

## 課題番号5

# 次世代シーケンサー(NGS)を用いた結核菌ゲノム解析の検討

微生物部

○新田真依子 引地恵一 成田翼  
水流奈己 宮原加奈  
三浦美穂 吉野修司

1

## 結核

原因 : 結核菌  
*Mycobacterium tuberculosis*

感染経路: 主に経気道

流行 : 日本は低まん延国水準達成(2021年)

新登録結核患者数は**1万人以上**  
(2021年: 11,519人)

2

## 世界における結核の流行

世界的には総人口の約4分の1が感染

Estimated TB incidence rates, 2021



出典: WHO GLOBAL TUBERCULOSIS REPORT 2022

3

## 結核分子疫学調査の意義

結核菌を遺伝子レベルで解析して調査

- ・隠れていたクラスタの発見
- ・意外な感染経路の探知



低まん延時代にはより重要

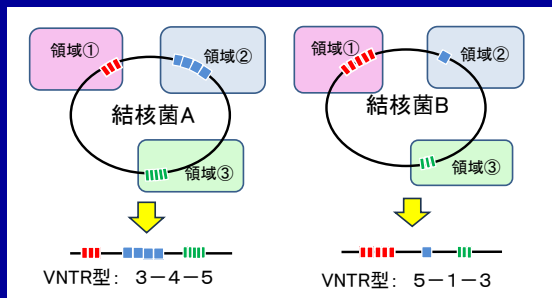
感染症法に基づく結核の接触者健康診断の手引き

4

## VNTR解析

【VNTR】(Variable Numbers of Tandem Repeats)

結核菌が持つ反復配列領域を株間で比較



5

## 次世代シーケンサー(NGS)を用いた解析

- ・結核菌の約440万塩基対あるDNAを全て解読(全ゲノム)
- ・全DNA配列を株ごとに比較し、近縁株などを判定

6

## VNTR解析とNGS解析

	VNTR	NGS
解析領域	一部	全領域
材料	少量のDNAで可	培養した菌株が必要
長所	結果の表記が簡潔 費用対効果が高い	高いクラスター分解能 近縁株や伝播経路の 推定が可能
短所	偶発的な変異に弱い 分解能は領域数に依存 判定困難なケースあり	培養に時間がかかる

7

## 目的

- 当所におけるNGSを用いた結核菌全ゲノム検査体制の構築
- 全ゲノム解析を用いて近縁株や感染経路を推定し、詳細な分子疫学調査につなげる

8

## 方法

- ・「*Mycobacterium tuberculosis*のゲノム解読に関する標準作業手順書(ver.1.2)」を基に当所に適したプロトコルを作成
- ・iSeq100(Illumina社)を用いてシーケンスを行う
- ・ゲノム解析サイトは、GenEpid-Jを使用予定

9

## 計画

- 令和5年度：NGS解析プロトコルの作成
- 令和6年度：VNTR法結果との比較
- 令和7年度：データの解釈(近縁株定義)及び効果的なデータ利用についての検討

10

## 調査研究の効果等

- ・VNTR法との組み合わせによる精度の高い検査結果の還元
- ・感染経路・リスク集団の推定による感染実態の解明、及び効果的な感染予防対策

11