

# 結核菌の遺伝子型と 県内分布状況について

微生物部

○川原康彦

内山浩子

保田和里

吉野修司

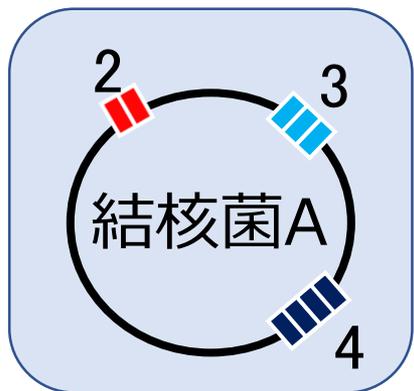
福留智子

杉本貴之

# VNTR検査とは

【VNTR】 (Variable Numbers of Tandem Repeats)

結核菌ゲノム上に存在する、50-100bpを単位として繰り返される反復配列の数を、菌株間で比較する遺伝子型別法



型別： 2-3-4

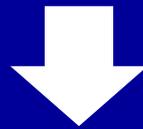


型別： 3-1-2

# 結核菌分子疫学調査

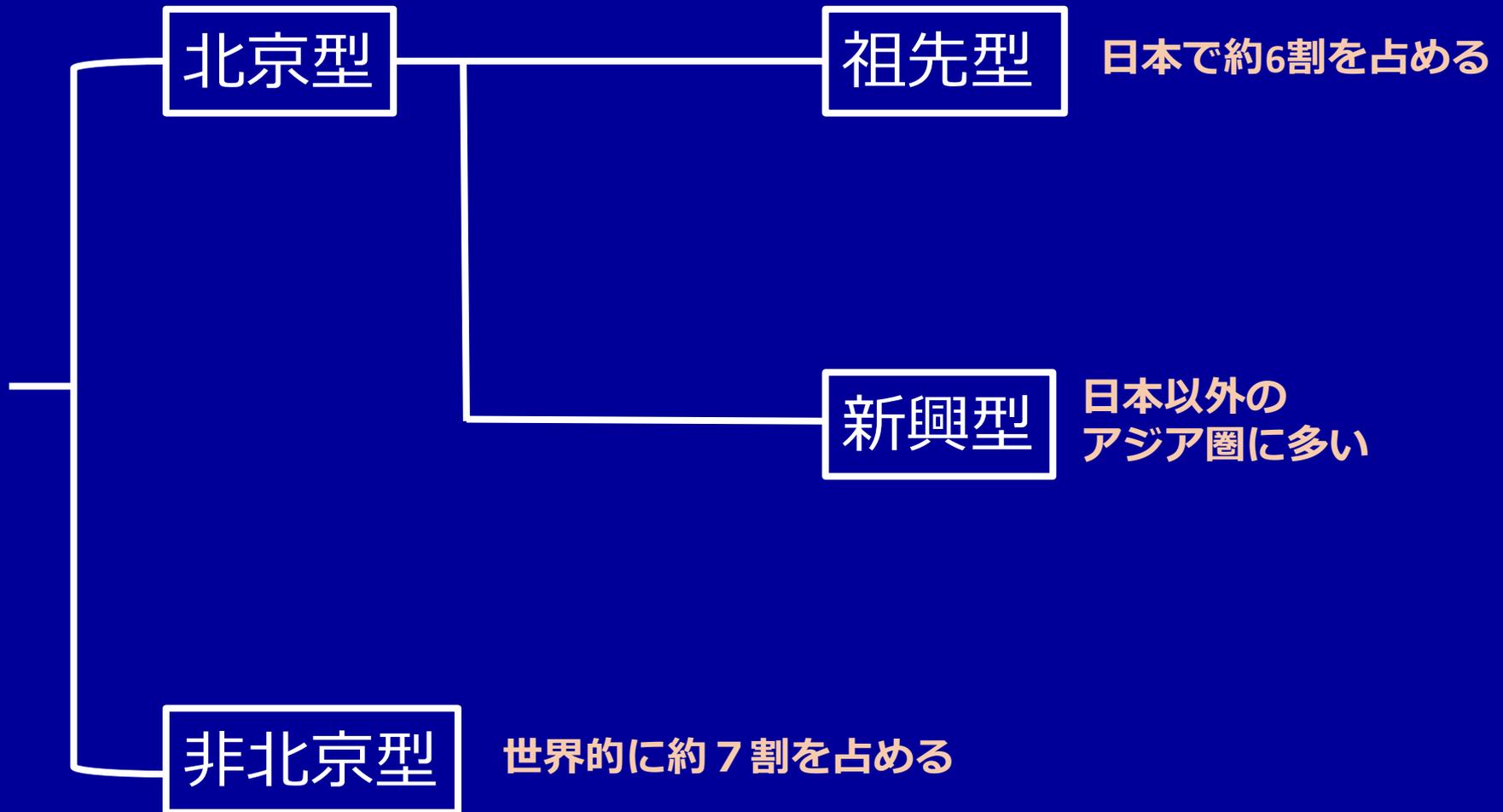
【遺伝子型が一致した場合】

- ① 最近の患者間の感染
- ② 過去に同一流行株に感染した者が同時発病
- ③ VNTR解析の分解能の限界が原因で、本来異なる菌株が同一パターンを示すと判定される場合



疫学情報と合わせた検討が必要

# 結核菌の系統群分類



# JATA(12)-VNTR検査とは

国際標準法

Supply's 24(15)-MIRU-VNTR  
(24または15領域)



祖先型の分解能不足を改良

国内標準法

JATA(12)-VNTR (12領域)

追加領域

JATA(15)-VNTR (JATA(12) + 3領域)

超多変(HV)-VNTR (3領域)

# 対象

【期間】 2012年12月～2019年3月

【菌株数】 423件

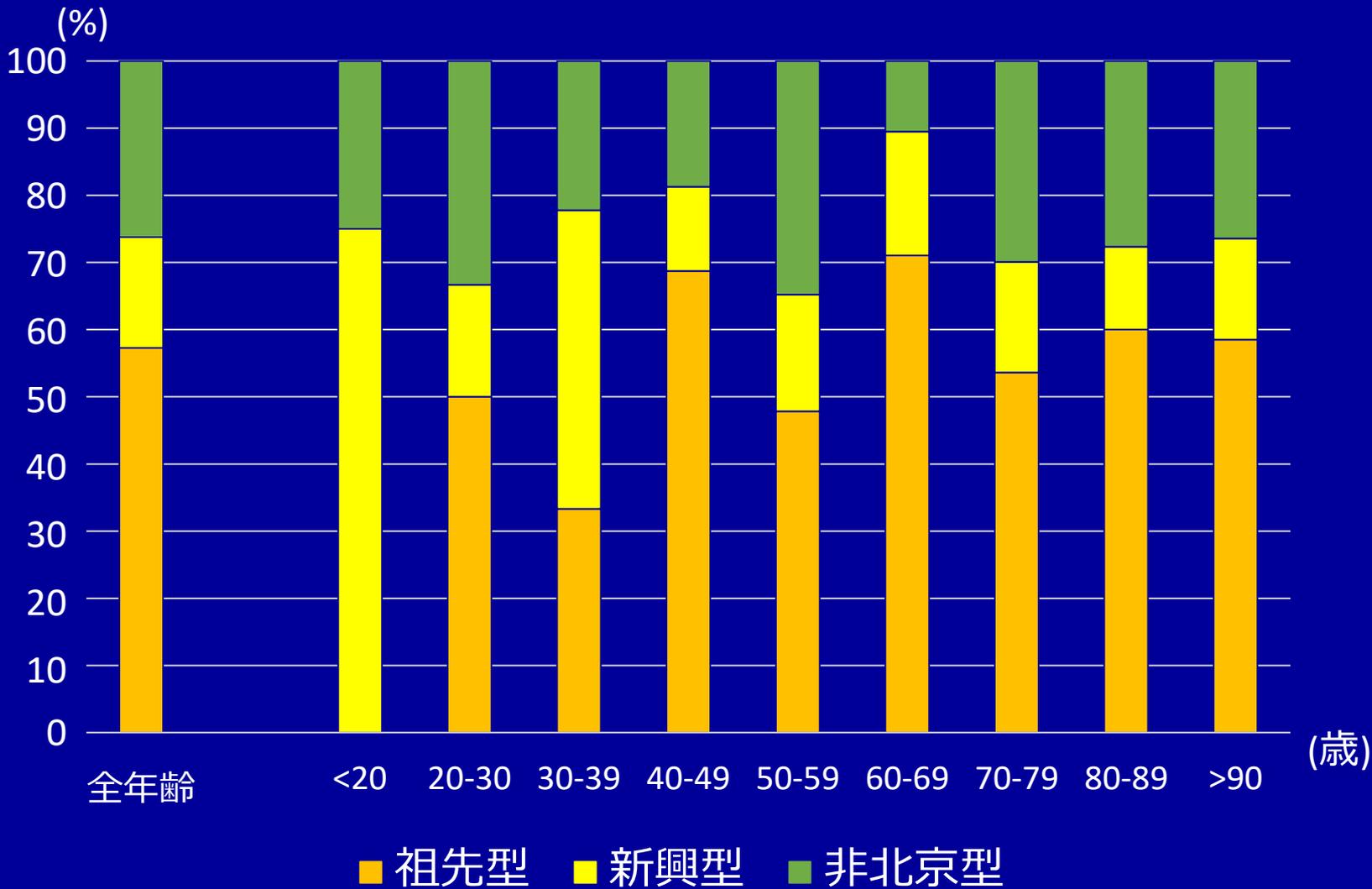
(同一人物の2回目以降は除外)

# 方法

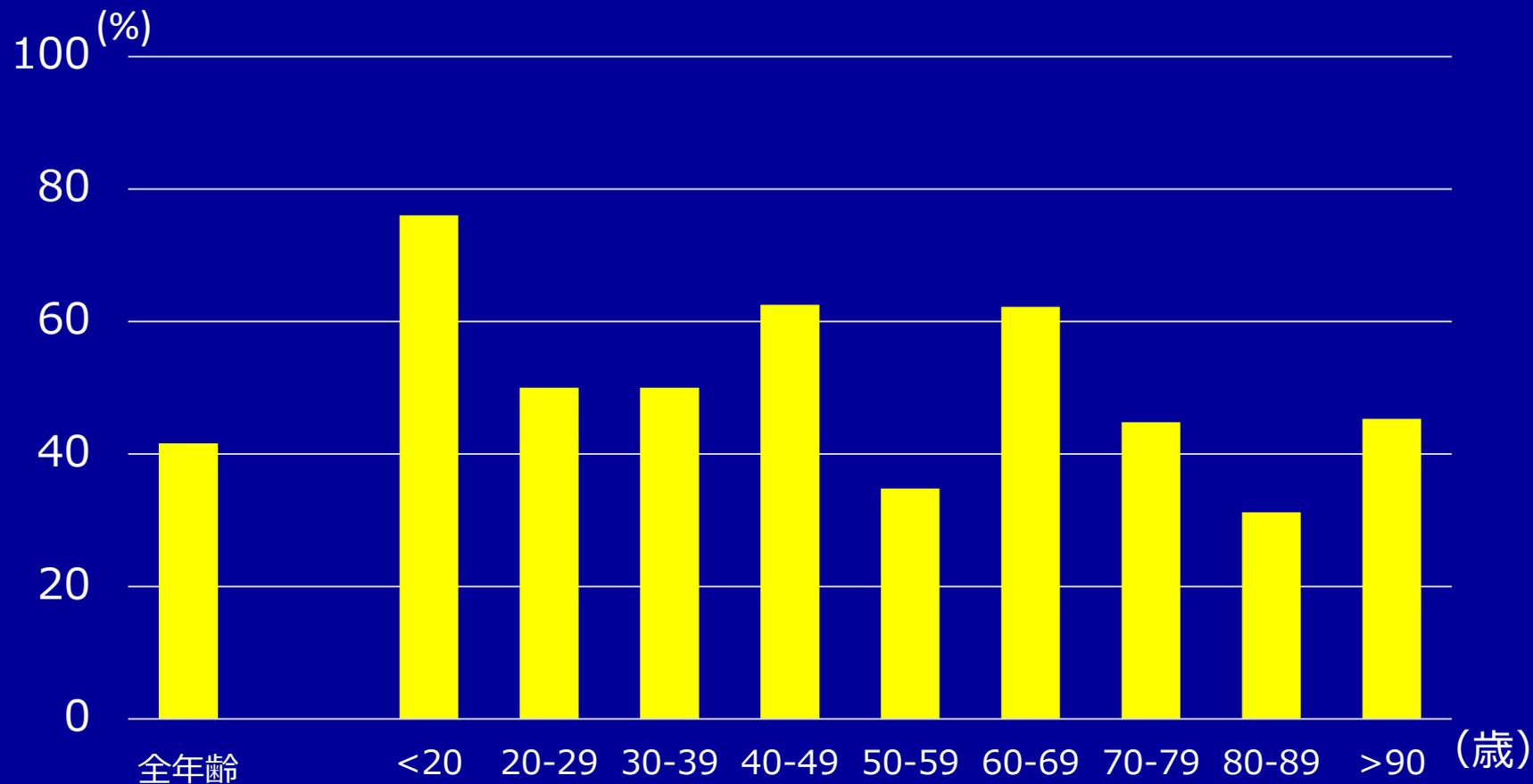
1. 結核菌VNTRハンドブックに基づき  
JATA(12)-VNTR解析  
⇒12領域が一致する株は6領域追加
2. 最大事後確率(MAP)推定法  
⇒祖先型、新興型及び非北京型の鑑別
3. 12領域一致したものをクラスターと定義  
⇒疫学情報より関連性の有無を推定

# 結 果

# 年齡別系統群分類



# 年齢別クラスター形成率



# クラスター内での関連性

関連あり	同一施設利用	7	1 2
	親子	2	
	夫婦	3	
一部関連あり	同一施設利用	1	4
	親子	1	
	夫婦	1	
	同胞	1	
疑わしい	接触の可能性あり	2	
関連未確認		34	
合計		52	

# 考察

# 若年層での新興型増加

- 系統群分類では全国と同様に祖先型が多い傾向がみられた
- アジア地域に多いといわれる新興型の割合が若年層で増加しているため、今後も調査を行っていき監視していく

# 疫学情報の必要性

- JATA12領域解析は関連性がある場合には同一由来株かの判定に有用
- 散発事例でのクラスター形成株は過去に蔓延した株の再発か、未知の経路で感染した可能性
- 偶発的な変異の可能性があり、詳細な疫学情報が必要

# 今後の方針

- 分解能を高めていくため次世代シーケンサーを用いた全ゲノム解析を検討
- 疫学情報共有のための検討会等を検討