

2026年度 結核レファレンスセンター会議

公益財団法人 結核予防会結核研究所

村瀬 良朗、御手洗 聡

厚生労働省 新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業

「国内の病原体サーベイランスに資する機能的なラボネットワークの強化に関する研究」

結核レファレンス会議のトピック

昨年度の活動報告

- 結核菌VNTR検査の外部精度評価
- 結核菌ゲノム解析の外部精度評価

本年度の活動案

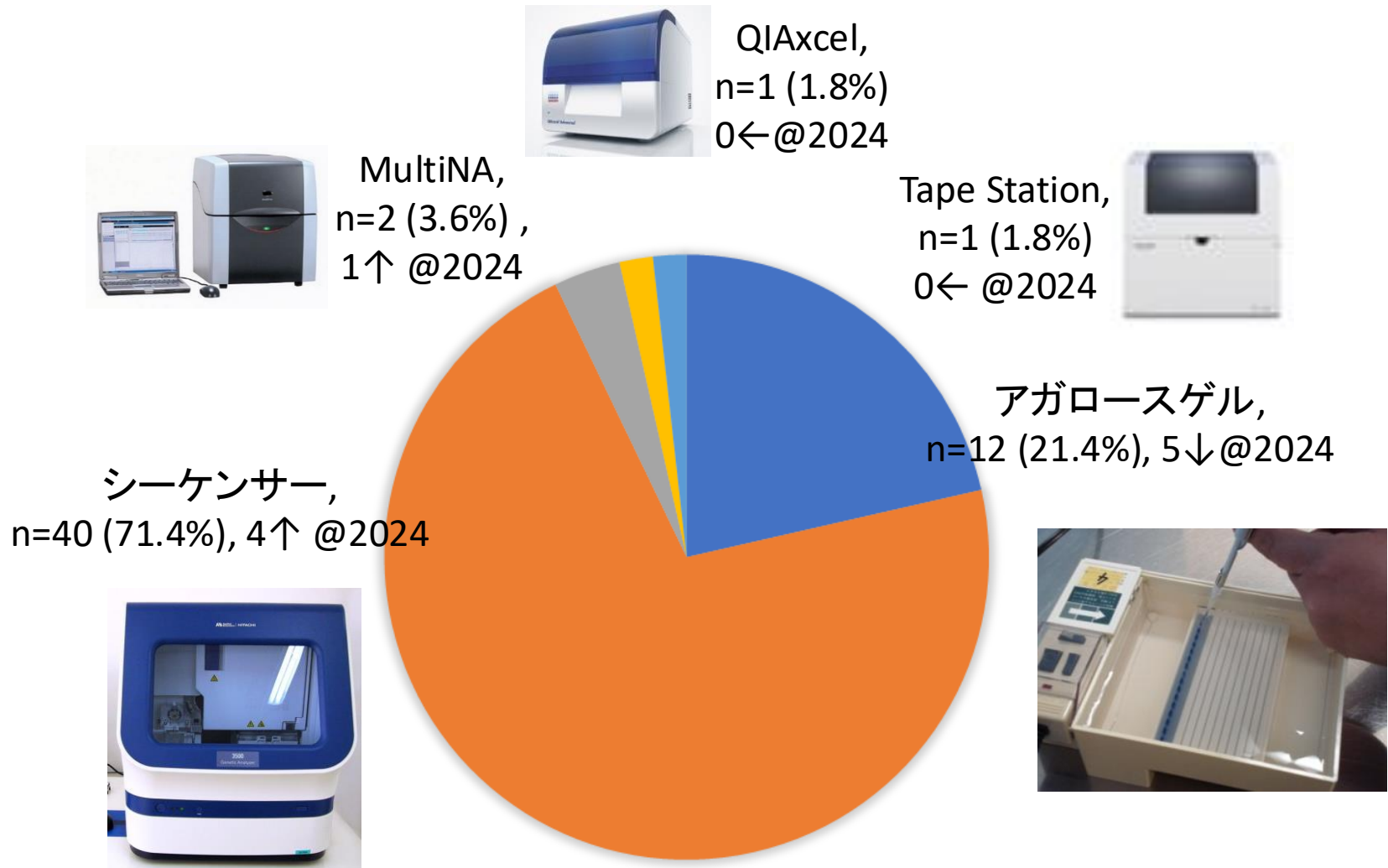
- 研修
- EQA

結核菌ゲノム情報解析システムについて

2025年度VNTR分析外部精度評価の概要

- 2025.10.28に地方衛生研究所へ開催の案内
- 56施設より参加の回答（2024年度 [n=56]）
- 2025.12.2に検体DNAを参加施設へ送付
- 最終報告期限(2026.1.23)までに56施設から報告
- 個別成績、全体成績をまとめた報告書を参加施設へ報告(2026.3.27)

各施設で用いられていたDNA分子量の測定法 (2025年度, 56施設)



2025年度 外部精度評価の結果

結核菌3株をJATA-12 VNTR法で分析した場合の正答施設数

	2014 (54施設)	2015 (53施設)	2016 (55施設)	2017 (57施設)	2018 (59施設)	2019 (59施設)	2020 (56施設)	2021 (60施設)	2022 (58施設)	2023 (56施設)	2024 (56施設)	2025 (56施設)
完全一致 (n, [%])	36 (67%)	49 (92%)	48 (87%)	40 (70%)	55 (93%)	53 (90%)	49 (88%)	54 (90%)	53 (91%)	53 (95%)	53 (95%)	55 (98%)
1 locus 違い (n, [%])	7 (13%)	1 (2%)	5 (9%)	12 (21%)	3 (5%)	2 (3%)	3 (5%)	6 (10%)	2 (3%)	3 (5%)	3 (5%)	1 (1.8%)
2 loci以上 の違い (n, [%])	11 (20%)	3 (6%)	2 (4%)	5 (9%)	1 (2%)	4 (7%)	4 (7%)	0 (0%)	3 (5%)	0 (0%)	0 (0%)	0 (0%)

- 2025年度は98%の施設が完全一致、2%が1 locus違い
- 2025年度はこれまでで最も良好な結果であったが、エラーのある施設が例年あるため、外部精度評価の継続が必要

分子量測定法とローカスセットの正答率(2025)

結核菌3株をJATA-12 VNTR法で分析した場合の正答との一致率

	JATA 12		JATA 15		HV		Supply	
	n	正答率(%)	n	正答率(%)	n	正答率(%)	n	正答率(%)
Agarose	12	100	9	100	8	100	4	100
Sanger	40	99.9	40	100	40	99.7	40	100
MultiNA	2	100	2	100	2	100	2	100
QIAxcel	1	100	1	100	1	100	1	100
TapeStation	1	100	1	100	1	100	1	100

- 最も主要なSangerとAgaroseは、大半のローカスセットで良好な成績。測定難易度がたかいHVについても良好な成績
- MultiNA、QIAxcelの成績は近年改善している。複数の方法を併用していることが精度の向上に大きく寄与

キャピラリー・シーケンサーを用いた フラグメント解析の導入の支援

- SOPの提供 (結核研究所HP、2021.4～)
- GeneMapper設定用ファイルの配布
- 研修の実施
- 24 loci用プライマーセット 小分けキットの提供
(ThermoFisher, 150検体分、77,000円、2022.5～)

その他

- VNTR法、ゲノム解析に関する問い合わせ対応
- コントロール検体DNAの配布

まとめと展望

- 2025年度は56施設に対して外部精度評価を実施(12回目)
- 2025年度の結果では、3株のJATA 12プロファイルが完全一致した正答施設は55施設(98%)
- 一部の施設からエラー報告されているため、継続的な外部精度評価が重要

結核レファレンス会議のトピック

昨年度の活動報告

- 結核菌VNTR検査の外部精度評価
- 結核菌ゲノム解析の外部精度評価

本年度の活動案

- 研修
- EQA

結核菌ゲノム情報解析システムについて

分子疫学サーベイランス体制の国際比較

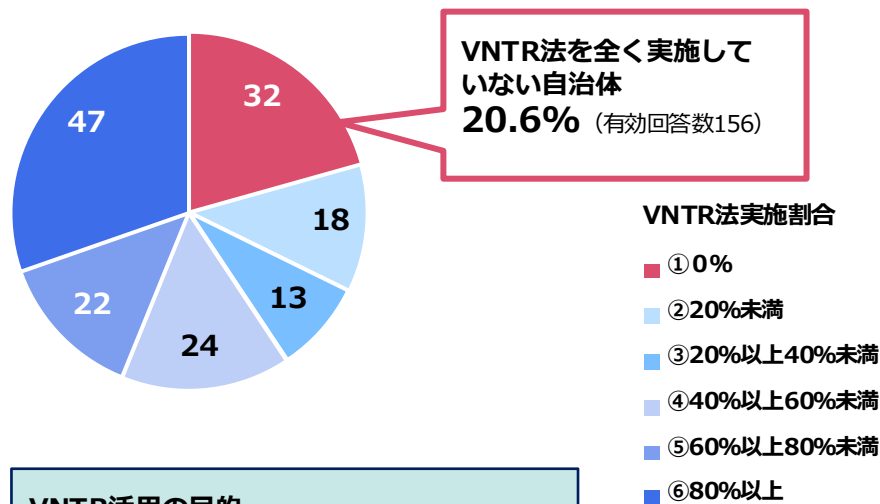
	米国	ドイツ	オランダ	日本
実施主体	国 (CDC/DTBE)	国 (RKI+FZB)	国 (RIVM)	自治体
対象	全数	全数	全数	任意
NRL/中核施設	NTMSC (CDPH MDL+MPHL)	NRZ@FZB Borstel	NRL@RIVM	結核研究所?
タイピングラボ数	2 (+数州)	1	1	84
タイピング法	WGS	WGS	WGS	VNTR (一部WGS)
ゲノム情報解析システム	TB-GIMS	IMS-TB	RIVM NRL DB	→新たに構築
カバレッジ	96%	全数	全数	約10%
TAT (培養後→結果)	約3ヶ月 (全工程)	約48日	最短1週間 (平均は不明)	—

- 欧米諸国と比べ日本のゲノムサーベイランス体制には課題が多い
- 特定感染症予防指針の改訂において今後の在り方が議論されている

病原体サーベイランス（分子疫学的手法）

VNTRは大部分の自治体で実施されている一方、WGSは一部の自治体でしか実施されていない。

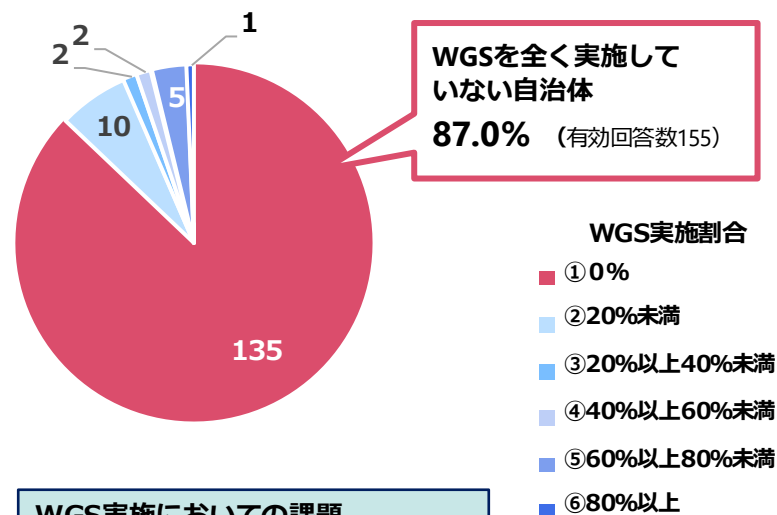
令和6年の年間培養陽性検体のうち、VNTRを実施している検体数の割合



VNTR活用の目的

- ・ 地域における感染経路の発見 (61.3%)
- ・ 集団感染の有無の判別 (61.3%)

令和6年の年間培養陽性検体のうち、WGSを実施している検体数の割合



WGS実施における課題

- ・ 費用面での制約
- ・ 人材不足
- ・ 方針の不明瞭
- ・ **情報処理工程の煩雑さ** など

分子疫学的手法に関する課題についての自治体アンケートまとめ

- ・ 分子疫学的手法のうち、VNTRを実施していない自治体は20.6%であり、WGSを実施していない自治体は87.0%である。
- ・ VNTRの実施については、自治体によって菌株収集の割合は異なり、十分な解析が実施できていない。
- ・ **ゲノム検査の活用については、管轄地域内の情報共有に留まり**、具体的な方針が決まっていない。

地方自治体における結核菌ゲノム検査導入のボトルネックであるゲノム情報解析・データ共有を支援するための基盤構築

コンセプト：「誰でも使える結核菌ゲノム解析」



- 専門知識を有しない行政・地衛研担当者でも直感的操作が可能
- Web上で分子疫学調査に必要とされる包括的なゲノム解析を実施可能
- 2025.10/12から、地方自治体向けにサービス提供開始

→ システム初回利用者やゲノム検査未経験者が解析を正しく実施できるか？
→ → 地方衛生研究所を対象としたゲノム検査EQAを実施

2025年度 結核菌ゲノムEQAの概要

- EQA参加施設の募集 (2025.10.28)
 - 合計 26施設の参加
- EQA用のFastq 8株分を送付 (2026.1.13)
- 結核菌4株を送付 (2026.1.20)
- 報告期限(2025.3.6)までに24施設、3/17までに全ての施設から報告があった
- 個別成績・報告書を参加施設へ報告(2026.5.29)

2つの評価カテゴリーによる結核菌ゲノムEQA

対象：地方衛生研究所

方法：衛生微生物技術協議会結核レファレンスブロック代表を介して電子メールで開催を周知、参加希望施設に結核研究所から検体等を配布、解析結果を電子メール・USBで回答

期間：2026.1 - 3

評価カテゴリー：



分離株ベース評価

Isolate-based

17 施設

- 培養菌株 (4株)の検査を評価
- DNA抽出 → シーケンス → ゲノム解析 → 報告の全工程を評価
- Lineage 4(RIF耐性) + Beijing系統2.2.1の近縁3株(SM耐性)



FASTQベース評価

FASTQ-based

18 施設

- Fastq(8株)の検査を評価
- ゲノム情報解析工程のみを評価
- NTM 1株、結核菌7株(MDR, Lineage1/2/3)
- 高額な試薬コストの問題を回避

TGS-TB-Nx analytical workflow

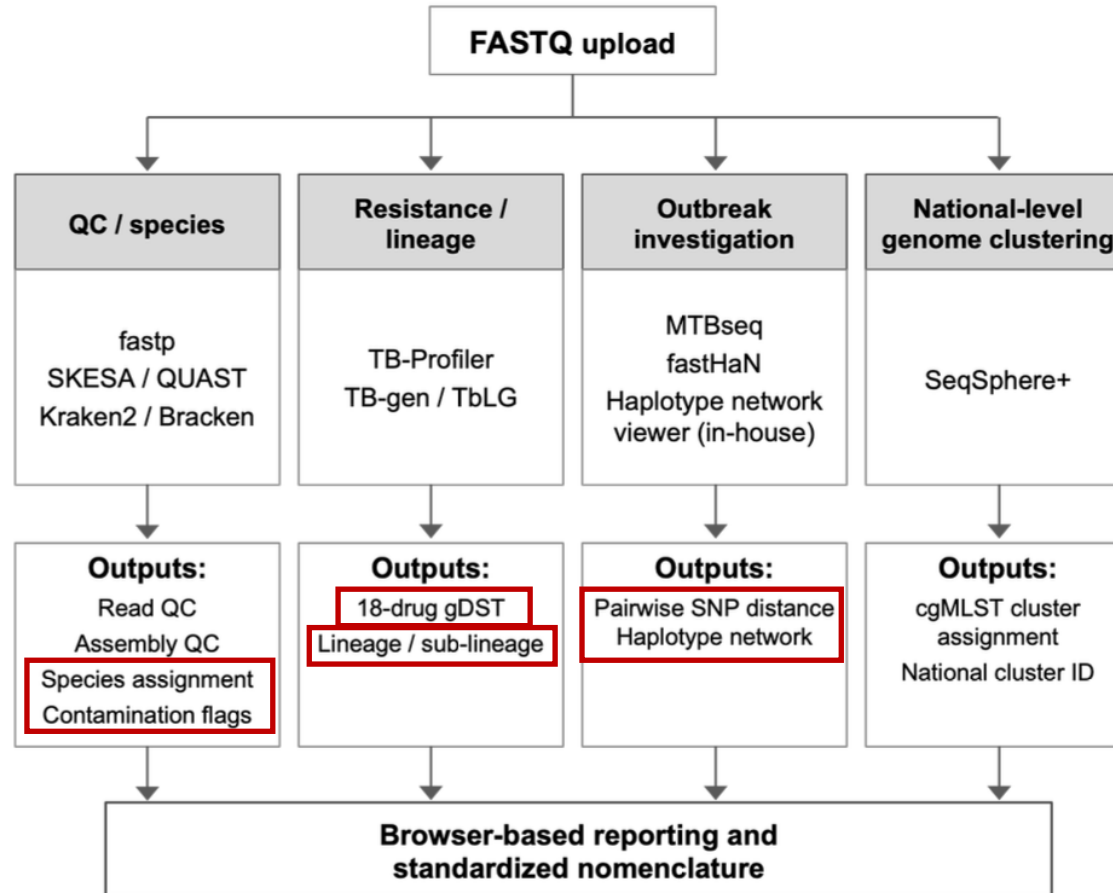


Figure 2. TGS-TB-Nx analytical workflow. The browser-based platform integrates quality control, species identification, drug-resistance prediction, lineage classification, whole-genome SNP analysis and core-genome multilocus sequence typing (cgMLST) within a single reporting environment.

2つのEQAカテゴリで使した菌株の詳細

菌株配布

FASTQ配布

	2025-1	2025-2	2025-3	2025-4	2025-A	2025-B	2025-C	2025-D	2025-E	2025-F	2025-G	2025-H
Species	MTB	MTB	MTB	MTB	MTB	<i>M. avium</i>	MTB	MTB	MTB	MTB	MTB	MTB
Main lineage	lineage4	lineage2	lineage2	lineage2	lineage2	—	lineage1	lineage2	lineage3	lineage2	lineage2	lineage2
Sub-lineage	lineage4.2.2	lineage2.2.1	lineage2.2.1	lineage2.2.1	lineage2.2.1	—	lineage1.2.1.2.1	lineage2.2.1	lineage3	lineage2.2.1	lineage2.2.1	lineage2.2.1
Detailed sub-lineage	L4.2.2	L2.2.M4	L2.2.M4	L2.2.M4	L2.2.A	—	L1.2.2.3	L2.2.M2.2	L3.6	L2.2.M2.2	L2.2.M2.2	L2.2.M2.2
Rifampicin	R	S	S	S	R	—	R	S	R	S	S	S
Isoniazid	S	S	S	S	R	—	R	S	R	S	S	S
Ethambutol	R	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Pyrazinamide	S	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Moxifloxacin	S	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Levofloxacin	S	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Bedaquiline	S	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Delamanid	S	S	S	S	S	—	S	S	S	S	S	S
Pretomanid	S	S	S	S	S	—	S	S	S	S	S	S
Linezolid	S	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Streptomycin	R	R	R	R	S	—	S	S	R	S	S	S
Amikacin	R	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Kanamycin	R	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Capreomycin	R	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Clofazimine	S	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Ethionamide	R	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Para-aminosalicylic acid	R	S	S	S	S	—	S	S	R	S	S	S
Cycloserine	S	S	S	S	S	—	S	S	S	S	S	S

EQA参照分析結果：ハプロタイプネットワーク図

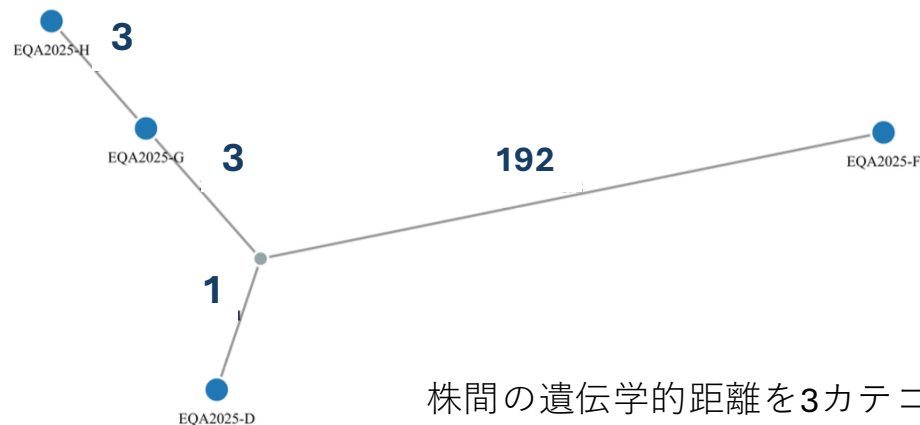
(A) Isolate-based assessment (EQA2025-02 / -03 / -04)

(菌株配布)



(B) FASTQ-based assessment (EQA2025-D / -F / -G / -H)

(Fastq配布)



株間の遺伝学的距離を3カテゴリに分類して回答を評価
・ 0-5 SNPs、 6-12 SNPs、 > 12 SNPs

Supplementary Figure S1. Median-joining networks of pairwise whole-genome SNP distances among same-lineage external quality assessment isolates. Pairwise whole-genome single-nucleotide polymorphism (SNP) distances were derived from the MTBseq-based SNP alignment and reconstructed as median-joining networks with fastHaN. Blue nodes represent external quality assessment isolates; numbers on connecting edges indicate pairwise SNP differences, and the distance between any two isolates is the sum of the edge values along the path connecting them. **(A)** Isolate-based assessment: the three replicate lineage 2.2.1 Beijing-clone isolates (EQA2025-02, -03 and -04; detailed sub-lineage L2.2.M4), with pairwise distances of 3, 7 and 10 SNPs. **(B)** FASTQ-based assessment: a closely related lineage 2.2 cluster (EQA2025-D, -G and -H; detailed sub-lineage L2.2.M2.2; pairwise distances D-G 4, G-H 3 and D-H 7 SNPs) together with one epidemiologically unrelated lineage 2 isolate (EQA2025-F; 193–198 SNPs from the cluster). The small grey node in panel B is an inferred median vector (a hypothetical, unsampled intermediate genotype).

EQA参加施設の背景情報とシーケンス品質指標

Table 1. Participating laboratory characteristics and sequencing quality.

	Isolate-based assessment	FASTQ data-based assessment	Combined
Participating public health laboratories	17	18	26 unique
Sequencer: iSeq / MiSeq	12 / 5	Not applicable	—
First-time TGS-TB-Nx users	13/17 (76%)	14/18 (78%)	19/26 (73%)
No prior microbial WGS experience	5/17 (29%)	5/18 (28%)	8/26 (31%)
DNA concentration, median (IQR), ng/μL	132.8 (59.0–217.3)	Not applicable	—
A260/A280 ratio, median (IQR)	1.92 (1.88–1.93)	Not applicable	—
A260/A230 ratio, median (IQR)	1.84 (1.28–1.99)	Not applicable	—
DNA Integrity Number, median (range)	8.5 (6.5–9.4)	Not applicable	—
Main DNA peak size, median (range), bp	26,914 (10,759–60,000)	Not applicable	—
R1+R2 total bases, median per sample	319.7 Mb	Not applicable	—
Q30 bases, median (IQR)	90.2% (86.8–93.0)	Not applicable	—
TB-Profiler coverage, median (IQR)	60× (51–73×)	Not applicable	—
H37Rv mapping rate, median (IQR)	98.4% (96.6–99.0)	Not applicable	—

結果：技術的不一致ゼロ — 全指標でほぼ完全一致

評価項目	分離株ベース	FASTQベース
菌種同定 (<i>M. tuberculosis</i>)	100% (68/68)	100% (126/126)
<i>M. avium</i> 除外	—	100% (18/18)
Major lineage	100% (68/68)	100% (126/126)
Sub-lineage (Tbprofiler、有効回答)	100% (68/68)	100% (117/117)
Sub-lineage 詳細 (Tbgen、有効回答)	95.6% (65/68)	100% (126/126)
18薬剤 gDST (有効回答)	100% (1,221/1,221)	100% (2,268/2,268)
ペアワイズSNP距離カテゴリ (5以内, 6-12, 13以上)	100% (51/51)	100% (108/108)
技術的不一致・検体取り違い	0	0

ゲノムEQAのまとめ

- TGS-TB-NxおよびWGS検査経験を有しない検査担当者においても再現性の高いゲノム検査結果が得られた (WET&DRY)
- 分散型地衛研ネットワークにおいても、クラウド解析環境により再現性ある解析が可能であることを示した
- EU/EEAのMTB-WGS EQAに続く、分散型の国家モデルを提示
- 正答率の観点ではVNTRよりもゲノムが優れており、VNTRからゲノムへの移行を支持

本プレゼンテーションのトピック

昨年度の活動報告

- 結核菌VNTR検査の外部精度評価
- 結核菌ゲノム解析の外部精度評価

本年度の活動案

- 研修
- EQA

結核菌ゲノム情報解析システム

2026年度の活動案(1)

VNTRとゲノム解析に関する研修を実施予定

2026年度 結核菌ゲノム解析研修 案内

研修の対象者

地方衛生研究所等において結核菌ゲノム解析研修を希望する者

受講定員

8名

実施日程

2026年9月9日(水) 9:00~17:30 ※受付 8:30~

10日(木) 9:00~17:30

11日(金) 9:00~16:00 予定

※時間については変更の可能性あり

研修内容

(1) 講義

- ・NGS用ライブラリーの調製
- ・イルミナシーケンサーの概要
- ・結核菌比較ゲノム解析

(2) 実習

- ・結核菌からのゲノムDNAの精製と定量
- ・NGS用ライブラリーの調製
- ・イルミナシーケンサーによる結核菌ゲノム解読
- ・ゲノムデータの解析

研修費用

55,000円(税込)

宿泊

前日より結核研究所隣接の研修宿舎の利用が可能です。

研修宿舎利用料は1,500円/泊(税込)です。

研修宿舎を希望されない場合は、各自にて周辺宿泊施設を手配下さい

申込み期間

2026年4月16日(木) ~ 4月30日(木)

※応募者多数の場合は、基本的には1施設/1ブロックとし、申込内容等を考慮して選考し、受講の可否を5月8日(金)頃ご連絡致します。結核菌ゲノム解析の導入予定がある施設、受講票がない施設が優先的に選考されます。

お問い合わせ

(公財)結核予防会結核研究所 抗酸菌部研修担当

TEL:042-493-5711、FAX:042-492-4600

E-mail: mrc_training@jata.or.jp

2026年度 抗酸菌検査個別研修 案内

研修の対象者

地方衛生研究所等において抗酸菌検査の研修を希望する者

受講定員

6名

実施日程

2026年6月16日(火) 9:00~17:00 ※受付 8:30~

17日(水) 9:00~15:30 予定

研修内容

- ・安全キャビネットの使い方、結核菌の取り扱い、保管、DNA抽出
- ・結核菌の同定検査
- ・結核菌 VNTR 検査 (PCR 反応、キャピラリーシーケンサーと GeneMapper を用いたコピー数の同定) 等

研修費用

33,000円(税込)

宿泊

前日より結核研究所隣接の研修宿舎の利用が可能です。

研修宿舎利用料は1,500円/泊(税込)です。

研修宿舎を希望されない場合は、各自にて周辺宿泊施設を手配下さい

申込み期間

2026年4月16日(木) ~ 4月30日(木)

※応募者多数の場合は、基本的には1施設/1ブロックとし、申込内容等を考慮して選考し、受講の可否を5月8日(金)頃ご連絡致します。外部精度管理(EQA)成績が芳しくない施設や、新たにキャピラリーシーケンサー法の導入予定がある施設、受講票のない施設が優先的に選考されます。

お問い合わせ

(公財)結核予防会結核研究所 抗酸菌部研修担当

TEL:042-493-5711、FAX:042-492-4600

E-mail: mrc_training@jata.or.jp

- 2025/4/8にブロック代表の先生を通じて周知、4/30に締切
- 結核菌ゲノム研修は、6 → 8名に定員増加
- 1ブロック、1施設

2026年度の活動案(2)

次年度の研修について

- VNTR、ゲノム 各1回 or ゲノム 2回

本年度のEQAの開催について

- VNTRとゲノムの双方を開催するか?
- 方法 (昨年度と同様 or 変更)
 - VNTR: 結核菌3株のDNA配布
 - ゲノム: 4菌株配布 / fastq配布カテゴリ #NTM混在、ヘテロ耐性例等を追加?

結核レファレンス会議のトピック

昨年度の活動報告

- 結核菌VNTR検査の外部精度評価
- 結核菌ゲノム解析の外部精度評価

本年度の活動案

- 研修
- EQA

結核菌ゲノム情報解析システムについて

TGS-TB-Nx

- TGS-TB(感染研)の後継プログラムとして開発
- 全国の自治体に標準化されたゲノム解析環境を提供
- WEBブラウザによる簡便な操作
- Fastqファイルをインターネットから送信すれば、以下の解析結果が得られる。
 - 1) 菌種名(*M. tuberculosis*, *M. avium*, *M. abscessus*等)
 - 2) 16薬剤(BPaLM含む)に対する薬剤感受性予測
 - 3) 結核菌遺伝系統名 (Lineage 2.2.1等)
 - 4) DB内におけるゲノムクラスター番号
 - 5) ゲノムクラスターにおける株間の遺伝学的関連性(感染伝播ネットワーク図)

TGS-TB-Nxの利用法について



公益財団法人 結核予防会
結核研究所

各種お問い合わせ 採用情報 ご寄附による活動 アクセス

🔍 サイト内検索

ENGLISH

研究所について 研究・業務 研修 日本の統計 📊 資料・勧告集 結核について

概要	✓
部員紹介	✓
抗酸菌分与	✓
抗酸菌関連受託検査	✓
抗酸菌検査個別研修	✓
顕微鏡写真提供のご案内	✓
結核菌ゲノム情報解析システム	✓

結核菌ゲノム情報解析システム

結核菌ゲノム情報解析システム「TGS-TB-Nx」の利用案内

結核研究所抗酸菌部では、自治体・保健所・地方衛生研究所等における分子疫学調査を支援するため、結核菌ゲノム情報解析システム「TGS-TB-Nx」を整備しました。

結核菌ゲノムデータと必要最小限のメタ情報を登録すると、薬剤耐性予測、系統解析、株間の遺伝学的関連性解析等を自動で取得できます。

全国的な病原体サーベイランス体制の構築に向け、試行的運用を開始しています。下記資料をご参照のうえ、ご活用ください。



TGS-TB-Nx利用案内_県庁等



TGS-TB-Nx利用案内_保健所



TGS-TB-Nx利用案内_地方衛生研究所

- ・ 利用登録：結核研究所抗酸菌部HPの案内に従ってユーザー登録
- ・ 対象：地方衛生研究所、保健所、県庁等の担当課
- ・ システム使用費用：無償（AMED研究の一環として運用）
- ・ 登録情報：検体ID、登録年月、地衛研名、保健所名、シーケンス条件等

TGS-TB-Nx 操作画面

ー ゲノム情報・検体情報の登録 ー

結核菌ゲノム解析システム

CPU Percent: 53.6% () User: 結核研究所 [logout](#)

[Home](#)
[FASTQファイルアップロード](#)
[FASTQ・メタデータ一覧](#)
[個別解析結果一覧](#)
[cgMLSTクラスター集計](#)
[比較解析結果一覧](#)
[サーベイランス集計](#)
[ユーザーマニュアル \(PDF\)](#)
[ユーザー・グループ管理](#)

検体のメタデータをエクセルやスプレッドシートからコピーして以下の表にペーストしてください。→ [テンプレート](#)

患者登録日は年と月を選択してください。日は自動的に1日になります。
症状開始日、診断日はYYYY-MM-DD形式で入力してください。
例: 2023-01-31 (2023年1月31日)

検体ID	患者登録年	患者登録月	管轄都道府県	管轄地方衛生研究所	管轄保健所	シーケンサー	ライブラリ調製キット
1 ERR1664619	2025	▼ 01	▼ 宮城県	▼ 仙台市衛生研究所	▼ 仙台市保健所	▼ MiSeq	▼ QIAseq FX
2 ERR1664649	2025	▼ 01	▼ 宮城県	▼ 仙台市衛生研究所	▼ 仙台市保健所	▼ MiSeq	▼ QIAseq FX

+ Add 1 rows

登録時年齢(年代)より右側は空のままでも登録が可能です。
集計対象外の時は、検体IDのみ入力が必要です。

☒ 自治体内・自治体間サーベイランスの対象外とする (例: 研修・精度保証を目的とした解析)

クリックするか、ファイルをドラッグ&ドロップしてください

アップロードファイル:

./ERR1664619_1.fastq.gz 削除

./ERR1664619_2.fastq.gz 削除

./ERR1664649_1.fastq.gz 削除

./ERR1664649_2.fastq.gz 削除

アップロード

2. エクセルから検体情報をコピー&ペースト

1. Fastqファイルをドラッグ&ドロップ

3. アップロードボタンをクリック

アップロード後、結核研究所のサーバーにて自動解析し、結果が閲覧可能になる

TGS-TB-Nx 操作画面

— 登録済み解析結果のリスト表示 —

個別解析結果一覧

行フィルタ

検体IDを選択

比較解析タイプを選択

実行

一括再実行 (0件)

検索

クリア

検体IDを改行・カンマ区切りで入力

検体IDで選択

列表示切り替え

ダウンロード

基本データ列のみ

全解析データ列

メタデータ含む

データダウンロード(CSV)

Index Columns >				Basic Quality Control				TBProfiler Summary >					
☐	#	Sample Report	Submit Time	一時解析	Rerun	Genome Size	Main Species	GC (%)	Depth	% Mapped	cgMLST Cluster	Sub-Lineage	Drug-resistance
☐	1	JPN-THK2016-AP001	2025/11/28 14:04:33	☐		4,370,514	Mycobacterium tuberculosis	65.57	148	98.88	cluster_238	lineage4.2.2	Sensitive
☐	2	JPN-THK2016-AP003	2025/11/28 14:04:24	☐		4,372,673	Mycobacterium tuberculosis	65.58	177	98.96	cluster_4	lineage4.2.2	Sensitive
☐	3	JPN-THK2019-YG329	2025/10/18 09:37:52	☐		4,348,486	Mycobacterium tuberculosis	65.6	104	98.67	singleton	lineage2.2.1	Sensitive
☐	4	JPN-THK2019-YG328	2025/10/18 09:37:36	☐		4,346,815	Mycobacterium tuberculosis	65.6	102	98.82	singleton	lineage4.3.3	HR-TB
☐	5	JPN-THK2019-YG327	2025/10/18 09:37:21	☐		4,348,869	Mycobacterium tuberculosis	65.58	86	97.82	singleton	lineage2.2.1	Sensitive
☐	6	JPN-THK2019-YG326	2025/10/18 09:37:08	☐				65.6					
☐	7	JPN-THK2019-YG325	2025/10/18 09:36:50	☐				65.6					
☐	8	JPN-THK2019-YG324	2025/10/18 09:36:30	☐				65.59					
☐	9	JPN-THK2019-YG323	2025/10/18 09:36:07	☐				65.59					
☐	10	JPN-THK2019-YG322	2025/10/18 09:35:48	☐		4,379,166	Mycobacterium tuberculosis	65.58	86	98.42	singleton	lineage4.2.2	Sensitive
☐	11	JPN-THK2019-YG321	2025/10/18 09:35:35	☐		4,349,178	Mycobacterium tuberculosis	65.59	126	99.1	cluster_68/84	lineage2.2.1	Sensitive
☐	12	JPN-THK2019-YG320	2025/10/18 09:35:15	☐		4,344,026	Mycobacterium tuberculosis	65.6	118	98.74	cluster_230	lineage2.2.1.1	Sensitive
☐	13	JPN-THK2019-YG319	2025/10/18 09:34:55	☐		4,345,563	Mycobacterium tuberculosis	65.6	146	99.14	singleton	lineage2.2.1	Sensitive
☐	14	JPN-THK2019-YG318	2025/10/18 09:34:18	☐		4,383,203	Mycobacterium tuberculosis	65.58	132	98.65	singleton	lineage4.2.2	Sensitive
☐	15	JPN-THK2019-YG316	2025/10/18 09:33:46	☐		4,346,394	Mycobacterium tuberculosis	65.6	140	98.86	singleton	lineage2.2.1	Sensitive
☐	16	JPN-THK2019-YG313	2025/10/18 09:33:09	☐		4,341,844	Mycobacterium tuberculosis						Sensitive
☐	17	JPN-THK2019-YG312	2025/10/18 09:32:33	☐		4,343,948	Mycobacterium tuberculosis						Sensitive
☐	18	JPN-THK2019-YG311	2025/10/18 09:32:13	☐		4,326,135	Mycobacterium tuberculosis						Sensitive
☐	19	JPN-THK2019-YG309	2025/10/18 09:31:47	☐		4,358,217	Mycobacterium tuberculosis						Sensitive
☐	20	JPN-THK2019-YG308	2025/10/18 09:31:12	☐		4,326,252	Mycobacterium tuberculosis	65.6	139	99.03	singleton	lineage2.2.1	Sensitive
☐	21	JPN-THK2019-YG307	2025/10/18 09:30:37	☐		4,382,931	Mycobacterium tuberculosis	65.58	131	98.36	singleton	lineage4.2.2	Sensitive
☐	22	JPN-THK2019-YG306	2025/10/18 09:30:06	☐		4,332,586	Mycobacterium tuberculosis	65.6	119	99.07	cluster_307	lineage2.2.1	Sensitive
☐	23	JPN-THK2019-YG304	2025/10/18 09:29:33	☐		4,344,022	Mycobacterium tuberculosis	65.59	119	98.84	singleton	lineage2.2.1	Sensitive

菌種名
M.tb・
NTMの場合は菌種名

ゲノムクラス
ター番号
cgMLST

薬剤耐性
Sensitive / MDR /
XDR 等

ゲノム検査
品質値

遺伝系統
Lineage2.2.2など

菌種名
M.tb・
NTMの場合は菌種名

ゲノムクラス
ター番号
cgMLST

薬剤耐性
Sensitive / MDR /
XDR 等

ゲノム検査
品質値

遺伝系統
Lineage2.2.2など

TGS-TB-Nx 操作画面

ー ゲノムクラスター内の仮想伝播ネットワーク図 ー



- 株間のSNPs距離とゲノム進化の方向性を推定できる
- 感染経路の推定や接触者健診の優先順位付け等への活用が期待される

今年度の予定 (1)

cgMLSTクラスターの地理的分布情報の提供

結核菌ゲノム解析システム

CPU Percent: 8.1% Job waiting: 0 (2026-06-29 14:27:54) User: 結核研究所 管理者 logout

Home
FASTQファイルアップロード
FASTQ・メタデータ一覧
個別解析結果一覧
比較解析結果一覧
cgMLSTクラスター集計
サーベイランス集計
Q&A
新着情報
ユーザーマニュアル
代理アップロード
ユーザー・グループ管理

cgMLSTクラスター集計

μ クラスター (2株以上) ↳ Singleton (1株) 地区ブロック別集計(全DB比較)

自動出現クラスターのみ 全期間

Cluster ID	Main Lineage	Drug Resistance	自衛隊	全DB	北海道・東北・新潟	関東・甲信・静	東海・北陸	近畿	中国・四国
cluster_15	lineage2_La1	Sensitive, Other	6	16	10				
cluster_42	lineage2	Sensitive	3	10	7				
cluster_9/96	lineage2	Sensitive	9	9					
cluster_247	lineage2, lineage4	Sensitive, Other, Phe-XDR-TB	1	8	5	2			
cluster_10	lineage2	Sensitive	8	8					
cluster_5	lineage4	Sensitive	8	8	1				7
cluster_2	lineage2	Sensitive	5	5					5
cluster_288	lineage4	RR-TB	1	5	5				
cluster_45	lineage2	Sensitive	4	4					4
cluster_20	lineage4	Sensitive	4	4					4
cluster_19	lineage2	Other	4	4					4
cluster_300	lineage2	Other	3	3	3				
cluster_115/88/16	lineage2	Other	3	3					3
cluster_58	lineage4	Sensitive	3	3					3
cluster_35	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_14	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_43	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_13	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_302	lineage2	RR-TB	3	3	3				
cluster_299	lineage2	Sensitive	3	3	3				
cluster_39	lineage2	Other	3	3					3
cluster_34	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_41	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_4	lineage4, lineage1	Sensitive	2	3	1				2
cluster_7	lineage2	Sensitive	3	3					3
cluster_307	lineage2	Sensitive	2	2	1				1
cluster_12	lineage2	Sensitive	2	2					2
cluster_56	lineage2	Sensitive	2	2					2
cluster_270	lineage2	Phe-XDR-TB, Sensitive	1	2	2				
cluster_23	lineage2	Sensitive	2	2					2
cluster_52	lineage2	Sensitive	2	2					2

- ・本来であればcgMLSTクラスター情報は関係自治体に還元されるべき
- ・クラスター情報の共有には自治体間の温度差がある
- ・当面の対応として、地域ブロック粒度での分布状況を提供予定
- ・副次効果として、ゲノム登録のモチベーションの向上を期待

今年度の予定 (2)

教育訓練用データの提供

結核菌ゲノム解析システム

CPU Percent: 0.1% Job waiting: 0 (2026-03-21 14:10:08) User: 結核研究所 logout

Home

- FASTQファイルアップロード
- FASTQ・メタデータ一覧
- 個別解析結果一覧
- cgMLSTクラスター集計
- 比較解析結果一覧
- サーベイランス集計
- Q&A
- 新着情報
- ユーザーマニュアル (PDF)
- 代理アップロード
- ユーザー・グループ管理

FASTQファイルアップロード

FASTQファイルをアップロードすると、個別株に対するゲノム解析が開始できます。

FASTQ・メタデータ一覧

アップロードしたFASTQファイルのメタデータを閲覧、編集できます。

個別解析結果一覧

個別株に対するゲノム解析のレポートを表示します。結果はPDF形式でダウンロードが可能です。

比較解析結果一覧

選択した複数の株に対する比較解析 (cgMLST, wgSNP) の結果が取得できます。

サーベイランス集計

各地の保健所、地方衛生研究所で閲覧できる株に対する週次での統計情報が閲覧できます。

デモデータで学ぶ

実際の解析結果を使って、ゲノム解析レポートの読み方を学びましょう。

DEMO-01

中級

薬剤耐性株 (Pre-XDR-TB)

Pre-XDR-TB と判定された株です。薬剤耐性変異の読み方を学べます。

Pre-XDR-TB 耐性: RIF lineage2.2.1

DEMO-02

初級

薬剤耐性株 (HR-TB)

HR-TB と判定された株です。薬剤耐性変異の読み方を学べます。

HR-TB lineage2.2.2

DEMO-03

初級

薬剤耐性株 (HR-TB)

HR-TB と判定された株です。薬剤耐性変異の読み方を学べます。

HR-TB lineage2.2.2

DEMO-04

初級

非結核性抗酸菌 (intracellular)

Mycobacterium intracellulare が検出された検体です。マッピング率 (27.86%) の低さから結核菌でないかと判断する方法を学べます。

菌種: Mycobacterium intracellulare
マッピング率: 27.9% HR-TB

- ・ 8割以上の地衛研は結核菌WGS経験がなく、データ解析工程の訓練が困難
- ・ システム内において、多剤耐性株や近縁株のfastqを提供
- ・ QC、菌種同定、薬剤感受性予測、ネットワーク図描画等の操作・解釈等に活用
- ・ 地衛研だけでなく、保健師の利用も想定

→ 地域におけるゲノム分子疫学の普及へ向けた一助

システムの利用状況の概要 (2026/6/30)

登録ユーザー数

66

県庁等行政 8 / 地衛研 39
/ 保健所 19

登録菌株数

1,842 株

cgMLST クラスター総数

289

比較ゲノム解析件数

93 件

集団感染疑い事例等

2025-2026の論文報告

Kekkaku Vol. 100, No. 6 : 175-180, 2025

175

全国地方衛生研究所へのアンケート調査からみた 結核菌ゲノムサーベイランスの現状と課題

村瀬 良朗 御手洗 聡

- 2025年1月に実施したアンケート調査



Microbiology
Spectrum



8 | Clinical Microbiology | Research Article

A universal, high-quality, and high-yield DNA purification method for mycobacteria, including *Mycobacterium tuberculosis*: large-scale assessment of the chloroform-bead method

Yoshiro Murase,¹ Makiko Hosoya,¹ Yuta Morishige,¹ Yoshiko Shimomura,¹ Miori Nagai,¹ Aki Tamaru,² Akiko Takaki,¹ Satoshi Mitarai,^{1,3} on behalf of Japan Tuberculosis Genotyping Group (2023)

- 2204年のゲノムEQA
- 参加施設における結核菌ゲノムDNA精製の成績

Web-based standardisation of tuberculosis genome analysis in Japan: a nationwide external quality assessment

Journal:	<i>The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease</i>
Manuscript ID	Draft
Manuscript Type:	Original Article
Date Submitted by the Author:	n/a

- 2026.7.1にIJTLD誌へ投稿 (review中)
- 2205年のゲノムEQA
- 参加施設におけるゲノム情報解析成績

結核レファレンス委員会

委員

- 北海道東北新潟：山形県衛生研究所・瀬戸順次
- 関東甲信静：神奈川県衛生研究所・中嶋直樹
- 東海北陸：富山県衛生研究所・齋藤和輝
- 近畿：大阪市立環境科学研究所・山本香織
- 中国四国：岡山県環境保健センター・河合央博
- 九州：大分県衛生環境研究センター・三宮佳那子

世話人

- 結核予防会結核研究所抗酸菌部 村瀬良朗，御手洗聡

TGS-TB-Nx

謝辞

事前評価会参加施設:

青森県衛生研究所
群馬県衛生環境研究所
東京都健康安全研究センター
川崎市健康安全研究所
名古屋市衛生研究所
京都府保健環境研究所
大阪健康安全基盤研究所
神戸市健康科学研究所
沖縄県衛生環境研究所

βテスト参加施設:

神戸市健康科学研究所
横浜市衛生研究所
川崎市健康安全研究所
沖縄県衛生環境研究所
埼玉県衛生研究所
沖縄県衛生環境研究所
群馬県衛生環境研究所
青森県衛生研究所
京都府保健環境研究所
大阪健康安全基盤研究所
山形県衛生研究所