

試験研究評価シート（事前）

評価の種類	事前評価		担当課	保健科学担当	
課題名 (研究テーマ)	食中毒細菌に対する次世代シーケンサーの活用について		研究者名	(正) 角宮 由華 (副) 佐藤 豪	
研究期間	令和5年度～6年度	予算額 510 (千円)	次年度 510 (千円)	予算種類	国補・ <input type="checkbox"/> 県単 その他()
必要性	<p>徳島県では、次世代シーケンサーを導入し、新型コロナウイルス感染症の陽性検体からゲノム配列を決定し変異株の早期発見と、感染拡大防止に努めている。しかし、新型コロナウイルス感染症収束後の次世代シーケンサーの活用について中国四国地区地方衛生研究所でも模索段階であり、徳島県としても検討しておく必要がある。</p> <p>保健製薬環境センターには、毎年さまざまな食中毒疑いの検体が搬入されているが、食中毒細菌と呼ばれる菌は多種多様で、中にはコレラ菌や腸管出血性大腸菌など、感染症法により三類感染症に分類されている菌も含まれる。</p> <p>従来法では、培養後の菌の性状検査やPCR検査を行うことが必須であるが、これと並行し、次世代シーケンサーでゲノム解析を行うことにより、食中毒原因菌の早期究明につなげることができるかどうか検討する。</p>				
目標	従来法と並行して次世代シーケンサーを用いて、ゲノム解析を実施し、食中毒が疑われる検体から原因菌を効率的に検出する方法を確立する。				
研究内容	<p>遺伝子の一部である16Sリボソームは、タンパク質の翻訳に関わる重要な遺伝子であり、比較的変異しにくく、安定した領域を持つ。次世代シーケンサーで検体中に含まれる細菌の16Sリボソーム配列を決定し、解析ソフトウェア（CLC Genomics Workbench）を用いて、どの細菌の遺伝子であるかを特定するとともに、従来法の結果との比較・検討を行う。</p>				
手法	<p>食中毒疑いとして搬入された便検体を用いて、次の方法により調査を実施する。</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) 検体から遺伝子を抽出し、増幅、精製後、次世代シーケンサーを用いて細菌叢の16Sリボソーム配列を解読する。 2) CLC Genomics Workbenchを用いて、16Sリボソーム配列の決定を自動化し、菌量の割合が算出できるようなプログラムを作成する。 3) 検査結果（従来法）との比較検討を行い、基礎データを収集する。 4) 結果を踏まえて食中毒原因菌の早期究明につなげることができるかどうかの評価を行う。 				
その他					