様　式　Ｃ－１９、Ｆ－１９－１、Ｚ－１９　（共通）

科学研究費助成事業　　研究成果報告書

令和　７ 年　 ６ 月 １２ 日現在

機関番号：１２５０１
研究種目：挑戦的研究（萌芽）
研究期間：2022～2024
課題番号：２２Ｋ１９５０３

研究課題名（和文）長鎖DNA解析を基盤とする臨床検査群を可能とする本邦発のプラットフォームの開発

研究課題名（英文）Development of a Japan-Originated Platform Enabling Clinical Test Panels Based on Long-Read DNA Analysis

研究代表者
西村　基（Motoi, Nishimura）

千葉大学・医学部附属病院・講師

研究者番号：８０４００９６９

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費）　　5,000,000円

研究成果の概要（和文）：本研究は遺伝子検査群を、共通・単一の長鎖DNA解析プラットフォーム上で開発し、その周辺技術を自らの研究も含め、できるだけ国産技術・試薬で固めることを目的とした。しかし研究期間の開始直後、本邦初の技術であり中核的に採用予定であったRCR(replication cycle reaction)法を保有するオリシロ社の買収劇がありその試薬購入が難しくなるという影響を受けた。しかしながら極力国産試薬を用いた代替法を模索し、従来法では確定診断困難な遺伝性難病の診断を長鎖DNA解析により行いさらに、より重要な遺伝子検査項目や重要な病原菌について長鎖DNA検査系の開発と患者の診断を進めている。

研究成果の学術的意義や社会的意義
述べたようにモデルナ社によるオリシロ社買収劇の影響を本研究は受けたと見られる。しかしながら臨床検査・患者還元という面では成果を出しつつあり、進行中の内容を含めるとやはり当初の目的である「long-read seqneuncer (LRS)と呼ばれるタイプのシーケンサーを遺伝子検査に応用し、これまでにない臨床検査アプリケーション群を可能とするプラットフォームを開発する」ことに着実に向かうことはできたと考えている。

研究成果の概要（英文）：This study aims to develop a suite of genetic tests on a unified, long-read DNA analysis platform, with an emphasis on utilizing domestically developed technologies and reagents, including those stemming from the research team itself. However, shortly after the research period began, we were impacted by the acquisition of OriCiro, the Japanese company holding the proprietary RCR (Replication Cycle Reaction) technology, which was originally planned as a core component of our platform. This event made it difficult to procure the necessary reagents. In response, we explored alternative approaches using domestically available reagents as much as possible. As a result, we have successfully applied long-read DNA analysis to diagnose hereditary rare diseases that are difficult to confirm using conventional methods. Furthermore, we are continuing to develop long-read DNA testing systems for high-priority diseases and clinically significant pathogens, along with progressing in diagnostics.

研究分野：臨床検査医学

キーワード：臨床検査　細菌検査　遺伝子検査　遺伝学的検査　ロングリード

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様　式　Ｃ－１９、Ｆ－１９－１（共通）

１．研究開始当初の背景

生命科学の発展の中でも、その目覚ましい成長点の一つはゲノム科学であり、申請者が医師として専門分野とし、かつ研究に当たっている臨床検査としての遺伝子検査においても、その実用化は著しく保険診療レベルにおいて家族性乳がん卵巣がん症候群における BRCA1/2 遺伝子検査から数百遺伝子規模のパネル遺伝子検査が行われるようになっている。しかしながら、これら高額（保険診療ながら１件数十万円に達する）な遺伝子検査項目の多くが外資系企業・外国企業によって担われているのが実情である（BRACAnalysis, myChoice, Foundation1(F1)といった検査項目）。これらの検査は単に構成する技術要素や試薬が外国由来であるのみならず、検査そのものさえ検体を航空機で送って海外のラボで解析されたり、本邦で検査される場合も、戦後のいわゆるノックダウン生産に例えて良いほど海外のラボのシステムがそのまま国内ラボで外資の指導の下に運用されたり、というのが実態である。これはゲノム解析技術と、その臨床検査応用において本邦が相当に世界水準から落伍しつつあることの結果であり、じっさい解析技術の中核である NGS(次世代シーケンサー)の製造開発においては米英中の３国の製品がほぼ独占的な地位にある。

NGS による解析の爆発的な拡大は中でもイルミナ社（米）や BGI 社（中）のシーケンサーによる所が大きく、ドラフトの塩基配列情報までで良いのであれば 1000 ドルゲノムどころか 200 ドルでのヒト全ゲノム解析を可能とする勢いを見せているが、これらは解析対象を数百塩基長以下まで断片化した後にショットガン的に解析する、所謂 short-read sequencer (SRS)である。

一方、英国をベースとする Oxford nanopore 社のシーケンサーや PacBio 社（米）の NGS は long-read sequencer (LRS)と呼ばれ数万塩基長からその数十倍程度の断片化しない、より intact に近い DNA を解析対象とできるが、その臨床検査応用は SRS に比べアプリケーション、そしてそれを可能とするプラットフォームが成熟しておらず途上である。実際、本邦において保険収載された、NGS を用いた臨床検査は前述の F1 検査など既にいくつかあるが、全て SRS を用いたものである。申請者らは LRS を用いた臨床検査が見込まれる分野において本研究を行い、本邦発のアプリケーション（検査項目）と周辺技術であるプラットフォーム（検体処理法）を技術開発する事を構想した。

２．研究の目的

上記のような背景から、国産技術・国産試薬の採用には当初はこだわる計画であった。そのうえで、いわゆる NGS（次世代シーケンサー）の中でも long-read seqneuncer (LRS)と呼ばれるタイプのシーケンサーを遺伝子検査に応用し、これまでにない臨床検査アプリケーション群を可能とするプラットフォームを開発する事を目的とした。

述べたように既に遺伝子検査が臨床検査として実用化し、本邦においても保険収載されるようになって久しい。しかしながら申請者は大学病院の臨床検査専門医・臨床遺伝専門医として、その実臨床での運用を担っているが、その問題点を日常業務において感じることがしばしばである。

具体的には、(1)遺伝学的検査における問題点；臨床検査として遺伝子検査が成熟する中で、より多くの遺伝子をもって網羅的に検査する方向性が存在する。例えば、腫瘍細胞の体細胞遺伝子検査においては、KRAS や ERBB2 といった個々の遺伝子についての検査から出発し、現在では数百の関連遺伝子を調べる「がん遺伝子パネル検査」に発展していることからも明らかである。このような多数遺伝子の検査を可能とした技術基盤は何といっても NGS であり現在は short-read seqneuncer (SRS)と呼ばれるタイプのシーケンサーが用いられている。反面、SRS は DNA を断片化しショットガン的に解析することから、染色体・遺伝子の構造異常（転座・欠失・重複など）に弱いことは兼ねてより指摘されてきた。特に数的異常を伴わない微小転座には原理的に弱い。この弱点は家族性乳がん・卵巣がん症候群（HBOC）における BRCA1/2 のような遺伝子変異の見逃しが極小であるべき重要な検査項目においては大問題である。なぜならば BRCA1/2 の変異による不活化が証明された場合に、特異的・効果的に治療効果を持つ薬剤（PARP 阻害剤）が既に臨床応用されているからで、治療を念頭に置いた場合、それに結び付かないような遺伝子までの網羅性よりも治療ターゲットとなる遺伝子を精度よく調べる検査のほうが患者には、はるかに望まれるのは論をまたない。

(2)臨床 biome 検査における問題点；臨床微生物検査のレベルで 16S rDNA(ribosomal RNA をコードする領域)のシーケンシングによる同定検査は既に検査室において用いられている。しかしながら未だに臨床 biome 検査というのは成り立っているとは言いにくい。なぜならば、SRS による biome 解析は DNA のショットガン解析による以上、種の同定に確実性を欠くためである。クローナルなゲノム構成である事を前提とできる分離培養された検体であれば SRS による解析データでも十分にゲノムを再構成し種を同定することができるが、そのような前提は biome 解析においては全く成り立たず、SRS による解析ではしばしば属レベルの、しかも推定に留まってしまうためである。臨床微生物学は確実な菌の種レベルでの同定と、それ

によるエンピリックな抗生剤治療に依拠している部分が大きく、従って臨床 biome 検査が成り立っているとはいいにくい。また従来、DNA メチル化の検出は行っていなかった。
(3) SARS-CoV-2 といったウイルスゲノムの、サブゲノムを含めた解析における問題点；本申請を行っている時点でも COVID-19 の流行は継続中であり本邦を含め世界的に最大の医学的問題であると言って過言ではない。ウイルスゲノムが複製されるサイクルの中で生成される中間産物・副産物であるサブゲノム解析は単なるウイルスの検出を超えてその病態の把握に資する事が期待されている。しかしアンプリコン毎に増幅バイアスの避けられない multiplex PCR と SRS の組み合わせでは、サブゲノム解析は不可能である。

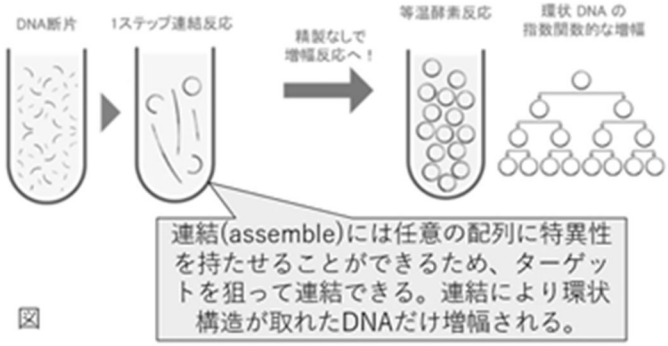
これら、①染色体構造異常をも解析できる従来にない高い精度での遺伝学的検査、②DNA メチル化をも解析でき、従来にない精度で菌種を同定できる臨床 biome 検査、③SARS-CoV-2 のサブゲノムを含めた網羅的ゲノム解析検査といった検査群を、共 通・単一のプラットフォーム上で開発し、その周辺技術を自らの研究も含め、できるだけ国産技術・試薬で固めることを目的とした。

３．研究の方法

LRS の解析ターゲットとなる長鎖 DNA を調製することが達成のためのポイントとなる。そのためには三～四種類の既存技術を組み合わせたい。一つは長鎖の構造を保ったまま DNA を忠実に増幅出来る MDA(Multiple displacement amplification)法であり、ヒトゲノムでさえ、それを全増幅するキットには、十分の実績がある（Qiagen 社キットなど）。

そして MDA 技術の中核となるφ29 ポリメラーゼや MDA キットは国内メーカー（関東化学・Takara など）でも単離されされたり製造販売が行われており、国産化の観点からも好ましい技術である。

当初は MDA 法で増幅した十分量ながら、さまざまヘテロな長鎖 DNA から解析ターゲットとなる長鎖 DNA を調製するには、本邦発の技術であるオリシロ(OriCiro)社の RCR(replication cycle reaction)法を用いることを計画していた。つまり、解析ターゲットを 50-100 キロベースの長さで取得するとして、両端を制限酵素処理や CRISPR/Cas で切り出し、その両端を同社や NEB 社等から出ている連結キットを用いて OriC 配列と環状構造を取らせることにより（図；同社資料を改変）選択的に増幅するものである。



図

OriC 配列を認識する制限酵素や CRISPR/Cas で開裂させれば、解析ターゲットに絞って長鎖 DNA が調整できる。DNA メチル化解析を組み合わせる場合には、これまで述べた増幅過程に、前処理として解析対象 DNA に NEB 社 EM-seq キットによる処理を行う。残念ながら国産技術によるキットではないが、EM-seq キットは長鎖構造を保ったまま、バイサルファイト変換と同様の効果が得られる性質があり、DNA メチル化解析を可能とするためである。LRS じたいは、これも NGS メーカーが国内に存在しないため、機器の価格の安さとコンパクトさに優れて病院の検査室にも十分に設置可能な Oxford nanopore 社の LRS・NGS を用いた。

４．研究成果

本研究の申請は 2021 年後半に行い、2022 年度中途より採択された。申請者は申請前に 0riciro

図２　（共同通信社ホームページより）

社の経営陣とオンライン会議も行うなど接触を持った機会もあり、同社の試薬を購入し予備実験を行ったりもしていた。じっさいオリシロ社の RCR 法試薬は年度途中まで（株）フナコシなどの代理店より購入可能であったが徐々に、在庫が供給されなくなっていた。

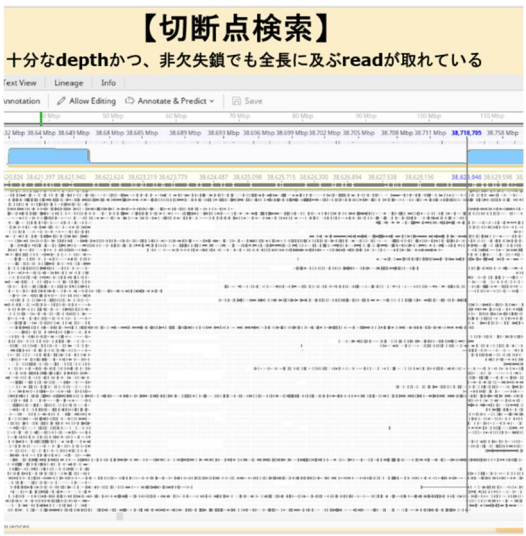
本研究の採択後、代表者として供給の不安定をやや不審・不安に思っていたところ、２０２３年１月４日になり以下の報道があった。「モデルナ（NASDAQ:MRNA）と無細胞 DNA 合成および増幅技術のパイオニアであるオリシロジェノミクス株式会社（以下、オリシロ社）は、モデルナがオリシロ社を 8500 万ドルで買収する契約を締結したことを本日発表」（同日の共同通信、配信ママ、**図２**）。つまりオリシロ社の RCR 技術は長鎖 DNA

調製手法として、ここまで高い評価をモデルナ社より受けていたのであり、その技術利用を図るための買収劇であったと考えられ、同様に高い評価をし本研究の申請を行っていた研究代表者は対して大学の一研究者にすぎず、いかんともしがたい事態であった。その後フナコシ等一般向けの代理店への試薬供給は行われなくなったように見られる。これは画期的な国産技術を持つ会社の海外企業による買収という点でもインパクトのある事態であるだけでなく、本研究計画の見直しを根本的に迫るものであった。

つまり申請者が RCR 法試薬を用いて行っていた予備検討などは、他の手法を採用し切り替えざるを得なかった。それも予備検討からやり直しが必要であった。

よって国産技術へのこだわりはある程度妥協せざるを得なくなり、「さまざまヘテロな長鎖 DNA から解析ターゲットとなる長鎖 DNA を調製」法については、従来からある long-range PCR 法という 20kb 程度までは増幅産物を取得できる方法を研究目的「①染色体構造異常をも解析できる従来にない高い精度での遺伝学的検査」を達成する際のメイン手法として用いる事となった。ただ附言すれば、本邦初の PCR 酵素には優れた試薬が多く、PCR 法自体は本邦初の技術ではないが、既に特許も切れており PCR 試薬としては本研究では Takara 社、TOYOBO 社などの優れた国産試薬を採用し、遺伝子解析を行っている。そのような中で、従来の手法では確定診断困難であった染色体構造異常による遺伝性難病の診断が可能になるケースが出てきており、患

図３

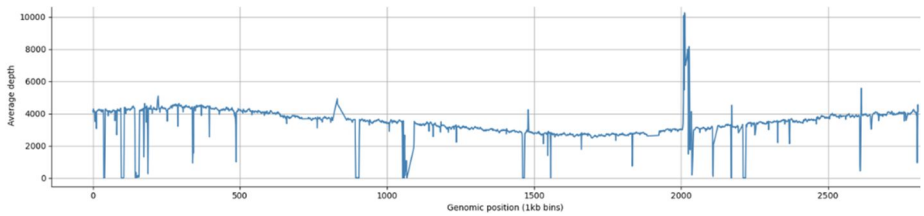


者同意の得られた症例では、SCN5A 遺伝子のエクソン欠失例とその切断点について症例発表を行った（第 71 回日本臨床検査医学会学術集会など、図３）。これは遺伝性不整脈についての発表であるが大きく出遅れたものの現在、研究の目的で述べたような「BRCA1/2 のような遺伝子変異の見逃しが極小であるべき重要な検査項目」について検査系の開発と患者の診断を進めている。

また目的「②臨床 biome 検査」についてもターゲットとなる長鎖 DNA を、ヘテロなＤＮＡサンプルから 16S rDNA 領域をできるだけ長鎖 DNA としてハイブリダイゼーション法で取得して、オリシロ社試薬で選択的に RCR 法で増幅することを計画していたが、そのめどが立たなくなった。よってこのような LRS の前処理となる前増幅に研究期間中はこだわるのではなく、まずは LRS による精確な菌種同定と精細なそのゲノム解析を行い臨床検査として医療に貢献できる試みを行うこととした。フェカリス菌としては強い病原性と特異な薬剤反応性を示す菌株が申請者の所属する大学病院検査部に保存されていたため、Oxford nanopore 社の LRS・NGS によるロングリードシーケンスでゲノミックデータを取得し、そのようなことが可能か検証を行った。

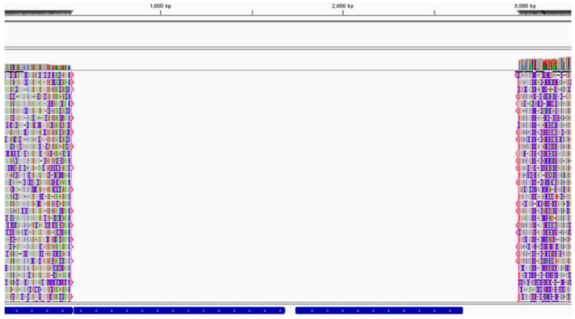
その一部のデータを示す。同菌株には reference となる標準的なプラスミドを保持する

図４　全ゲノムを対象としたカバレッジ検定による重複・欠失探索



フェカリス菌ゲノムに比べゲノムやプラスミドに欠失や重複が見られ（**図４・図５**）、一部の遺伝子が欠損したり（図５）重複していることが明らかであり現在、その薬剤反応性につながる可能性であり、そのため本報告書にも公開期間を設定している。また、このような研究に取り組むことは環状 DNA・プラスミドの全周解析を日常的に行うことにつながり、一塩基の間違いもない高品質の発現ベクターを研究目的に作成することができるようになった。従来の分子生物学的実験においては、制限酵素を用いたベクター作成が行われていたため、常にシーケンスを行わなくとも制限酵素地図を作成することで目的の発現ベクターが得られたとすることも多かったが、この手法は適切な制限酵素サイトがそうそう都合よく存在するわけではないために余計な付加塩基配列を伴い、実験の正確性への影響は不定な部分があった。近年、Gibson アッセンブリーのような合成生物学の進展に伴い、そのような余計な付加配列の無い１塩基レベルでの正確な発現ベクターの合成が可能となったが、それだけに目的の発現ベクターが完成したかの確認に

図５　プラスミド上の２遺伝子の明確な欠損



は１塩基レベルでの全周解析が必要な時代となっている。申請者らはこのような面で分子生物学的研究に共同研究者の一人として貢献することができた（Nat Commun 16, 4818 (2025)。なお、③SARS-CoV-2 のサブゲノム解析については、急速な新型 COVID-19 の流行の終息に伴い、臨床検査目的の研究の重要性が低下しただけでなく、患者検体の入手が困難となっており、新規知見が得られるほどには研究は進展しなかった。

総じて、モデルナ社によるオリシロ社の 8500 万ドル買収劇の影響を大きな影響を本研究は受けたとみられる。しかしながら４．研究成果の中で述べたように臨床検査・患者還元という面では成果を出しつつあり、進行中の内容を含めるとやはり当初の目的である「long-read seqneuncer (LRS)と呼ばれるタイプのシーケンサーを遺伝子検査に応用し、これまでにない臨床検査アプリケーション群を可能とするプラットフォームを開発する」ことに着実に向かっていることはできたと考えている。

５．主な発表論文等

〔雑誌論文〕　計9件（うち査読付論文　9件／うち国際共著　0件／うちオープンアクセス　8件）

１．著者名 Sakuma Ikki、Nagano Hidekazu、Hashimoto Naoko、Fujimoto Masanori、Nakayama Akitoshi、Fuchigami Takahiro、Taki Yuki、Matsuda Tatsuma、Akamine Hiroyuki、Kono Satomi、Kono Takashi、Yokoyama Masataka、Nishimura Motoi、Yokote Koutaro、Ogasawara Tatsuki、Fujii Yoichi、Ogawa Seishi、Lee Eunyoung、Miki Takashi、Tanaka Tomoaki	４．巻 6
２．論文標題 Identification of genotype?biochemical phenotype correlations associated with fructose 1,6-bisphosphatase deficiency	５．発行年 2023年
３．雑誌名 Communications Biology	６．最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s42003-023-05160-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

１．著者名 Akizue Naoki、Okimoto Kenichiro、Hirotsu Yosuke、Amemiya Kenji、Kaneko Tatsuya、Ohta Yuki、Taida Takashi、Saito Keiko、Matsumura Tomoaki、Nishimura Motoi、Matsushita Kazuyuki、Mochizuki Hitoshi、Chiba Tetsuhiro、Arai Makoto、Kato Jun、Omata Masao、Kato Naoya	４．巻 38
２．論文標題 Carcinogenic potential in regenerated mucosa after endoscopic resection of esophageal squamous cell carcinoma	５．発行年 2023年
３．雑誌名 Journal of Gastroenterology and Hepatology	６．最初と最後の頁 1546～1551
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/jgh.16219	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

１．著者名 Nishimura Motoi、Tanaka Tomoaki、Murata Syota、Miyabe Akiko、Ishige Takayuki、Kawasaki Kenji、Yokoyama Masataka、Hashimoto Naoko、Yamagata Kazuyuki、Nagano Hidekazu、Tojo-Nishimura Satomi、Matsushita Kazuyuki	４．巻 13
２．論文標題 Extension of bacterial rDNA sequencing for simultaneous methylation detection and its application in microflora analysis	５．発行年 2023年
３．雑誌名 Scientific Reports	６．最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-023-28706-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

１．著者名 Okimoto Kenichiro、Hirotsu Yosuke、Arai Makotoら	４．巻 -
２．論文標題 Validity of pathological diagnosis for early colorectal cancer in genetic background	５．発行年 2023年
３．雑誌名 Cancer Medicine	６．最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1002/cam4.5596	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

1．著者名 Yamato Azusa、Nagano Hidekazu、Gao Yueら	4．巻 5
2．論文標題 Proteogenomic landscape and clinical characterization of GH-producing pituitary adenomas/somatotroph pituitary neuroendocrine tumors	5．発行年 2022年
3．雑誌名 Communications Biology	6．最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s42003-022-04272-1	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

1．著者名 Aersilan Alimasi、Hashimoto Naoko、Yamagata Kazuyuki、Yokoyama Masataka、Nakayama Akitoshi、Shi Xiaoyan、Nagano Hidekazu、Sakuma Ikki、Nohata Nijiro、Kinoshita Takashi、Seki Naohiko、Rahmutulla Bahityar、Kaneda Atsushi、Zhahara Siti Nurul、Gong Yingbo、Nishimura Motoi、Kawauchi Shoichiro、Kawakami Eiryo、Tanaka Tomoaki	4．巻 12
2．論文標題 MicroRNA-874 targets phosphomevalonate kinase and inhibits cancer cell growth via the mevalonate pathway	5．発行年 2022年
3．雑誌名 Scientific Reports	6．最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-022-23205-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

1．著者名 Imaizumi Yuri、Ishige Takayuki、Fujikawa Tatsuki、Miyabe Akiko、Murata Shota、Kawasaki Kenji、Nishimura Motoi、Taniguchi Toshibumi、Igari Hidetoshi、Matsushita Kazuyuki	4．巻 536
2．論文標題 Development of multiplex S-gene-targeted RT-PCR for rapid identification of SARS-CoV-2 variants by extended S-gene target failure	5．発行年 2022年
3．雑誌名 Clinica Chimica Acta	6．最初と最後の頁 6～11
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.cca.2022.08.031	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

1．著者名 Tamura Ai、Yamagata Kazuyuki、Kono Takashi、Fujimoto Masanori、Fuchigami Takahiro、Nishimura Motoi、Yokoyama Masataka、Nakayama Akitoshi、Hashimoto Naoko、Sakuma Ikki、Mitsukawa Nobuyuki、Kawashima Yusuke、Ohara Osamu、Motohashi Shinichiro、Kawakami Eiryo、Miki Takashi、Onodera Atsushi、Tanaka Tomoaki	4．巻 16
2．論文標題 p53-inducible lncRNA LOC644656 causes genotoxic stress-induced stem cell maldifferentiation and cancer chemoresistance	5．発行年 2025年
3．雑誌名 Nature Communications	6．最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41467-025-59886-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 －

1．著者名 Matsuki Yuri、Ichihara Kiyoshi、Itoh Yoshihisa、Mori Kazuo、Ihara Hiroshi、Maekawa Masato、Nishimura Motoi、Kiuchi Sachiko、Nomura Fumio、Hashizume Naotaka、Itoh Nobue、Matsumura Satoshi	4．巻 61
2．論文標題 Reappraisal of serum retinol-binding protein as a surrogate marker for retinol and discovery of a novel retinol estimation formula	5．発行年 2024年
3．雑誌名 Clinical Nutrition ESPEN	6．最初と最後の頁 119～130
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.clnesp.2024.03.017	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 －

〔学会発表〕　計5件（うち招待講演　0件／うち国際学会　0件）

1．発表者名 西村基，石毛崇之，松下一之
2．発表標題 遺伝性不整脈のエクソン欠失例に見るマルチ遺伝子パネル検査の大学病院検査部によるバックアップ
3．学会等名 第71回日本臨床検査医学会学術集会
4．発表年 2024年

1．発表者名 松下 一之,石毛 崇之，西村 基，川崎 健治
2．発表標題 当院で開発した Multi-gene panel testing の使用経験とその精度管理について
3．学会等名 第 64 回日本臨床化学会年次学術集会
4．発表年 2024年

1．発表者名 坂本 信一,今村 有佑,宇津野 恵美,山田 康隆,佐藤 航大,柴田 裕貴,西村 基,大野 泉,松下 一之,市川 智彦
2．発表標題 Cancer genome panel of castration-resistant prostate cancer in Chiba University Hospital
3．学会等名 日本人類遺伝学会第69回大会
4．発表年 2024年

１．発表者名 大西 徳子,西村 基,梶山 貴嗣,石毛 崇之,小林 欣夫,松下 一之,市川 智彦
２．発表標題 A case of asymptomatic Brugada syndrome with identified SCN5A exon4 deletion
３．学会等名 日本人類遺伝学会第69回大会
４．発表年 2024年

１．発表者名 松下一之,石毛崇之,西村基,大西徳子,市川智彦
２．発表標題 Experience using MGPT for hereditary tumors developed at our hospital and the need for EQA
３．学会等名 日本人類遺伝学会第69回大会
４．発表年 2024年

〔図書〕　計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

―

６．研究組織

	氏名 （ローマ字氏名） （研究者番号）	所属研究機関・部局・職 （機関番号）	備考
研究分担者	石毛　崇之 (Takayuki Ishige) (30757315)	千葉大学・医学部附属病院・主任臨床検査技師 (12501)	
研究分担者	村田　正太 (Syota Murata) (30888144)	千葉大学・医学部附属病院・副臨床検査技師長 (12501)	
研究分担者	田中　知明 (Tomoaki Tanaka) (50447299)	千葉大学・大学院医学研究院・教授 (12501)	

6．研究組織（つづき）

	氏名 （ローマ字氏名） （研究者番号）	所属研究機関・部局・職 （機関番号）	備考
研究分担者	川崎　健治 (Kenji Kawasaki) (50842902)	千葉大学・医学部附属病院・臨床検査技師長 (12501)	
研究分担者	松下　一之 (Kazuyuki Matsushita) (90344994)	千葉大学・医学部附属病院・准教授 (12501)	
研究分担者	高田　護 (Mamoru Takada) (90800392)	千葉大学・総合安全衛生管理機構・助教 (12501)	

7．科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕　計0件

8．本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関