令和6年度指定研究課題の概要

本庁又は出先機関が定める指針などにより実施する研究です。
本年度は、政策局 いのち・未来戦略本部室「成果展開型研究推進事業」1課題、、「シーズ探求型研究推進事業」4課題、「発がん性分析法実用化展開事業」1課題を実施しています。

成果展開型研究推進事業（政策局）

No.	研究員	所属	研究課題（概要）
1	中嶋　直樹	微生物部 細菌・環境生物G	**神奈川県における北京型結核菌の分子疫学解析及び全ゲノム解析による分子疫学調査法の確立** 結核は結核菌を原因とする日本の重大な感染症であり、神奈川県においても結核罹患率（人口10万対の新登録結核患者数）を低下させるために結核対策を推進する必要がある。特に結核菌の遺伝系統の一つである北京型は非北京型よりも病原性や感染伝播力が強く、薬剤耐性を獲得しやすいとされている。本研究は、神奈川県でこれまで分離された全ての北京型結核菌の全ゲノム解析を実施し、その蔓延状況を解明することで結核対策に活用する。さらに、Variable Number of Tandem Repeat (VNTR)型別等を用い、全ゲノム解析を実施する近縁な株を選定するための条件を確立し、全ゲノムシーケンスのコストを削減することで、分子疫学調査として継続的に実施する体制の構築を目指す。今年度は、神奈川県で分離された北京型結核菌を対象に全ゲノム解析を実施し、遺伝系統分類や薬剤耐性株の分布調査を実施した。

シーズ探求型研究推進事業（政策局）

No.	研究員	所属	研究課題（概要）
1	伊達　佳美	微生物部 細菌・環境生物G	**神奈川県内に生息するアライグマが保有する人獣共通感染症の病原体に関する研究** アライグマは、特定外来生物に指定されており、神奈川県における生息数の増加と生息域の拡大が懸念されている。近年、県内では市中においてアライグマが広く確認され、人口密集地での捕獲数が増加していることから、人獣共通感染症による県民や愛玩動物への被害が懸念される。そこで本研究では神奈川県で捕獲されたアライグマを対象に、アライグマが媒介する人獣共通感染症である病原性レプトスピラおよび 重症熱性血小板減少症候群ウイルス（SFTSV）の保有状況を、抗体検査を用いて調査した。その結果、76頭中11頭 (14.5%) のアライグマからレプトスピラ抗体を検出したが、SFTSV抗体は検出されなかった。
2	稲田　貴嗣	微生物部 ウイルス・リケッチアG	**真菌類の分類・同定における網羅的データベースの構築** 真菌類は食品の腐敗やカビ毒による食中毒、ヒト、動物及び植物の感染症の原因になるなど、食品衛生分野から農業分野、公衆衛生分野まで様々な分野で問題となる。 真菌（カビ）の分類・同定は形態的特徴に基づき行われてきたが、近年、遺伝子解析や質量分析による方法も導入されている。しかし、食品衛生分野においては対象菌種が多岐にわたり、データベースに登録されていない菌種も多い。また、分子分類系統学的手法による分類体系では同定ができない事例もあり、形態的特徴による同定も欠かせない。 本研究では、どの方法からも検索可能な真菌の網羅的データベースを作成し、検査方法の精度を強化するために、真菌の形態情報、ITS領域等を対象とした遺伝子解析およびMALDI-TOF MSによる質量分析のデータ収集を行っている。 令和6年度は*Aspergillus*属などカビ60株についてコロニーや分生子形成構造の形態観察を行い、種による発育速度の差などを視覚的に比較できるようになった。また、MALDI-TOF MSの測定においてスコアーのでにくかった*Cladosporium*属などの処理方法を検討し、スコアーの改善が見られた。
3	陳内　理生	微生物部 細菌・環境生物G	**神奈川県の腸管出血性大腸菌における全ゲノム配列を用いた分子疫学的解析** 腸管出血性大腸菌は、食中毒や集団感染を引き起こすことから、原因究明と拡散防止に分子疫学的解析が重要である。現在、分子疫学的解析は世界的に全ゲノム解析に移行しつつあるが、地方自治体において行政検査に応用した例は少ない。本研究では、全ゲノム解析の行政検査への応用を目的として、当所で保有する腸管出血性大腸菌のゲノム配列を取得するとともに、複数の食中毒・集団事例にまたがって、従来法であるpulsed-field gel electrophoresis（PFGE）およびMultilocus variable-number tandem-repeat analysis（MLVA）を行った。その結果、PFGEおよびMLVAのクレード形成はほぼ一致していることが確認され、これらを基準に全ゲノム解析法の判定基準を設定することが望ましいことが判明した。

4	萩尾　真人	理化学部 食品化学G	**腸内環境改善を目的とした細菌叢の簡易比較法の開発** 近年、健康志向から腸内環境への注目が集まっている。そこで、末端標識制限酵素断片多型分析（T-RFLP）の分析データを使用し、比較したい複数の細菌叢をクラスタリングする簡易菌叢比較法（本法）の確立を目指した。腸内細菌叢変化を誘発するために高脂質食摂取条件下でマウスを1週間飼育し、毎日サンプリングした糞から抽出した糞中細菌のDNAに対し、本法による分析と次世代シーケンサー（以下、NGS）による分析を実施し、その結果を比較した。結果、菌叢の経時的変化の傾向及び菌叢に対する高脂質食摂取の統計学的な影響有無について、両者で同様の傾向を示した。結論として、本法を使用することでNGS分析による結果とほぼ同等の菌叢変化傾向を比較的短期間かつ安価に取得できることが示唆された。今後は本法の精度をさらに向上させ、日常生活の観点からは腸内環境の長期モニタリング、研究分野では腸内細菌叢変化の迅速把握などに活用していきたい。

科学技術イノベーション推進事業・科学技術イノベーション共創拠点推進事業・発がん性分析法実用化展開事業（政策局）

No.	研究員	所属	研究課題（概要）
1	大森清美	理化学部 食品化学G	**神奈川県発 「Bhas42細胞形質転換試験法」の国際実用化に関する研究** 神奈川県政策局の重点基礎研究で開発した「Bhas42細胞形質転換試験法（Bhas 42 CTA）」は、2016年にOECDのガイダンスドキュメントNo.231として認定され、世界初かつ唯一の国際認定済みのインビトロ発がんプロモーション試験である。Bhas 42 CTAのメカニズムは、我々の経時的な遺伝子発現網羅解析論文をはじめ有用性エビデンスの論文が蓄積されている。また、Bhas42CTAが参画しているOECDの非遺伝毒性発がん物質の試験法の統合的アプローチ（NGTxC・IATA）の支援のもと、Bhas42CTAのOECDテストガイドラインプロジェクト（SPSF）を申請し、OECDでの良好な評価を得ている。横浜国立大学での神奈川県共同研究講座では、人工知能（AI）を用いた形質転換フォーカス判定モデルの開発と汎用性向上のため改良を行い、Bhas42CTAに適用可能な電磁波ばく露装置も開発した。