

茨城県における結核菌全ゲノム解析について

茨城県衛生研究所

○石川加奈子、梅澤美穂、永田美樹、金崎雅子、柳岡知子

1 はじめに

茨城県における結核罹患率は年々減少し、令和3年は人口10万対7.7（全国9.2）であった。当所では結核患者から分離された全ての結核菌株について24領域VNTR検査を、合わせて集団感染が疑われる事例や散発事例など一部の菌株については全ゲノム解析を実施している。今回はその結果について報告する。

2 材料および方法

平成30年1月～令和4年12月までの5年間に当所へ搬入された計482株の結核菌についてVNTR検査を実施し、菌株間のVNTR型の比較および遺伝系統の推定を行った。

さらに、平成23年度以降に搬入されVNTR型のパターンが一致した事例のうち112株（20事例）および一部の散発事例73菌株の計185株について全ゲノム解析を実施し、詳細な遺伝子情報の解析を行った。

3 結果

VNTR検査から遺伝系統を推定した結果、北京型が61.2%、非北京型が30.1%であった。日本出生患者は北京型が多く、外国出生患者は非北京型が多かった。また北京型を細分類すると、祖先型が71.9%、新興型が28.1%であった。日本出生患者は65歳以上で祖先型が多いのに対し、65歳未満では新興型が多かった。外国出生患者は新興型が約9割を占めた。収集した482株のクラスター形成率は16.0%（77株）であり、30パターン形成された。

全ゲノム解析を行った結果、①VNTR型の偶発的一致、②短期間での感染伝播、③集団感染と過去の再燃の混在、と確認された事例があった。また薬剤耐性遺伝子を保有する菌株は17株（9.2%）あり、IsoniazidおよびRifampicinの2剤に対して耐性遺伝子を保有する株が1株確認された。

4 考察

遺伝系統には年齢や国籍による特徴がみられた。北京型は感染伝播力が強く薬剤耐性と強く関連している、さらに新興型は感染伝播・発病において祖先型よりも優れているとの報告もある。本県では外国出生患者割合が年々増加しており、今後の動向を注視していく必要がある。

VNTR検査で同一遺伝子型であっても偶発的一致の可能性を否定できないことから、集団が疑われる事例についてはより詳細に解析できる全ゲノム解析が有効である。また、全ゲノム解析では薬剤耐性遺伝子を確認することができる。今後も、疫学情報、VNTR検査および全ゲノム解析を組み合わせ総合的に判断し、関係機関へ情報を還元することで、感染対策に役立てていきたい。