

厚生労働科学研究費補助金

食品の安全確保推進研究事業

ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築

令和 3 年度 総括・分担研究報告書

研究代表者 李 謙一

令和 4 (2022) 年 4 月

厚生労働科学研究費補助金

食品の安全確保推進研究事業

ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築

令和3年度 総括・分担研究報告書

研究代表者 李 謙一

令和4（2022）年 4月

目 次

I. 総括研究報告	
ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築 李 謙一	----- 1
II. 分担研究報告	
1. O157菌株の全ゲノム解析およびクラスター検出プログラムの開発 李 謙一	----- 4
2. 機械学習モデルの構築・評価 伊澤和輝	----- 8
III. 研究成果の刊行に関する一覧表	----- 16

厚生労働省科学研究費補助金 食品の安全確保推進研究事業
「ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築」
(20KA3002)
研究総括報告書

研究代表者 李 謙一 (国立感染症研究所 細菌第一部)

研究要旨

現在、腸管出血性大腸菌 (*enterohemorrhagic Escherichia coli*: EHEC) のサーベイランスでは主に **multi locus variable tandem repeat analysis (MLVA)** が用いられている。本研究では、MLVA を用いたサーベイランスの精度を向上するために、機械学習モデルを用いて SNP の予測を試みた。研究初年度に構築した機械学習の精度を向上させるために、前年度までに得られていた O157 の 890 株に加え、746 株のデータを追加し、合計 1636 株のデータを用いた。これらの株のペア (約 130 万ペア) の MLVA 型のデータを各 Clade に分割し、各ペアの SNP 数を予測することを試みた。学習・予測の方針として、2 株間の SNP 数を連続値で予測する場合と、近縁株判定の指標である SNP 数 10 以下のペアか否かを予測するカテゴリの予測の場合を比較した。結果として、カテゴリの予測の場合の方が、連続値の予測の場合よりも精度が高かった。さらに、菌株間の SNP が 5 または 10 か所以内の株をクラスター化し、重症化率等を計算するプログラムを Perl にて作製した。

研究分担者

李 謙一 (国立感染症研究所 細菌第一部)
伊澤和輝 (東京工業大学 情報理工学院)

A. 研究目的

腸管出血性大腸菌 (*enterohemorrhagic Escherichia coli*: EHEC) は、国内で年間 3,000 名以上の感染者が報告される公衆衛生上重要な食中毒菌である。EHEC 感染症は胃腸炎症状を主徴とし、時として血便や急性腎不全である溶血性尿毒症症候群を引き起こし、毎年数名の死者が報告されている。そのため、発生源の特定や伝播経路を明らかにするために、高精度なサーベイランス法が必要とされている。

現在、国内分離株の 95%以上を占める主要 8 血清群 (O157, O26, O111 など) では、反復配列多型解析 (**multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA**) 法を用いたサーベイランスが、国立感染症研究所を中心に行われている。MLVA 法は、ゲノム中に存在する複数のリピート配列のパターンによって菌株を型別する手法であり、迅速かつ安価であるが、ゲノム中の特定部分だけを用いるため、型別能には限界がある。一方、全ゲノム情報を用いた単一塩基多型 (**single nucleotide polymorphism: SNP**) 解析は、高い型別能を有するが、迅速性や費用面で劣るため、当面は MLVA 法を用いたサーベイランス

が主流であり続けると考えられる。
そこで本研究では、従来のサーベイランスで用いられている MLVA 法および菌株情報から全ゲノムレベルの型別情報を推測するモデルを、人工知能の一種である機械学習を用いて構築することを目的とした。

B. 研究方法

各分担研究報告書に記載。

C. 研究結果

1. 国内 EHEC O157 1,636 株の WGS 解析およびクラスター検出プログラムの開発

研究代表者 李 謙一の分担研究として、国内で 2020 年から 2021 年に分離された EHEC O157 192 株の WGS を新たに解読し、国立感染症研究所・細菌第一部で既に解読済みのデータと合わせ、計 1,636 株の SNP 解析を行った。さらに、クラスター化された株について病原性等の情報を自動的に得られるプログラムによって、集団感染等が起こった際の危険度を予測することが可能になると考えられる。

2. 機械学習モデルの精度向上

研究分担者 伊澤和輝の分研究として、研究代表者 李が作成した SNP データセットを用いた機械学習モデルの構築を行った。モデルとしては、勾配ブースティング回帰木を使用した。MLVA 型のデータを各 Clade ごとに分割し、各ペアの SNP 数を予測することを試みた結果、カテゴリの予測の場合の方が、連続値の予測の場合よりも精度が高かった。また、clade 2,3,および 8 では、80%以上の再現性で近

縁株を予測できることが明らかとなった。

D. 考察

モデル構築の際には、clade の細分類後に SNP の予測をすることで、著しく精度の向上が認められることが明らかとなった。各 clade での精度では、clade 7 で精度が比較的低かったが、これは同 clade では近縁株が比較的少なく、学習が十分でなかったことが原因として考えられる。今後、本モデルでの近縁株予測精度について、従来の方法（主に MLVA 型のみで判断）との差異を検証する必要がある。

E. 結論

本研究では、SNP 予測を目的とした機械学習モデルの改善を行った。今後は、実際の集団感染事例を対象に解析やモデルの改善を行うことで、本モデルの実用化を目指す。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1) 誌上発表

なし

2) 学会発表

MLVA 結果と機械学習モデルを用いた腸管出血性大腸菌の遺伝的距離の予測
伊澤和輝、李謙一、泉谷秀昌、伊豫田淳、大西真、明田幸宏

(第 42 回日本食品微生物学会学術総会・2021 年 9 月 21 日(火)～10 月 20 日(水))

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

厚生労働省科学研究費補助金 食品の安全確保推進研究事業
「ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築」
(20KA3002)
研究分担報告書

分担研究課題「O157 菌株の全ゲノム解析およびクラスター検出
プログラムの開発」

研究代表者 李 謙一 (国立感染症研究所 細菌第一部)、

研究要旨

機械学習の精度を向上させるデータを得るために、腸管出血性大腸菌 (enterohemorrhagic *Escherichia coli* : EHEC) 計 1,636 株の全ゲノム配列から単一塩基多型 (single nucleotide polymorphism : SNP) を抽出した。菌株の clade は主に 2、3、7、および 8 であり、特にこれまでに不足していた散发事例由来 clade 7 の菌株を追加した。さらに、菌株間の SNP が 5 または 10 か所以内の株をクラスター化し、重症化率等を計算するプログラムを Perl にて作製した。

A. 研究目的

腸管出血性大腸菌 (enterohemorrhagic *Escherichia coli*: EHEC) の全国サーベイランスでは、現在反復配列多型解析 (multi locus variable tandem repeat analysis : MLVA) 法が用いられている。これまでに EHEC O157 を対象にした、MLVA 法と全ゲノム配列 (whole-genome sequence : WGS) 解析法との比較では、MLVA 法は短期間の集団感染調査には十分高い型別能を有することが示されている。しかしながら、MLVA 型が 2 座位以上異なる株間では、近縁な株と遠縁な株が混在していることが明らかとなっている。

そこで本研究では、機械学習によって MLVA および菌株情報から菌株間の距離を推定するモデルの作製を目的とした。本課題の 1 年度目では基本となるモデル

の作製を行ったが、散发事例由来株が少ないなどの課題があった。本年度は、機械学習のモデル構築および評価に必要な WGS データを取得するとともに、近縁株抽出に用いる一部プログラムの作成を行った。

B. 研究方法

2020 年から 2021 年に分離された EHEC O157 192 株について、ゲノム DNA 抽出を行い、Nextera XT DNA Library Prep Kit (illumina) または QIAseq FX DNA Library Kit (QIAGEN) を用いてライブラリー調製を行った。作製したライブラリーを使用して、HiSeqX (illumina) によってペアエンドシーケンシング (150-mer×2) を行った。得られたショートリードは、これまでに感染研・細菌第一部で既に解読した

データと合わせ、計 1,636 株で解析を行った。SNP 抽出は、BactSNP および snippy などを用いた解析パイプラインを用いて行い、Gubbins によって組換え領域の検出・削除を行った。

また、モデル構築に用いた株のデータを用いて、菌株間の SNP が 5 または 10 か所以内の株をクラスター化し、重症化率等を計算するプログラムを Perl にて作製した。

C. 研究結果

計 1,636 株の WGS 解析を行い、全株総当たりのペアを作製し、各ペアでの SNP 数および MLVA で異なる座位数を算出した。*in silico* 解析による clade の分布を表 1 に示す。全体の 98%以上が clade 2, 3, 7, および 8 であった。

また、機械学習にて近縁株を抽出した後に、病原性や国内での分布を予測するための Perl プログラムを作製した。本プログラムでは、まず SNP 情報に基づいて 5 か所または 10 か所以内の株同士をクラスター化する。クラスター化された株について、菌株情報をもとに重症化率（溶血性尿毒症症候群および血便の割合）、無症状保菌の割合、分離地の中央値、最小値、および最大値を算出した。結果例を表 2 に示す。本プログラムによって、機械学習モデルによって近縁株を抽出した後に、関連株の病原性等を予測することが可能となった。

D. 考察

国内株の O157 の SNP 解析データをさらに蓄積し、機械学習の基礎となるデー

タを得た。これまでのデータでは、集団感染株や関連する MLVA 型の株の割合が高かったが、本研究では散発事例株（特に clade 7）も含む株の解析を行った。この結果、より正確に遺伝的距離を推定することが可能になったと考えられる。

また、クラスター化された株について病原性等の情報を自動的に得られるプログラムによって、集団感染等が起こった際の危険度を予測することが可能になると考えられる。

E. 結論

本研究では、国内 EHEC O157 のゲノム情報を大幅に追加することによって、機械学習モデルの精度を向上させることが可能となった。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1) 誌上発表

なし

2) 学会発表

1. 伊澤和輝, 李 謙一, 泉谷秀昌, 伊豫田 淳, 大西 真, 明田幸宏. MLVA 結果と機械学習モデルを用いた腸管出血性大腸菌の遺伝的距離の予測, 第42回日本食品微生物学会学術総会

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

図 1. 解析菌株の clade 分布

Clade	株数
1	1
2	396
3	471
4/5	8
6	7
7	346
8	395
9	2
同定不可	10
計	1636

表 2. クラスタ検出プログラムの出力例

株名	SNP5_cluster						SNP10_cluster							
	クラスター株	株数	重症化率(%)	無症状態割合(%)	距離中央値(km)	距離最小値(km)	距離最大値(km)	クラスター株	株数	重症化率(%)	無症状態割合(%)	距離中央値(km)	距離最小値(km)	距離最大値(km)
JNE130772	NA						NA							
JNE130856	JNE131493,JNE131896,JN118	618	61.9	11.0	351.4	10.9	891.9	JNE131493,JNE131896,JN229	229	61.1	11.8	304.9	10.9	891.9
JNE131070	NA							JNE160912,JNE171012,JN6	6	50.0	33.3	318.5	37.4	872.1
JNE131158	NA							NA						
JNE131281	JNE131486,JNE131487,JN25	525	52.0	32.0	53.0	14.3	913.7	JNE131486,JNE131487,JN42	42	57.1	21.4	77.8	14.3	1032.7

厚生労働省科学研究費補助金 食品の安全確保推進研究事業
「ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築」
(20KA3002)
研究分担報告書

研究分担者 伊澤 和輝 (東京工業大学 情報理工学院)

研究要旨

腸管出血性大腸菌の高精度なサーベイランスを実現するためには、従来法である MLVA 型よりも詳細かつ安価で迅速な類別法が必要である。本研究では、腸管出血性大腸菌の株のペアについて MLVA 型の差異から SNP 数を予測・類別指標とすることによりこれを実現し、高精度なサーベイランスに役立てることを目指す。

本報告期間では、前年度までに得られていた O157 の 890 株に加え、年度内に 746 株のデータを追加し、合計 1636 株のデータを用いた。これらの株のペア (約 130 万ペア) の MLVA 型のデータを各 Clade に分割し、各ペアの SNP 数を予測することを試みた。

前年度の結果から、機械学習アルゴリズムとして勾配ブースティング法を使用した。学習・予測の方針として、2 株間の SNP 数を連続値で予測する場合と、近縁株判定の指標である SNP 数 10 以下のペアか否かを予測するカテゴリの予測の場合を比較した。結果として、カテゴリの予測の場合の方が、連続値の予測の場合よりも精度が高かった。

今後は O26、O111 の MLVA データを用いた学習・予測を同様の枠組みで行い、本研究で探索した機械学習の枠組みの汎用性について議論する。

A. 研究目的

腸管出血性大腸菌 (*enterohemorrhagic Escherichia coli*: EHEC) は、国内で年間 3,000 名以上の感染者が報告され、毎年数名の死者が報告されている公衆衛生上重要な食中毒菌である。そのため、発生源の特定や伝播経路を明らかにするために、高精度なサーベイランス法が必要とされている。

従来のサーベイランスで用いられている分子型別手法 (反復配列多型解析法: MLVA 法) はゲノム中に存在する複数のリピート配列のパターンによって菌株を型別する手法であり、迅速かつ安価であ

るが、ゲノム中の特定部分だけを用いるため、型別能には限界がある。一方、高精度なサーベイランスを実現する手法として、全ゲノム情報を用いた単一塩基多型 (SNP) 解析が存在するが、高い型別能を有する一方で迅速性や費用面で従来法に劣っている。

本研究では、MLVA 型および菌株情報から、全ゲノムレベルの型別情報を推測するモデルを、人工知能の一種である機械学習を用いて構築することを目指す。

B. 研究方法

2013 年から 2021 年に分離された EHEC

O157 の 1636 株についての MLVA 型データと任意の 2 株間の SNP 数のデータ (約 130 万ペア) を研究代表者の李謙一氏から提供いただいた。

任意の 2 株間の SNP 数のデータのうち、Clade 2、3、7、8 の各 Clade 内のペアのみを抽出した。各 Clade において、25% を機械学習モデルの評価用として分割し、残りの 75% を機械学習モデルの構築用のデータとして用いた。

予測結果として、各株ペア間の SNP 数を直接計算する連続値の予測と、各株ペアが 10 SNP または 20 SNP を閾値とした場合に近縁株であるか否かを予測するカテゴリの予測を行った。

機械学習モデルの構築には東京工業大学が有するスーパーコンピューターである TSUBAME 3.0 の環境を利用した。

連続値予測の最適化関数には平均二乗誤差 (squared error)、カテゴリ予測の最適化関数には逸脱度 (deviance) を用いた。

C. 研究結果

1. 株ペアの SNP 数を連続値で予測する機械学習モデル

任意の株ペアにおいて、2 株の各 MLVA 座位データ (34 座位)、*stx1,2* 遺伝子の有無、分離地の緯度・経度情報を特徴量として用い、勾配ブースティング回帰木のアルゴリズムを利用して機械学習モデルを構築した。

この結果を図 1 に示す。連続値の予測においては、Clade 2 では二乗平均平方根誤差 (RMSE) は 3.8 となり、これは直感的には Clade 2 内の各ペアの SNP 数の実測値に対し ±4 ヶ所程度増減した予測が

行われていることを表す。同様に Clade 3 では RMSE が 4.8、Clade 7 では RMSE が 35.6、Clade 8 では RMSE が 4.9 となった。

また、近縁株の基準を 10 SNP、20 SNP とした場合の混同行列を図 2、3 に示す。

再現率 (Recall) は、実測値から近縁株と判定される株ペアのうち、どの程度を予測から近縁株と判定できるかを表した数値であり、本研究で最も重要視している数値である。

Clade 2、3、8 でも、近縁株の基準を 10 SNP から 20 SNP に上げると再現率が上昇していた。一方、Clade 7 では他の Clade に比べて著しく再現率が低かった。

2. 株ペアを近縁株か否かのカテゴリで予測する機械学習モデル

任意の 2 株において、2 株の各 MLVA 座位データ (34 座位)、*stx1,2* 遺伝子の有無、分離地の緯度・経度情報を特徴量として用い、勾配ブースティング決定木のアルゴリズムを利用して機械学習モデルを構築した。

近縁株の基準を 10 SNP、20 SNP とした場合の混同行列を図 4、5 に示す。

カテゴリの予測においてはどの Clade においても連続値の予測の場合よりも再現率が上昇しており、特に連続値の予測では難しかった Clade 7 における再現率が著しく上昇した。

D. 考察

株ペアの SNP 数を連続値で予測する機械学習モデルの場合、Clade 7 での予測精度が他の Clade に比べて悪かった。これは、Clade 7 のデータセットには他の Clade

ではそれほど多くない 200 SNP 以上の株ペアデータが多かったことが原因であると考えられる。連続値の予測においては、株ペアデータ全体に対して SNP 数の予測が最適化されるため、200 SNP 以上のペアの学習・予測にあった最適化がなされることになる。この結果、RMSE が 36 程度と大きくなり、近縁株の閾値を大きく超えたため、近縁株の予測精度が悪かったと考えられる。

一方、カテゴリの予測では Clade 7 においても 60%以上の再現率が見られた。こちらの予測では、近縁株か否かの○×問題を解く学習・予測のため、データセットの中で 1%以下の近縁株についても、今回用いた特徴量から学習・予測が可能であったと考えられる

E. 結論

本研究では、2013 年から 2021 年に分離された国内 EHEC O157、1636 株についての MLVA 型データと任意の株ペアの SNP 数のデータから、MLVA 座位、*stx1,2* 遺伝子の有無、分離地の緯度・経度情報を特徴量として株ペアの SNP 数を予測する機械学習モデルの作成を試みた。

連続値の学習・予測においては、特に Clade 7 において、SNP 数の大きい株ペアのデータに学習・予測全体が影響を受け、近縁株の予測がうまくいかない部分が見られた。

一方で、カテゴリでの学習・予測においては、Clade 7 においても精度良く近縁株を予測することができた。そのため、今後はカテゴリでの予測に注力したソフトウェアの開発を進める。

また今後は、O157 以外で主要な血清型である、O26、O111 の MLVA データを用いた学習・予測を、O157 で得られた知見を用いて行い、本研究で行っている SNP 数の機械学習での予測が他血清型でも応用可能かどうかについて議論したい。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1) 誌上発表

なし

2) 学会発表

MLVA結果と機械学習モデルを用いた腸管出血性大腸菌の遺伝的距離の予測
伊澤和輝、李謙一、泉谷秀昌、伊豫田淳、大西真、明田幸宏

(第42回日本食品微生物学会学術総会・2021年9月21日(火)～10月20日(水))

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得

なし

2. 実用新案登録

なし

図 1. 連続値予測の機械学習モデルの予測結果

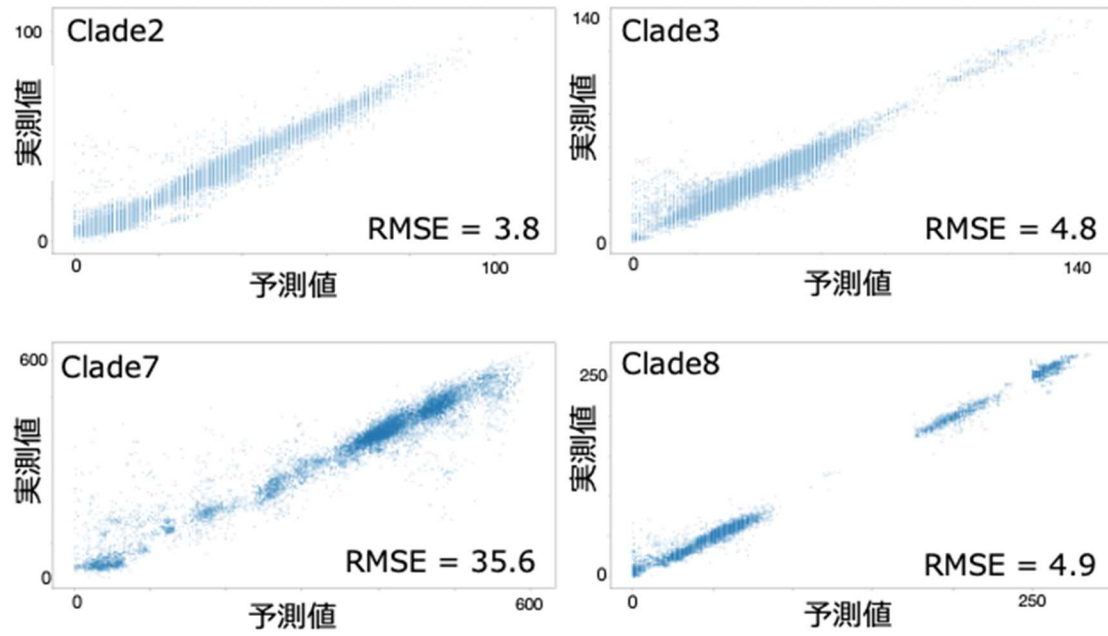


図 2. 連続値予測の機械学習モデルの予測結果 (閾値 10 SNP の混同行列)

Clade2		予測値		
		≤10	>10	
実測値	≤10	4,489	965	82.3%
	>10	554	13,545	
		89.0%		

Clade3		予測値		
		≤10	>10	
実測値	≤10	657	407	61.6%
	>10	34	26,574	
		95.1%		

Clade7		予測値		
		≤10	>10	
実測値	≤10	0	82	0%
	>10	3	14,837	
		0%		

Clade8		予測値		
		≤10	>10	
実測値	≤10	1,207	342	77.9%
	>10	1	17,904	
		99.9%		

赤:Recall (再現率) , 青:Precision (適合率)

図 3. 連続値予測の機械学習モデルの予測結果（閾値 20 SNP の混同行列）

Clade2		予測値		
		≤20	>20	
実測値	≤20	7,404	177	97.7%
	>20	220	11,752	
		97.1%		

Clade3		予測値		
		≤20	>20	
実測値	≤20	2006	1036	65.9%
	>20	200	24,430	
		90.9%		

Clade7		予測値		
		≤20	>20	
実測値	≤20	2	201	1.0%
	>20	6	14,713	
		25.0%		

Clade8		予測値		
		≤20	>20	
実測値	≤20	1,806	305	85.6%
	>20	97	17,246	
		95.0%		

赤:Recall (再現率) , 青:Precision (適合率)

図 4. カテゴリ予測の機械学習モデルの予測結果 (閾値 10 SNP の混同行列)

Clade2		Predict		
		≤10	>10	
SNP	≤10	5,156	298	94.5%
	>10	631	13,468	
		89.1%		

Clade3		Predict		
		≤10	>10	
SNP	≤10	897	167	84.3%
	>10	44	26,564	
		95.3%		

Clade7		Predict		
		≤10	>10	
SNP	≤10	54	28	65.9%
	>10	11	14,829	
		83.1%		

Clade8		Predict		
		≤10	>10	
SNP	≤10	1,518	31	98.0%
	>10	15	17,890	
		99.0%		

赤:Recall (再現率) , 青:Precision (適合率)

図 5. カテゴリ予測の機械学習モデルの予測結果 (閾値 20 SNP の混同行列)

Clade2		Predict		
		≤20	>20	
SNP	≤20	7,440	141	98.1%
	>20	162	11,810	
		97.9%		

Clade3		Predict		
		≤20	>20	
SNP	≤20	2,437	605	80.1%
	>20	290	24,340	
		89.4%		

Clade7		Predict		
		≤20	>20	
SNP	≤20	145	58	71.4%
	>20	16	14,703	
		90.1%		

Clade8		Predict		
		≤20	>20	
SNP	≤20	2,059	52	97.5%
	>20	61	17,282	
		97.1%		

赤:Recall (再現率) , 青:Precision (適合率)

別紙4

研究成果の刊行に関する一覧表レイアウト

書籍

著者氏名	論文タイトル名	書籍全体の編集者名	書 籍 名	出版社名	出版地	出版年	ページ
なし							

雑誌

発表者氏名	論文タイトル名	発表誌名	巻号	ページ	出版年
なし					

機関名 国立感染症研究所

所属研究機関長 職 名 所長

氏 名 脇田 隆字

次の職員の令和2年度厚生労働科学研究費の調査研究における、倫理審査状況及び利益相反等の管理については以下のとおりです。

1. 研究事業名 食品の安全確保推進研究事業

2. 研究課題名 ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築

3. 研究者名 (所属部・職名) 細菌第一部・任期付主任研究官

(氏名・フリガナ) 李 謙一・リ ケンイチ

4. 倫理審査の状況

	該当性の有無 有 無	左記で該当がある場合のみ記入 (※1)		
		審査済み	審査した機関	未審査 (※2)
ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針	<input type="checkbox"/> 有 <input checked="" type="checkbox"/> 無	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
遺伝子治療等臨床研究に関する指針	<input type="checkbox"/> 有 <input checked="" type="checkbox"/> 無	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
人を対象とする医学系研究に関する倫理指針 (※3)	<input type="checkbox"/> 有 <input checked="" type="checkbox"/> 無	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
厚生労働省の所管する実施機関における動物実験等の実施に関する基本指針	<input type="checkbox"/> 有 <input checked="" type="checkbox"/> 無	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
その他、該当する倫理指針があれば記入すること (指針の名称:)	<input type="checkbox"/> 有 <input checked="" type="checkbox"/> 無	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>

(※1) 当該研究者が当該研究を実施するに当たり遵守すべき倫理指針に関する倫理委員会の審査が済んでいる場合は、「審査済み」にチェックし一部若しくは全部の審査が完了していない場合は、「未審査」にチェックすること。

その他 (特記事項)

(※2) 未審査に場合は、その理由を記載すること。

(※3) 廃止前の「疫学研究に関する倫理指針」や「臨床研究に関する倫理指針」に準拠する場合は、当該項目に記入すること。

5. 厚生労働分野の研究活動における不正行為への対応について

研究倫理教育の受講状況	受講 <input checked="" type="checkbox"/> 未受講 <input type="checkbox"/>
-------------	---

6. 利益相反の管理

当研究機関におけるCOIの管理に関する規定の策定	有 <input checked="" type="checkbox"/> 無 <input type="checkbox"/> (無の場合はその理由:)
当研究機関におけるCOI委員会設置の有無	有 <input checked="" type="checkbox"/> 無 <input type="checkbox"/> (無の場合は委託先機関:)
当研究に係るCOIについての報告・審査の有無	有 <input checked="" type="checkbox"/> 無 <input type="checkbox"/> (無の場合はその理由:)
当研究に係るCOIについての指導・管理の有無	有 <input type="checkbox"/> 無 <input checked="" type="checkbox"/> (有の場合はその内容:)

(留意事項) ・該当する□にチェックを入れること。
・分担研究者の所属する機関の長も作成すること。

「厚生労働科学研究費における倫理審査及び利益相反の管理の状況に関する報告について
(平成26年4月14日科発0414第5号)」の別紙に定める様式(参考)

令和4年4月25日

厚生労働大臣
~~—(国立医薬品食品衛生研究所長)—~~殿
~~—(国立保健医療科学院長)—~~

機関名 東京工業大学

所属研究機関長 職名 学長

氏名 益 一哉

次の職員の令和3年度厚生労働科学研究費の調査研究における、倫理審査状況及び利益相反等の管理については以下のとおりです。

1. 研究事業名 食品の安全確保推進研究事業
2. 研究課題名 ゲノム情報および機械学習を用いた腸管出血性大腸菌の高精度型別モデルの構築
3. 研究者名 (所属部署・職名) 情報理工学院・研究員
 (氏名・フリガナ) 伊澤 和輝・イザワ カズキ

4. 倫理審査の状況

	該当性の有無		左記で該当がある場合のみ記入(※1)		
	有	無	審査済み	審査した機関	未審査(※2)
人を対象とする生命科学・医学系研究に関する倫理指針(※3)	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
遺伝子治療等臨床研究に関する指針	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
厚生労働省の所管する実施機関における動物実験等の実施に関する基本指針	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>
その他、該当する倫理指針があれば記入すること (指針の名称:)	<input type="checkbox"/>	<input checked="" type="checkbox"/>	<input type="checkbox"/>		<input type="checkbox"/>

(※1) 当該研究者が当該研究を実施するに当たり遵守すべき倫理指針に関する倫理委員会の審査が済んでいる場合は、「審査済み」にチェックし一部若しくは全部の審査が完了していない場合は、「未審査」にチェックすること。

その他(特記事項)

(※2) 未審査の場合は、その理由を記載すること。

(※3) 廃止前の「疫学研究に関する倫理指針」、「臨床研究に関する倫理指針」、「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針」、「人を対象とする医学系研究に関する倫理指針」に準拠する場合は、当該項目に記入すること。

5. 厚生労働分野の研究活動における不正行為への対応について

研究倫理教育の受講状況 受講 未受講

6. 利益相反の管理

当研究機関におけるCOIの管理に関する規定の策定 有 無 (無の場合はその理由:)

当研究機関におけるCOI委員会設置の有無 有 無 (無の場合は委託先機関:)

当研究に係るCOIについての報告・審査の有無 有 無 (無の場合はその理由:)

当研究に係るCOIについての指導・管理の有無 有 無 (有の場合はその内容:)

(留意事項) ・該当する□にチェックを入れること。
 ・分担研究者の所属する機関の長も作成すること。