

令和元年6月20日現在

機関番号：17301

研究種目：基盤研究(B) (海外学術調査)

研究期間：2015～2018

課題番号：15H05263

研究課題名(和文) アジア・オセアニアにおける病原性抗酸菌の浸淫度調査

研究課題名(英文) Surveillance of pathogenic mycobacteria in Asian and Oceanian countries

研究代表者

和田 崇之 (WADA, Takayuki)

長崎大学・熱帯医学研究所・准教授

研究者番号：70332450

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,100,000円

研究成果の概要(和文)：抗酸菌属は多様な自然環境に生存する一方、病原菌としての側面を持ち、ヒトを含めた様々な動物に感染して病変を起こす。本課題では、国内外における野生動物・捕獲動物に関して抗酸菌症の調査研究を行い、原因菌のゲノム解読に基づく遺伝子解析を行った。国際連携としては、台湾との連携の下、新規Mycobacterium marinum検出法を確立し、飼育動物例における菌種同定を行った。飼育動物、家畜動物、伴侶動物の症例において、それぞれ異なる抗酸菌種の分離培養と比較ゲノム解析を行い、個々の菌種および分離株における遺伝的多様性について、新たな知見を蓄積することに成功した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本課題の成果は、抗酸菌感染症における動物症例に関し、細菌ゲノム解析を手法的な基盤として積み重ねてきた。結果として、本課題を通して分析された症例の原因菌は人獣共通感染症の起因菌としてリスクが高い菌種も多く含まれ、ヒトの衛生保健にも寄与しうる成果となった。本結果はアジア地域を中心とした獣医師ネットワークに還元され、今後の研究展開を牽引し活用出来ると考えている。直接的な国際連携としては、台湾をカウンターパートとした動物感染症の研究体制構築を達成した。抗酸菌症に限らない感染症対策が望まれる場合にも、こうした連携を活かした国際的研究を展開できる素地になることが期待される。

研究成果の概要(英文)：Mycobacterium is a genus including pathogenic agents, which can survive in natural environments, such as soil and water. Some species is infectious to animals and humans as zoonotic pathogens, causing tumors and granuloma on skins or various organs. In this study, we aimed to survey mycobacterial infection of animal cases in Asian countries mainly based on genomic analysis of clinical isolates. In collaboration with Taiwan, we established a convenient method for detection of Mycobacterium marinum, and reported an infection case of the species. We also analyzed various animal cases infected with some mycobacterial species, such as M. avium, M. caprae, and so on. In each study, the clinical strains were isolated and their genome sequences were determined to compare with each other and sequences retrieved from database, which could provide new information and evidences about animal infection of the genus broadly.

研究分野：細菌学

キーワード：細菌学 人獣共通感染症 抗酸菌 細菌ゲノム比較 動物感染症

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

(1) 抗酸菌属 (*Mycobacterium*) は、土壌や水など、多様な自然環境に生存する一方、病原菌としての側面を持ち、ヒトを含めた動物の内臓や皮膚に感染して肉芽腫などの病変を起こす。このうち、生存ニッチを宿主のみに依存する結核菌群に反して、自然環境に生存しながら動物への感染性を発揮する抗酸菌種の生態学的知見は乏しく、飼育動物での事例報告に留まっているのが現状である。公衆衛生上問題となるのは、生存ニッチを動物体内に獲得し、病原微生物となった菌種群である。代表的にはヒト結核菌 (*Mycobacterium tuberculosis*)、らい菌 (*M. leprae*) などが挙げられるが、その他の菌種でも様々な症例が報告されており、約 30 種もの菌種が病原体として認識されている。この中には、トリ結核菌 (*M. avium*、ヨーネ菌を亜種を含む) のように家畜衛生上重要な病原体や、*M. abscessus* や *M. kansasii* のように感染源、自然宿主、生存ニッチがはっきりしない菌種群も含まれる。これらの病原性に関わる分子機構や自然環境下での浸淫度は未解明であり、その生態学的知見は限定的である。

(2) 動物感染症として明白なヨーネ菌、結核菌群を除いても、多様な抗酸菌症が断続的に報告されている。通常、動物における抗酸菌症は病変部の肉芽腫や抗酸菌染色などによって発見・診断されるが、その原因菌種まで詳細に同定されることは少ない。これらは、病原体への『進化の入り口』にある菌種 (opportunistic species) として認識されているものの、その感染機序は未解明であり、発見された症例の多くが病理学的所見の確認に留まっている。こうした理由には、組織学的な獣医病理診断が求められることに加え、非病原菌種が自然環境や動物体表から常在的に分離されるため、起病菌との区別が難しいこと、増殖速度が遅く、分離培養に一定のスキルを要することが挙げられる。

2. 研究の目的

(1) 本研究課題では、国内外における野生動物・捕獲動物における抗酸菌症の調査研究を行う。新規事例を発見した場合に原因菌の分離培養を行い、病原性に関わる遺伝子と菌株多型を詳細に分析して病原性抗酸菌の遺伝学的理解を深めることとする。特に、アジア・オセアニアの獣医病理学教室と協力を通して、抗酸菌研究の国際的な連携強化と情報基盤の確立を目指す。

(2) 代表的な病原性抗酸菌種は、明瞭な病原因子を持たない菌種 (例：結核菌群) と、プラスミドによって外来性病原因子を獲得した菌種 (例：*M. ulcerans*) が知られている。前者では特定の遺伝子ファミリーが多コピー化し、宿主への適応度を高めているのに対し、後者では産生毒素によって宿主への感染を成立させている。いずれもゲノムの縮小や偽遺伝子の蓄積が認められ、自然環境から宿主動物に生存ニッチが変化したことによる現象と考えられる。本研究課題では、次世代シーケンサーを活用し、病原体として分離された抗酸菌種についてゲノム配列を決定し、環境分離株との比較を通して病原性獲得・進展の兆候を捉える。

(3) こうして得られた詳細な細菌ゲノム情報は、病原性関連遺伝子や各菌種にユニークな遺伝子、多型性領域を同定するのに役立つ。そこで、配列情報を病原性抗酸菌の遺伝子検出用マーカーの構築に応用する。

3. 研究の方法

(1) まず、連携関係にある国内外の動物園、動物保全機関、獣医系大学・大学院などで発見された抗酸菌疑いの症例について、組織標本や固定済標本から DNA を抽出して抗酸菌の検出を行う。組織からの DNA 抽出には組織標本用のキットを利用する。固定済標本も、脱パラフィン、脱固定を目的として抽出用キットを利用する。遺伝子の検出には、汎用的に利用される hsp65 などの他、登録されているゲノム配列情報をもとに、リアルタイム PCR などのより鋭敏かつ精度が高い手法を新たにデザインすることとする。検出された試料については、配列解読をはじめとした詳細な遺伝子解析を行う。また、新規感染事例で新鮮な試料が得られる場合には、直ちに抗酸菌分離のための培養を試みる。

(2) 抗酸菌分離には習熟が必要なため、ヒト症例での経験が蓄積されている医療機関において実施する。感染個体が生存している場合には、組織ではなく糞や血液、口腔内スワブ (痰など) を材料として分離培養を試みる。環境調査では、試料からの直接 DNA 抽出と同時に膜透過によって濃縮した試料を培養に用いる。

分離された菌株については、遺伝子解析に基づく菌種同定を行うとともに、次世代シーケンサーによってゲノム情報を取得する。培養菌株からゲノム DNA を抽出し、MiSeq (Illumina) を用いてペアエンド短鎖リード配列を取得する。参照ゲノム配列が既知の場合には、リード配列をマッピング解析に供し、変異箇所をリスト化する。また、アセンブルによってコンティグを作成し、ドラフトゲノム配列として登録または解析に用いる。これらは主に CLC Genomics Workbench (QIAGEN) を用いて実施する。マッピング解析によって得られた変異箇所や、アセンブルによって得られたコンティグ配列は、データベースに登録されたゲノム情報と合わせて比較・系統解析を行い、その特徴を抽出する。

(3) 研究成果をアジア地域を中心とした野生動物・飼育動物保全に関する獣医師コミュニティにフィードバックし、広域な研究ネットワークの確立に資する。

4. 研究成果

(1) *M. marinum* complex に関する調査および検出系デザイン

M. marinum は魚や両生類などの感染例が多く、ヒトではアクアリウム水槽などから感染して皮膚病変を引き起こすことが知られている。本菌種は病原性進化の過程においてマイコラクトン毒素産生遺伝子を外来的に獲得し、宿主からの免疫応答回避を果たす病原体に進化したと考えられている (Stinear et al. 2007)。その進化途上では、養殖魚において時おり流行を起こす *M. pseudoshottsii* や、両生類からの分離が報告された *M. lifrandi* などの菌種へと系統分岐しながら、ヒトにおいてブルéri潰瘍を引き起こす *M. ulcerans* へと変貌していったとされる (*M. marinum* complex)。本研究課題では、台湾で飼育されていたホンコンイモリで発生した *M. marinum* 致死症例について、病変組織から同菌の遺伝子を検出して確定診断を得た。本事例における病変は、肉芽腫をはじめとした免疫応答が弱く、一般的な抗酸菌症と異なる様相を呈したが、同組織においてマイコラクトン産生遺伝子を同時に検出したことから、本菌がマイコラクトン産生型 *M. marinum* であり、その結果として病理学的に抗酸菌症診断が難しい事例となりえることを示した (Li et al., 2017.; 発表論文)。

本研究課題では台湾との連携を確立し、その他様々な食用魚、観賞魚から分離された *M. marinum* を MiSeq にてゲノム配列を獲得することにより、それらの比較ゲノム解析を進めている。ここでは、日本国内の水族館で発生したモリアオガエル由来 *M. marinum* 感染例や、養殖食用魚での分離株を合わせた比較研究として現在解析進行中である。

日本国内における *M. pseudoshottsii* の集団事例 (2012~2013 年) から分離された 12 株の近接ゲノム比較を実施した。比較を容易にするため、1986 年に別地域で分離されていた参照株から長鎖ゲノム配列を PacBio RS によって獲得し、完全長ゲノムを解読した (全長 6,050,184 bp, 5,528 遺伝子)。この配列を参照配列として集団事例株の短鎖リード配列をマッピング解析し、変異数を比較検討したところ、発生漁港ごとに別の系統株による感染例であることが明らかとなった。このことから、集団事例として考えられていた *M. pseudoshottsii* 感染は単一株による拡散ではなく、何らかの環境要因による流行であった可能性が示唆された (投稿準備中)。

M. marinum はマイコラクトン非産生性であっても病原性を示しうることが知られているが、既存の遺伝子検出系はマイコラクトン産生遺伝子や、*M. ulcerans* においてマルチコピー化が進行しているトランスポゾン (IS2404 および IS2606) をターゲットとしたものに限定されている。そこで、*M. marinum* complex 全体を効率良く検出できる等温遺伝子増幅 (LAMP) 法を確立した (投稿中)。本手法は理論的には環境水 1 mL あたり数個の本菌量を検出できる鋭敏なシステムであり、環境調査などへの応用が期待される。

(2) 飼育動物の各種抗酸菌症例

本研究期間中において、飼育動物、家畜動物で発生した抗酸菌症例から様々な抗酸菌種を原因菌として分離し、ゲノム比較による既知株とのデータ比較をおこなってきた。これらは、ボルネオゾウから分離されたヤギ結核菌 (*M. caprae*)、クロヒゲサキから分離された *M. kansasii*、家畜牛から分離された *M. avium* subsp. *hominissuis*、ネコから分離された未同定菌種 *M. sp* strain MFM001、鳥類から分離された *M. genavense* など、多岐に及ぶ宿主・菌種を含んでおり、学術成果として報告を行ってきたところである。

動物園にて飼育されていたボルネオゾウにおいて食欲不振、体重減少をはじめとした感染症様症状が認められ、糞や喀痰などの試料から結核菌群に属する *M. caprae* が分離された。感染源は不明であるが、本邦において同菌種の症例はほとんど知られておらず、原産地 (ボルネオ島) における感染が再発したものと考えられた。本菌は比較ゲノム解析による遺伝子欠損領域の検出に基づいて菌種同定を行い、ヨーロッパ地域で分離されている菌株との地理系統的乖離も認められた。本症例では治療経過中にイソニアジド耐性株が検出された。元株との比較解析によって既知の耐性変異 (*katG* Ser315Thr) を含むごく微小な遺伝子変異のみが確認されたことから、複数株感染に起因する耐性株の出現ではなく、同一株の耐性化によることが示唆されている (Yoshida et al., 2018.; 発表論文)。

家畜牛における *M. avium* 感染は、一般的には亜種である *M. avium* subsp. *paratuberculosis* によるヨーネ病であり、腸管感染による病変を引き起こす。本件は経気道感染による肺病変が認められ、分離株を詳細分析したところ、近年ヒト症例が増加しつつある *M. avium* subsp. *hominissuis* による感染事例であることが確定した。従来の型別法ではヒト由来株との近縁性が示唆されたが、ゲノム比較解析により系統的に大きく離れた株であることが判明し、本亜種の高い遺伝的多様性が示された (Yoshida et al., 2018.; 発表論文)。

動物園で発生したクロヒゲサキから分離した *M. kansasii* 臨床株の短鎖リード配列を用いてアセンブルし、コンティグを得た。ATCC 標準株から推定された反復配列領域を Tandem Repeats Finder (Benson., 1999) によって探索し、本株のコンティグとの比較から反復数が異なると考えられた 5 領域を選択して特異的 PCR プライマーを設計した。しかし、両株のゲノム DNA を鋳型として増幅したところ、増幅産物に違いが認められなかったことから、反復領域の正確な判別には長鎖ゲノム配列の獲得が不可欠であると考えられた。そこで、PacBio による長鎖解析を

実施し、完全長の取得を目指している段階である。

本株の病原性を確認するため、リスザルを用いた感染実験を行ったところ、感染4週後に顕著な病変が認められた。このことは、新世界サルにおける本菌の起病性を示すものであり、今後、研究対象を従来のヒト-環境といった感染循環、動物感染事例や自然宿主の探索へと拡大していくことが、本菌による感染様式の実態解明に繋がると期待される。

播種性感染を引き起こしたネコ症例から遅発育性抗酸菌を検出し、各種遺伝子配列から新種であることが示唆された。本菌は既存のデータから、ヒトの感染症例で *M. sp* として登録されている配列と完全一致したことから、伴侶動物とヒト双方に感染する可能性が懸念される。短鎖リード配列を取得してコンティグを作成し、ゲノム既知の菌種と比較解析を行うことにより、既存種としては *M. kyorinense*, *M. ceratum* の近縁種（いずれもヒト症例有）であることが確定された（Kayanuma et al., 2018.; 発表論文）。

M. genavense は鳥類の致死症例から分離されることが多く、何らかの宿主適応と病原性を保有している可能性が示唆されているが、完全長ゲノム配列の報告がない。本研究課題では、標準株である ATCC51234 のほか、飼育鳥由来株（2株）の完全ゲノム配列を解読したところ、偽遺伝子数が非常に多く、病原体に典型的なゲノム構造を有していることが明らかとなった（投稿準備中）。

(3) *M. terrae* complex に関する環境分離株と系統解析

ヒトにおいて、手の滑膜炎の原因として報告が多い抗酸菌に *M. arupense* がある。本菌は遺伝系統的に *M. terrae* を代表種とする菌種群に属し、九州で特に症例が多い *M. kumamotoense* と近縁である。これらは河川、海水などの環境水からもよく分離されるため、感染源究明を目的とした環境調査に基づく分離菌株と臨床株の比較ゲノム解析を行ったが、結果的に、*M. arupense* および *M. kumamotoense* いずれもヒト由来株に特徴的な系統発生は認められなかった。今後、調査を継続しつつ双方の菌種を合わせたコアゲノム比較を行い、関連性を検索する予定である。

(4) Mycobacterium 汎用プローブデザイン

抗酸菌属を汎用的に検出することを目的として、本属菌種（27菌種）が共通に保有する遺伝子のうち近縁属（放線菌など）は保有しない遺伝子を検索し、リアルタイムPCRによる検出系を構築した。ターゲットとした遺伝子は26菌種において高いDNA配列保存性を示し（らい菌（*M. leprae*）は本遺伝子を保有しておらず、検出不能）、その配列一致性に基づいてデザインした検出系によって99種の抗酸菌属由来加熱死菌上清が増幅陽性となった。同様のアプローチによってデザインされていた *atpE* 増幅系（Radmski et al., 2013）と比較しても増幅感度が高く、同法で検出できなかった菌種もすべて検出できることが確かめられたため、有用な抗酸菌検出報として利用できる可能性が高いと考えられる（投稿準備中）。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計7件)

Yoshida S, Suga S, Ishikawa S, Mukai Y, Tsuyuguchi K, Inoue Y, Yamamoto T, Wada T. *Mycobacterium caprae* infection in a captive Borneo elephant. *Emerg. Infect. Dis.* 2018. 24(10):1937–1940. doi:10.3201/eid2410.180018. 査読有.

Kayanuma H, Ogihara K, Yoshida S, Yamamoto K, Wada T, Yamamoto T, Tsuyuki Y, Madarame H. Disseminated nontuberculous mycobacterial disease in a cat caused by *Mycobacterium* sp. strain MFM001. *Vet. Microbiol.* 2018. 220: 90–96. doi:10.1016/j.vetmic.2018.05.010. 査読有.

Yoshida S, Araki T, Asai T, Tsuyuguchi K, Arikawa K, Iwamoto T, Nakajima C, Suzuki Y, Ohya K, Yanai T, Wada T, Yamamoto T. Phylogenetic uniqueness of *Mycobacterium avium* subspecies *hominissuis* isolated from an abnormal pulmonary bovine case. *Infect. Genet. Evol.* 2018. 62:122–129. doi:10.1016/j.meegid.2018.04.013. 査読有.

和田崇之, 吉田志緒美, 柳井徳磨. ヒト, 動物, 環境をとりまく非結核性抗酸菌の浸淫状況と宿主適応. *日本臨床微生物学雑誌* 2017. 27(3):1–10. <http://www.jscm.org/journal/full/02703/027030139.pdf> 査読無.

Li WT, Chang HW, Pang VF, Wang FI, Liu CH, Chen TY, Guo JC, Wada T, Jeng CR. Mycolactone-producing *Mycobacterium marinum* infection in captive Hong Kong warty newts and pathological evidence of impaired host immune function. *Dis. Aquat. Organ.* 2017. 123(3): 239–249. doi:10.3354/dao03092. 査読有.

和田崇之, 吉田志緒美, 山本太郎. 抗酸菌属に潜む分類学と臨床現場の乖離. *生物の科学「遺伝」* 2015. 69(5):415–20. 査読無.

Teramoto K, Suga M, Sato T, Wada T, Yamamoto A, Fujiwara A. Characterization of mycolic acids in total fatty acid methyl ester fractions from *Mycobacterium* species by high resolution MALDI-TOFMS. *Mass Spectrometry* 2015. 4:A0035. doi:10.5702/massspectrometry.A0035 査読有.

〔学会発表〕(計27件)

吉田志緒美, 菅里美, 石川智史, 向井康彦, 露口一成, 井上義一, 山本太郎, 和田崇之.

結核に罹患したボルネオゾウの原因菌はヒト結核菌ではなく *Mycobacterium caprae* だった。第 92 回日本細菌学会総会。2019。

Yoshida S, Suga S, Ishikawa S, Mukai Y, Tsuyuguchi K, Inoue Y, Yamamoto T, Wada T. *Mycobacterium caprae* infection in a captive Borneo elephant. The U.S.-Japan Cooperative Medical Sciences Program's 21st International Conference on Emerging Infectious Diseases (EID) in the Pacific Rim. 2019.

向井康彦, 菅里美, 石川智史, 吉田志緒美。ゾウの結核の症状, その診断と治療の難しさについて。第 28 回ゾウ会議。2018。

吉田志緒美, 露口一成, 菅里美, 石川智史, 向井康彦, 和田崇之, 山本太郎, 鈴木克洋。動物園飼育ゾウの結核事例。第 49 回結核・非定型抗酸菌症治療研究会。2018。

菅里美, 石川智史, 吉田志緒美, 向井康彦。イソニアジド過量投与により肝障害と風気症を呈したゾウ結核症の一例。第 24 回日本野生動物医学会大会。2018。

石川智史, 菅里美, 吉田志緒美, 向井康彦。ゾウの結核における迅速検査キットを用いた血清学的モニタリング。第 24 回日本野生動物医学会大会。2018。

吉田志緒美, 露口一成, 和田崇之, 山本太郎, 鈴木克洋。ヒト—動物—環境に浸淫する抗酸菌属の実態解明。第 50 回非結核性抗酸菌症研究協議会。2018。

Yoshida S, Suga S, Ishikawa S, Mukai Y, Tsuyuguchi K, Inoue Y, Yamamoto T, Wada T. *Mycobacterium caprae* infection in a captive Borneo elephant. A Joint Conference of the 11th International Meeting of Asian Society of Conservation Medicine (ASCM) and the Wildlife Disease Association Australasia (WDAA) 2018. 2018.

和田崇之, 吉田志緒美, 柳井徳磨。抗酸菌属における病原性とその動物症例。環境微生物系学会合同大会 2017。2017。【招待講演】

Wada T, Yoshida S, Yamamoto K, Yamamoto T, Ishikawa S, Suga S, Mukai Y. Genomic monitoring of clinical strains of *Mycobacterium tuberculosis* isolated from a captive Asian elephant. 10th International Meeting of Asian Society of Conservation Medicine (ASCM). 2017.

Ishikawa S, Yoshida S, Wada T, Paudel S, Suga S, Mukai Y. Tuberculosis in a captive Asian elephant: the first treatment in Japan. 10th International Meeting of Asian Society of Conservation Medicine (ASCM). 2017.

Yoshida S, Matsubara K, Kojima A, Wada T. *Mycobacterium marinum* infection in scheltopusiks (*Ophisaurus apodus*). 10th International Meeting of Asian Society of Conservation Medicine (ASCM). 2017.

柳井徳磨, 吉田志緒美, 和田崇之。アジアにおける One Health に基づいた抗酸菌症のサーベイランスネットワークについて。第 90 回日本細菌学会総会。2017。【招待講演】

Wada T, Yoshida S, Yanai T, Yamamoto T. Molecular characterization of *Mycobacterium avium* subspecies *hominissuis* isolated from cattle with pulmonary disease using variable number of tandem repeats analysis. One Health Eco Health Conference, 2016. 2016.

Yoshida S, Tsuyuguchi K, Nonaka L, Imajoh M, Yanai T, Tamaru A, Nakajima C, Suzuki Y, Wada T, Yamamoto T. *Mycobacterium pseudoshottsii* isolated from farmed fish in South-Western Japan. The 9th International Meeting of ASCM. 2016.

Wada T, Yoshida S, Araki T, Iwamoto T, Yamamoto T, Yanai T. Genotypic characterization of *Mycobacterium avium* subsp. *hominissuis* isolated from cattle with pulmonary infection. The 9th International Meeting of ASCM. 2016.

和田崇之。結核・非結核抗酸菌症の分子疫学 - ヒト症例の国内事情と動物症例の解析例 - 。H28 年度中部地区獣医師大会・獣医学術中部地区学会。2016。【招待講演】

吉田志緒美, 東桃代, 露口一成, 鈴木克洋, 井上義一, 和田崇之, 山本太郎, 林清二。滅菌水供給装置の汚染が原因と考えられた *Mycobacterium chimaera* の疑似アウトブレイク。第 91 回日本結核病学会総会。2016。

和田崇之, 吉田志緒美, 露口一成, 山本太郎。播種性病態を引き起こした新世界ザル由来 *Mycobacterium kansasii* 株の遺伝子解析及び病原性評価。第 90 回日本感染症学会総会。2016。

Wada T, Yoshida S, Yamamoto K, Tachikawa Y, Yokota S, Hattori S, Nakajima C, Suzuki Y, Tsuyuguchi K, Yanai T, Yamamoto T. A case of mycobacteriosis of frogs: insights into virulence and ecology of aquatic mycobacteria as a zoonotic pathogen. US-Japan Cooperative Medical Sciences Program presents 50th Anniversary Celebration followed by the 18th International Conference on Emerging Infectious Diseases. 2016.

②1 Yoshida S, Wada T, Tsuyuguchi K, Yanai T, Yamamoto T. Evaluation of the virulence between *Mycobacterium kansasii* isolates adapted to human or animal; using "One-health" infection model in squirrel monkeys (*Saimiri sciureus*). 2015 One Health Conference in Nagasaki. 2015.

②2 Yanai T, Kimura J, Wada T. Setting up an Asian Network for "One Health" from Conservation Medicine. 2015 One Health Conference in Nagasaki. 2015.

②3 Wada T, Yoshida S, Nakajima C, Suzuki Y, Yanai T, Yamamoto T. International surveillance on Mycobacteriosis in Asian network: a challenge to unite clinical cases and bacterial information towards One Health. 2015 One Health Conference in Nagasaki. 2015.

②4 Wada T, Yoshida S, Nakajima C, Suzuki Y, Yanai T, Yamamoto T. Mycobacteriosis working group

in ASCM: a challenge to unite clinical cases and bacterial information towards One Health. 8th International Conference of Conservation Medicine “One Health in Asia-Pacific. 2015.

- ②5) Yoshida S, Wada T, Yanai T, Kimura J, Tsuyuguchi K, Suzuki K, Inoue Y, Kuraishi T, Hattori S, Nakajima C, Suzuki Y, Hayashi S, Yamamoto T. Evaluation of *Mycobacterium kansasii* as zoonosis pathogen by One Health infectious animal model. 8th International Conference of Conservation Medicine “One Health in Asia-Pacific. 2015.
- ②6) Tamaru A, Wada T, Yoshida S, Koriyama T, Nakajima C, Suzuki Y, Tubota T. Genetic feature of *Mycobacterium bovis* isolated from Japanese Sika Deer (*Cervus nippon centralis*) in zoological garden in Osaka. 8th International Conference of Conservation Medicine “One Health in Asia-Pacific. 2015.
- ②7) Yanai T, Rayamajhi N, Kimura J, Wada T. ASCM started collaboration with global networks for wildlife disease surveillance. 8th International Conference of Conservation Medicine “One Health in Asia-Pacific. 2015.

〔その他〕(計1件)

和田崇之. 第8回アジア野生動物医学会大会によせて. *Zoo and Wildlife News* 2015. 41:5-7.

6. 研究組織

(1) 研究分担者

研究分担者氏名：柳井 徳磨

ローマ字氏名：(YANAI, Tokuma)

所属研究機関名：岐阜大学

部局名：応用生物科学部

職名：教授

研究者番号(8桁)：10242744

研究分担者氏名：吉田 志緒美

ローマ字氏名：(YOSHIDA, Shiomi)

所属研究機関名：独立行政法人国立病院機構近畿中央呼吸器センター

部局名：感染症研究部

職名：流動研究員

研究者番号(8桁)：40260806

(2) 研究協力者

研究協力者氏名：鈴木 定彦

ローマ字氏名：(SUZUKI, Yasuhiko)

研究協力者氏名：中島 千絵

ローマ字氏名：(NAKAJIMA, Chie)

研究協力者氏名：斑目 広郎

ローマ字氏名：(MADARAME, Hiroo)

研究協力者氏名：今城 雅之

ローマ字氏名：(IMAJO, Masayuki)

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、研究者個人に帰属されます。