.ri.ncgm.go.jp/CASTB/>

- ・すでに1923株のデータが登録されている。
- ・アフガニスタン、アルゼンチン、ブラジル、カナダ、中国、フィンランド、ドイツ、インド、アイルランド、イスラエル、イタリア、日本、韓国、マダガスカル、メキシコ、ネパール、オランダ、ニュージーランド、ポルトガル、ロシア、シンガポール、南アフリカ、タイ、ウガンダ、英国、米国ののべ26か国、81名のユーザにより広く利用されている。



# 栃木県における結核菌分離株の遺伝的多様性

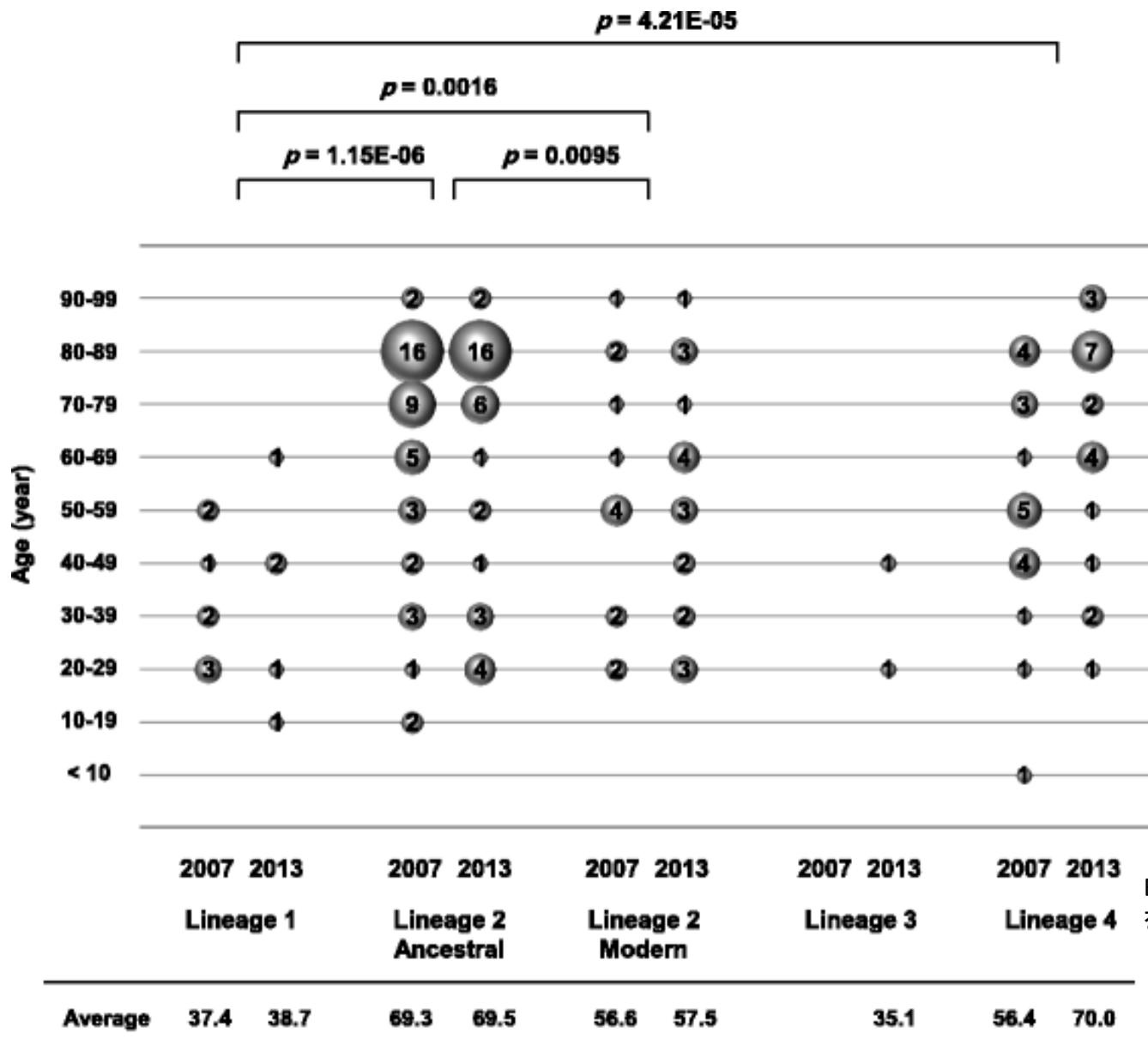


2007年と2013年の分離株の系統

	系統／北京型					
	系統1	系統2 祖先型	モダン型	系統3	系統4	系統5
Total	13 (9)	111 (4)		2 (2)	43 (6)	169 (21)
2007	8 (5) [9.2%]	44 (3) [50.6%]	13 (0) [14.9%]	0 (0) [0.0%]	22 (3) [25.3%]	87 (11) [100.0%]
2013	5 (4) [6.1%]	35 (0) [42.7%]	19 (1) [23.2%]	2 (2) [2.4%]	21 (3) [25.6%]	82 (10) [100.0%]

2013年には、2007年には見られなかった系統3の株が分離された。

# 栃木県における結核菌の系統と患者年齢の関係



系統2に感染した患者の中では、祖先型感染者はモダン型感染者よりも有意に高齢だった。系統1感染の日本出生者は系統2の祖先型と系統2モダン型と系統4の感染者よりも有意に若年だった。

BMC Infect Dis. 2017 May 25;17(1):365  
 を改変して引用

Average	37.4	38.7	69.3	69.5	56.6	57.5	35.1	56.4	70.0
---------	------	------	------	------	------	------	------	------	------

課題番号 : 26指103

研究課題名 : 次世代シーケンサを活用した結核菌等の薬剤耐性菌の高度・迅速検査法のネットワーク構築

主任研究者名 : 秋山 徹

分担研究者名 : 切替 照雄

キーワード : 結核菌、分子疫学、ゲノム疫学、ネットワーク構築

研究成果 :

研究目的: 結核菌は世界最大規模の感染症であり、さらに抗菌剤がほとんど奏功しない多剤耐性菌の出現が問題となっている。結核菌の疫学的検査や薬剤耐性検査は PCR や培養などの労力を要する手法で実施されている。これらの検査の基盤はすべて結核菌の持つ遺伝子情報であり、結核菌全ゲノム情報取得により、理論的にはそれらを網羅的に解析可能である。次世代シーケンサの出現は結核菌全ゲノム情報の短時間で安価な入手を可能とした。筆者等は国内随一の次世代シーケンサによる病原体ゲノム解析の実績を有しており、既に千例以上の結核菌などの臨床分離株の全ゲノム解析を実施している。これらの実績を元に、これまで個別実施されていた結核菌の薬剤耐性・疫学検査を、次世代シーケンサによる解析に包括的に置き換える基盤を開発する。結核の専門家はもとより、それ以外の研究者なども、次世代シーケンサのデータのみで、結核菌の薬剤耐性情報と疫学情報を取得可能とし、さらに従来では事実上不可能だった SNP レベルでの比較を行う高精細な結核菌型別を可能とする Web サービスを構築し、一般公開する。本研究では、一般公開されたサービスの有用性を検証するため、地方衛研と協力して、地方衛研に保有される結核菌株の詳細な疫学解析を行う。

必要性: 結核菌治療の根幹である抗結核薬投与には、標的株の薬剤耐性情報獲得が必須である。これらの情報は従来、培養や PCR などの労力や時間を要する手法で個別実施されてきた。次世代シーケンサのデータによりこれらの情報を統合的に扱える基盤が構築可能である。次世代シーケンスにより、従来の疫学解析では検討不可能だった、接触感染事例など類似性の高い菌株同士の関係を解析することも可能となる。そのため、本計画で構築される結核解析基盤は、高精度でより迅速な結核菌治療開始に極めて有用であり必須の基盤となる。これらの基盤を誰でも利用可能

とするため、結核菌が収集されている地方衛研と協力して、保有株の詳細な疫学解析を行うことは、結核の全体像を把握するために極めて重要である。

期待される成果：本計画で構築される基盤は、結核菌臨床分離株のゲノム解析による薬剤耐性検出と疫学的情報を包括的に取得するための、検体採取からデータ出力までの徹底的に最適化されたワークフローを提供する。本研究では結核菌が収集されている地方衛研のネットワークを構築することで日本の結核の基本的な疫学情報が高精細に解明される。従来、結核の疫学解析は、大まかな菌の系統は把握可能であるが、集団感染事例など、元来、菌株同士が密接な関係にある事例を解析するのに足る解像力を持った系統解析法は、近年ようやく現実のものとなった全ゲノム配列解析を利用した SNP レベルの解析のみである。

研究成果：筆者等は国内随一の次世代シーケンサによる病原体ゲノム解析の実績を有しており、既に数百に及ぶ結核菌などの臨床分離株の全ゲノム解析を実施している。本研究では、構築される結核菌の自動解析 Web サービスについて、地方衛生研究所などと協力して、結核菌全ゲノム配列の次世代シーケンサによる解析を、ノウハウを有する当センターで実施し、臨床分離株を中心に解析支援を行うスキームを構築することで、構築されたサーバーの効率的運用を促進し、新規の高度感染症診断技術の均てん化を図った。地方衛研との共同研究で、過去数年間の分離菌株すべてについて、全ゲノム配列を解析し、各菌株の疫学的背景を明らかにすることで、当該地域における、結核菌の伝搬状況を分子レベルで初めて明らかにすることができた。すなわち、当該地域では、北京型と呼ばれるタイプの結核菌が多い日本の状況をそのまま反映している一方で、外国人において、日本では分離頻度が極めて低いが、アフリカなどで高頻度に分離されるタイプが保有されているなど、地域性を反映した結核菌の分布がゲノムレベルで解明された。加えて、当該地域で発生した、集団感染疑い事例について、全ゲノム解析により、実際にそれらの症例が集団感染であることを分子レベルで確認した。

これらの成果の一部は査読有りの以下の論文として発表した。

Mizukoshi F, Miyoshi-Akiyama T, Iwai H, Suzuki T, Kiritani R, Kirikae T, Funatogawa K. Genetic diversity of Mycobacterium tuberculosis isolates from Tochigi prefecture, a local region of Japan. BMC Infect Dis. 2017 May 25;17(1):365.

## 研究発表及び特許取得報告について

課題番号：26指103

研究課題名：次世代シーケンサを活用した結核菌等の薬剤耐性菌の高度・迅速検査法の開発と臨床応用

主任研究者名：秋山 徹

### 論文発表

論文タイトル	著者	掲載誌	掲載号	年
Genetic diversity of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> isolates from Tochigi prefecture, a local region of Japan.	Mizukoshi F, Miyoshi-Akiyama T, Iwai H, Suzuki T, Kiritani R, Kirikae T, Funatogawa K.	MC Infect Dis.	17(1):365	2017
A mutation in the decoding region of 16S rRNA attenuates the virulence of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> .	Watanabe S, Matsumura K, Iwai H, Funatogawa K, Haishima Y, Fukui C, Okumura K, Kato-Miyazawa M, Hashimoto M, Teramoto K, Kirikae F, Miyoshi-Akiyama T, Kirikae T.	Infect Immun	IAI.00417-16.	2016
CASTB (the comprehensive analysis server for the <i>Mycobacterium tuberculosis</i> complex): A publicly accessible web server for epidemiological analyses, drug-resistance prediction and phylogenetic comparison of clinical isolates.	Iwai H, Kato-Miyazawa M, Kirikae T, Miyoshi-Akiyama T.	Tuberculosis	95(6):843-4	2015
Construction of a virtual <i>Mycobacterium tuberculosis</i> consensus genome and its application to data from a next generation sequencer.	Okumura K, Kato M, Kirikae T, Kayano M, Miyoshi-Akiyama T.	BMC Genomics.	20;16:218.	2015
MicroRNA-155 knockout mice are susceptible to <i>Mycobacterium tuberculosis</i> infection.	Iwai H, Funatogawa K, Matsumura K, Kato-Miyazawa M, Kirikae F, Kiga K, Sasakawa C, Miyoshi-Akiyama T, Kirikae T.	Tuberculosis	95(3):246-50.	2015
Genetic diversity of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> isolates from foreign-born and Japan-born residents in Tokyo.	Kato-Miyazawa M, Miyoshi-Akiyama T, Kanno Y, Takasaki J, Kirikae T, Kobayashi N.	Clin Microbiol Infect.	21(3):248.e1-8	2015
Complete annotated genome sequence of <i>Mycobacterium tuberculosis</i> (Zopf) Lehmann and Neumann (ATCC35812) (Kurono).	Miyoshi-Akiyama T, Satou K, Kato M, Shiroma A, Matsumura K, Tamotsu H, Iwai H, Teruya K, Funatogawa K, Hirano T, Kirikae T.	Tuberculosis	95(1):37-9.	2014

## 研究発表及び特許取得報告について

### 学会発表

タイトル	発表者	学会名	場所	年月
栃木県内で分離された結核菌の全ゲノム解読を用いた分子疫学的解析	水越文徳、秋山徹、祝弘樹、桐谷礼子、切替照雄、舩渡川圭次	平成28年度獣医学術学会年次大会	石川県	2017年2月
結核菌ゲノムオンライン包括解析システム「CASTB」の開発と公開	秋山 徹	第20回国際結核セミナー・世界結核デー記念フォーラム・平成26年度全国結核対策推進会議のお知らせ	東京	2016年3月
Construction of A Virtual Mycobacterium Tuberculosis Consensus Genome And Its Application To Data From A Next Generation Sequencer	Okumura K, Kato M, Kirikae T, Kayano M, Miyoshi-Akiyama T.	American society of microbiology, 114th General meeting,	Boston, USA	2014年5月

### その他発表(雑誌、テレビ、ラジオ等)

タイトル	発表者	発表先	場所	年月日
結核菌：120種類のゲノム網羅 データベース運用開始		毎日新聞		2015年3月7日

### 特許取得状況について ※出願申請中のものは( )記載のこと。

発明名称	登録番号	特許権者(申請者) (共願は全記載)	登録日(申請日)	出願国
結核菌の菌株の同定方法及び遺伝子変異の検出方法	特願2013-012546	株式会社ニプロ、国立国際医療研究センター、帯広畜産大学	2014. 1. 25	日本・米国

※該当がない項目の欄には「該当なし」と記載のこと。

※主任研究者が班全員分の内容を記載のこと