

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 4 年度 総括・分担研究報告書

研究代表者 李 謙一

令和 5 (2 0 2 3) 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. O26およびO111菌株の全ゲノム解析および機械学習モデルの評価 李 謙一	----- 4
2. 機械学習モデルの構築・評価 伊澤和輝	----- 9
III. 研究成果の刊行に関する一覧表	----- 17

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。本年度は、O26 および O111 のゲノム情報を新たに取得し、両血清型での機械学習モデルの構築および評価を行った。この結果、O157 に比べると精度は下がるものの、75%以上の再現度で近縁株の抽出が可能となった。さらに、これまでに構築した 3 血清型 (O157、O26、および O111) における機械学習モデルの評価を行った。その結果、いずれの血清型でも MLVA 単独で近縁株の抽出を行った場合よりも、敏感度 (SNP で 10 以内のペアを「近縁株」として検出する割合) の顕著な増加が認められた。

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。本年度は、EHEC O26 および O111 を対象に解析モデルの構築を行った。さらに、これまでに構築した O157、O26 および O111 を対象としたモデルの評価を行った。

B. 研究方法

各分担研究報告書に記載。

C. 研究結果

1. O26 および O111 菌株の全ゲノム配列解析および機械学習モデルの評価

研究代表者 李 謙一の分担研究として、国内で 2013 年から 2021 年に分離された EHEC O26 の 585 株および O111 の 285 株について SNP 解析を行い、機械学習用のデータを作製した。さらに、2 年度目および 3 年度目に構築したモデルの評価を行った。この結果、敏感度 (SNP で 10 以内のペアを「近縁株」として検出する割合) の顕著な増加が認められた。

2. O26 および O111 における機械学習モデルの構築および評価

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 EHEC O26 および O111 の 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、O157 で用いたものと同様の勾配ブースティング回帰木を使用した。この結果、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。いずれの血清型においても、再現度が 75%以上となり、高精度に近縁株を推定

することが可能であった。

D. 考察

O26 および O111 では、O157 のモデル構築で用いた *clade* のような細分類は存在しないため、O157 に比べて推定の精度は低かった。しかし、MLVA 単独で近縁株を予測する場合に比べて、より多くの近縁株を抽出することが可能であった。

E. 結論

O26 および O111 においても、機械学習モデルによって、近縁株を抽出することが可能であった。両血清型は O157 に比べてデータ量が不足しており、今後サーベイランスで本モデルを活用しながら制度を改善させることが望ましいと考えられた。

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. 李 謙一. 腸管出血性大腸菌の全ゲノム解析法について. 第 34 回 地方衛生研究所全国協議会 関東甲信静支部細菌研究部会. 横浜, 2023.

2. 泉谷秀昌, 李 謙一, 伊豫田 淳, 明田幸宏. 腸管出血性大腸菌の MLVA による分子疫学解析. 第 43 回日本食品微生物学会学術総会. 東京, 2022.

3. 李 謙一. 全ゲノム配列解析を用いた腸管出血性大腸菌サーベイランスと

クラスター検出事例 衛生微生物技術協
議会 42 回研究会. Web, 2022.

4. 泉谷秀昌, 李 謙一, 伊豫田 淳,
大西 真. 2021 年に分離された腸管出血性
大腸菌の MLVA 法による解析. 2022.
Infectious Agents Surveillance Report
43:108-109.

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「O26 および O111 菌株の全ゲノム解析および機械学習
モデルの評価」

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

機械学習モデルを構築するために、腸管出血性大腸菌 (*enterohemorrhagic Escherichia coli*: EHEC) O26 および O111 において、それぞれ 585 株および 285 株の全ゲノム配列解析を行い、単一塩基多型 (single nucleotide polymorphism: SNP) を抽出した。また、分担研究者が構築したモデルの評価を行い、O157、O26、および O111 のいずれにおいても敏感度 (SNP で 10 以内のペアを「近縁株」として検出している割合) の顕著な増加が認められた。以上の結果から、本研究の機械学習モデルは、「MLVA での差異がある程度あるがゲノムレベルでは近縁な株」を効率よく抽出可能であることが示された。

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、2 年度目では EHEC O157:H7 を対象とするモデルの作製を行い、良好な成績が得られたため、同血清型に次ぐ発生数が報告される O26:H11 および O111:H8 についても同様の解析を行った。

また、1、2 年度目に解析した O157 の結果を含めて、3 血清型における機械学習モデルの評価を行った。

B. 研究方法

2013 年から 2021 年に分離された EHEC O26 の 585 株、O111 の 285 株についての全ゲノム配列解析を行った。一部の菌株は、ゲノム DNA 抽出を行い、QIAsym 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。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。

機械学習モデルの評価として、近縁株を検出する能力を感度、特異度、陽性的中率、および陰性的中率の4種の指標を用いた。近縁株の定義としては、O157のMLVAでは1アリアル以内の差異、O26およびO111では同一のMLVA型、を用いた。機械学習モデルでは、最も成績の良かった10か所以内・11か所以上のカテゴリー分けデータを用いた。

C. 研究結果

O26の585株、O111の285株について、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、モデル構築に用いた。

機械学習の評価では、O157ではMLVAのみで近縁株を抽出した場合、感度以外の指標は0.95以上と非常に高い値を示した(表1)。一方、感度(SNPで10以内のペアを「近縁株」として検出している割合)は比較的低い値(0.61)であった。機械学習の結果を用いると、clade 7以外の感度は0.88以上となり、より多くの近縁株の検出が可能であった。また、実際のサーベイランスにおける運用の際には、MLVAで1段階目の近縁株の抽出を行い、次に機械学習によって2段階目の抽出を行うと考えられる。そこで、MLVA結果と機械学習結果を組み合わせた際の、感度などの指標を計算した。その結果、いずれのcladeにおいても感度の値が向上

した。

次に、O26およびO111においてO157と同様の評価を行った。これらの血清型では、MLVAの結果のみを用いる場合には感度の値が低く、O26では0.51、O111では0.16であった。しかし、機械学習モデルを適用することによって、それぞれ0.90および0.78に向上した。その他の指標は、MLVAおよび機械学習に関わらず0.95以上と高値であった。

D. 考察

本研究では、過去2年間に構築した機械学習モデルを用いて近縁株の抽出を行った際の感度などの指標を評価した。その結果、機械学習モデルを用いることで、感度の顕著な増加が認められた。この結果は、「MLVAでの差異がある程度あるがゲノムレベルでは近縁な株」を効率よく抽出出来ていることを示している。詳細な機序は不明であるが、差異のあるMLVAアリアルやリピート数の違いによって、ゲノムレベルでの遺伝的距離を推測していると考えられる。Clade 7では感度の上昇は認められなかったが、MLVA結果と組み合わせることによって、成績の向上が可能であった。実際のサーベイランスでは、そのような従来法(O157ではMLVAで1か所以内の差異)と組み合わせられた運用がなされると考えられるため、実用的にも高い型別能を有すると考えられた。

E. 結論

構築した機械学習モデルはEHEC O157、O26、およびO111のいずれにおいても精

度よく近縁株を抽出できることが判明した。

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. 李 謙一. 腸管出血性大腸菌の全ゲノム解析法について. 第34回 地方衛生研究所全国協議会 関東甲信静支部細菌研究部会. 横浜, 2023.

2. 泉谷秀昌, 李 謙一, 伊豫田 淳, 明田幸宏. 腸管出血性大腸菌のMLVAによる分子疫学解析. 第43回日本食品微生物学会学術総会. 東京, 2022.

3. 李 謙一. 全ゲノム配列解析を用いた腸管出血性大腸菌サーベイランスとクラスター検出事例 衛生微生物技術協議会42回研究会. Web, 2022.

4. 泉谷秀昌, 李 謙一, 伊豫田 淳, 大西 真. 2021年に分離された腸管出血性大腸菌のMLVA法による解析. 2022. Infectious Agents Surveillance Report 43:108-109.

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

表 1. O157 における MLVA と機械学習 (ML) 結果との比較

Stats	MLVA 1 アーレル 以内	Clade							
		2		3		7		8	
		ML のみ	MLVA+ML	ML のみ	MLVA+ML	ML のみ	MLVA+ML	ML のみ	MLVA+ML
敏感度	0.61	0.88	0.90	0.95	0.97	0.62	0.89	0.99	1.00
特異度	1.00	0.93	0.93	1.00	0.99	1.00	1.00	1.00	0.99
陽性的中率	0.97	0.82	0.82	0.98	0.96	0.90	0.87	1.00	0.99
陰性的中率	0.98	0.95	0.96	0.99	0.99	1.00	1.00	1.00	1.00

表 2. O26 および O111 における MLVA と機械学習 (ML) 結果との比較

Stats	O26		O111	
	MLVA	ML	MLVA	ML
敏感度	0.51	0.90	0.16	0.78
特異度	1.00	1.00	1.00	1.00
陽性的中率	0.95	0.99	1.00	0.95
陰性的中率	0.99	1.00	1.00	1.00

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 の機械学習モデル構築に用いた知見を利用し、O26、O111 の MLVA データを用いた学習・予測を試みた。O26 については 585 株、O111 については 285 株のデータを用いて、それぞれ約 17 万ペア、約 4 万ペアの MLVA 型のデータを用いた。

前年度までの結果から、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、近縁株判別の指標である 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。

今後は本研究で作成した予測モデルを実際に新規株の近縁株判別に使用し、予測モデルの有用性について検討する。

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 O26の585株、O111の285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（それぞれ約17万ペア、約4万ペア）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、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. O26 株ペアの SNP 数を連続値で予測する機械学習モデル

O26の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* 遺伝子の有無を、分離日間隔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、二乗平均平方根誤差 (RMSE) は44.8となり、これはO26血

清型内の各ペアのSNP数の実測値に対し平均的に±45ヶ所程度増減した予測が行われていることを表す。

また、連続値予測において、近縁株の基準を10 SNP以内とした場合の混同行列を図2に示す。

再現率 (Recall) (赤字) 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。

O26 における連続値予測においては再現率は61.4%となり、O157 においてCladeを分けて学習・予測した場合に比べて再現率が低かった。

2. O26 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

O26 血清型の任意の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、分離日間隔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2に示す。

カテゴリの予測においてはどちらの近縁株基準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いた。

3. O26 株ペアの SNP 数を連続値で予測する機械学習モデル

O111の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* 遺伝子の有無を、分離日間隔を特徴量として用い、勾配ブースティング回帰木のアル

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 3 に示す。連続値の予測においては、二乗平均平方根誤差 (RMSE) は 38.7 となり、これは O111 血清型内の各ペアの SNP 数の実測値に対し平均的に±39 ヶ所程度増減した予測が行われていることを表す。

また、連続値予測において、近縁株の基準を 10 SNP 以内とした場合の混同行列を図 4 に示す。

O111 における連続値予測において再現率は 27.7% となり、O157 において Clade を分けて学習・予測した場合や O26 において学習・予測した場合に比べて著しく再現率が低かった。

4. O111 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

O111 血清型の任意の 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、分離日間隔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 2 に示す。

カテゴリの予測においてはどちらの近縁株基準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いた。

D. 考察

O26・O111 においては株ペアの SNP 数を連続値で予測する機械学習モデルの場合、O157 で Clade を分けて予測した場合よりも予測精度が悪かった。これは、O157 においては Clade を分けることで、Clade

間ペアの SNP 数が大きいと思われるデータを学習・予測データから除くことができたことに起因している。現状では O26・O111 血清型においてはこのような Clade の別はなく、図 1 からわかるように 2 株間で SNP 数が 1000 前後の遠縁株間データが含まれている状態である。また O26・O111 血清型においては、O157 今後に比べて既存のデータが少ないことも予測精度低下の原因と考えられる。今後、O26・O111 血清型のデータの追加により部分的に機械学習・予測の精度が上がることを期待される。

一方、カテゴリの予測においては、O26・O111 においても 75% 以上の再現率が見られた。こちらの予測では、近縁株か否かの学習・予測のため、データセットの少なさ、また遠縁株が含まれたデータセットであっても、今回用いた特徴量から学習・予測が十分に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 O26・O111 血清型株についての 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、分離日間隔を特徴量として株ペアの SNP 数及び近縁株か否かのカテゴリを予測する機械学習モデルの作成を行った。

連続値の学習・予測においては、近縁株の予測がうまくいかない部分が見られたが、カテゴリでの学習・予測においては、どちらの血清型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モデルを用いて、

本機械学習モデルの実応用性を検討した
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

なし

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. O26 についての連続値予測の機械学習モデルの予測結果

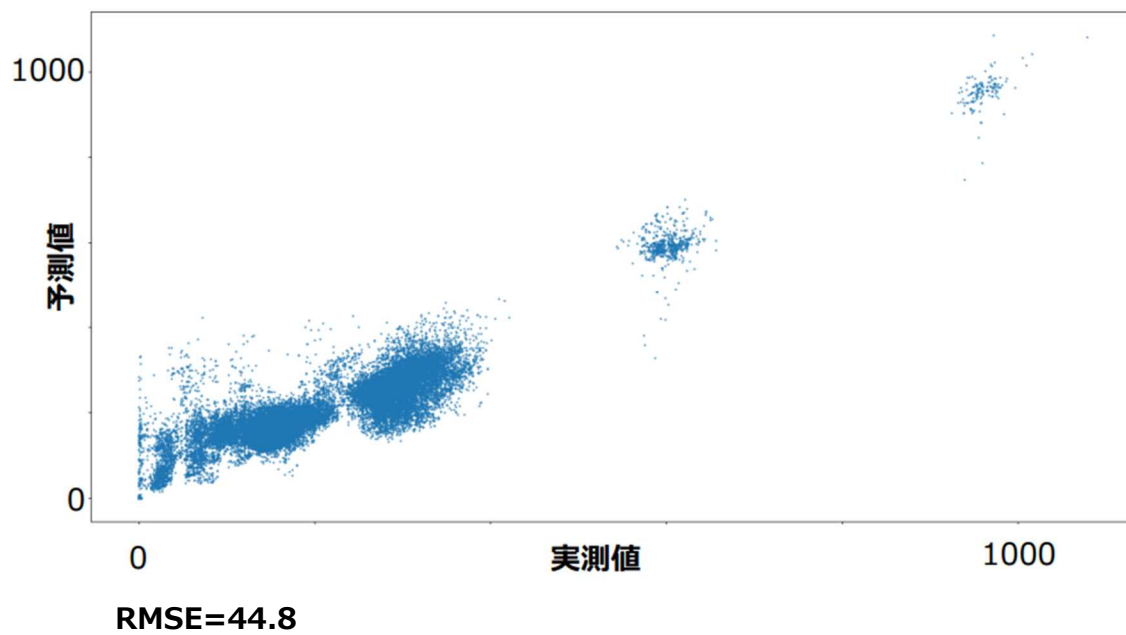


図 2. O26 についての連続値・カテゴリ予測の機械学習モデルの予測結果（混同行列）

赤: 再現率 (Recall) 、青: 適合率 (Precision)

連続値予測

		予測値		
		≤ 10	> 10	
実測値	≤ 10	285	179	61.4%
	> 10	0	41,514	
		100%		

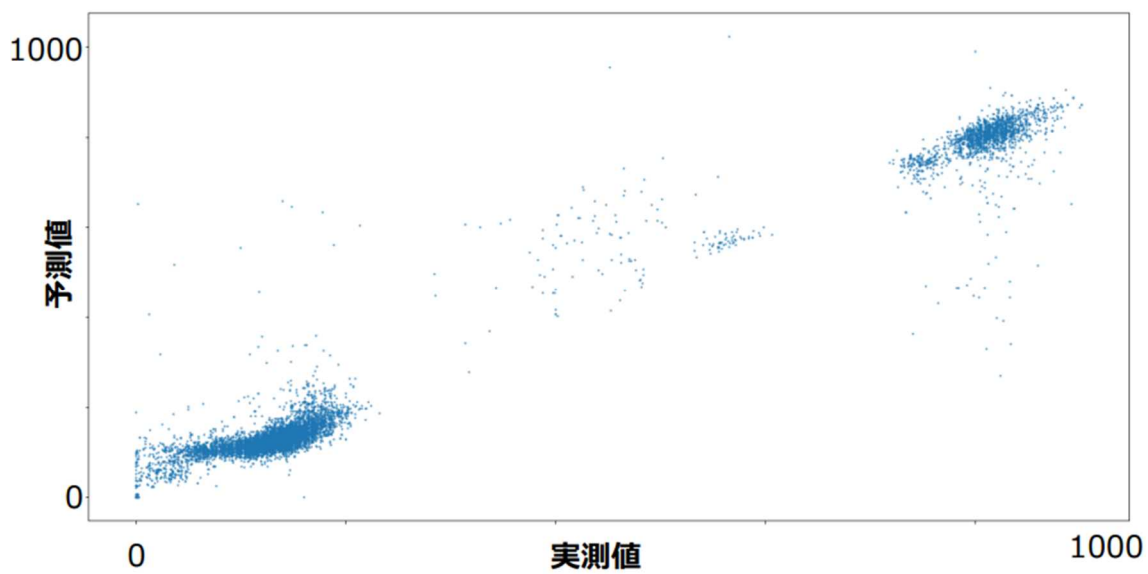
カテゴリ予測
10 SNP

		予測値		
		≤ 10	> 10	
実測値	≤ 10	416	4	99.0%
	> 10	48	41,510	
		89.7%		

カテゴリ予測
20 SNP

		予測値		
		≤ 20	> 20	
実測値	≤ 20	495	120	80.0%
	> 20	24	41,339	
		95.4%		

図 3. O111 についての連続値の機械学習モデルの予測結果



RMSE=38.7

図 4. O111 についての連続値・カテゴリ予測の機械学習モデルの予測結果（混同行列）

赤: 再現率 (Recall) 、青: 適合率 (Precision)

連続値予測		予測値		
		≤ 10	> 10	
実測値	≤ 10	25	65	27.7%
	> 10	1	9,956	
		96.1%		

カテゴリ予測 10 SNP		予測値		
		≤ 10	> 10	
実測値	≤ 10	70	20	77.8%
	> 10	4	9,953	
		94.6%		

カテゴリ予測 20 SNP		予測値		
		≤ 20	> 20	
実測値	≤ 20	124	25	83.2%
	> 20	10	9,888	
		92.5%		

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					

令和 5年 3月24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 4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」、「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 <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。

令和5年4月3日

厚生労働大臣 殿

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 隆彦

次の職員の令和4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) 細菌第一部・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		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」、「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 <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。

令和 5年 3月24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 4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」、「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 <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。