

宮崎県内での結核菌の遺伝子型と分布状況について

宮崎県衛生環境研究所
○川原 康彦、藤崎 淳一郎

【目的】

宮崎県で 2012 年度に宮崎県結核菌検査実施要領が施行されて以降、当研究所では菌株間の遺伝子レベルでの型別調査を行ってきた。結核菌の遺伝子型は国内では JATA(12)-VNTR 法が提唱され普及している。当研究所へ搬入された結核菌の解析結果をまとめたので報告する。

【方法】

2012 年 12 月から 2020 年 3 月までに当研究所に搬入された結核菌 461 株のうち同一人物の 2 回目以降を除いた 453 株を解析の対象とした。結核菌ハンドブックに基づき JATA(12)-VNTR 解析を行った。得られた反復数から最大事後確率 (MAP) 推定法で北京型 (祖先型及び新興型) と非北京型の系統推定を行った。また、12 領域が完全に一致したものをクラスターとし定義し、疫学情報より関連性の有無の推定を行った。併せて 1 領域違いの集団についても疫学的な関連性を調査した。

【結果】

系統推定では 453 株を対象として解析すると祖先型、新興型及び非北京型の順に 56.3%、17.2%、26.5%となった。県内では 53 のクラスターが形成され、189 株(41.7%)が含まれていた。関連性が推定できたクラスターは 12 であり、クラスター内の一部で関連性が推定できたのは 5 であった。関連性不明の 36 クラスターのうち、2 クラスターについては同一地域在住や長期入院等の特徴がみられ、関連性が示唆された。1 領域違いの集団では 2 件で関連性がみられ、1 件目は親子関係、2 件目は入院中の患者が発症し、その際に看護師が感染したと推測された。

【結論】

宮崎県では全国と同様に祖先型が多い傾向がみられた。新興型はアジア地域に多く感染力が強いといわれているが県内では全国と同様であった。アジアからの旅行者や研修生等が増加しているため、今後も継続して調査し監視していく。クラスター形成株の関連性を調査したところ、JATA12 領域は集団感染時の菌株の異同判定には有用であり、科学的根拠になることが確認できた。また、JATA12 領域はヒトからヒトへ感染する際に偶発的に変異する可能性があるとしてされているが、本県においても同様に確認された。1 領域違いの集団についても疫学情報を注意深く観察する必要がある。今後は未知の経路確認のためにも疫学的情報を再度見直し、保健所へ有益な情報を提供できるようにしていきたい。