

結核菌分子疫学解析による地域内感染経路把握への取り組み

中本有美, 梅澤美穂, 永田紀子

茨城県衛生研究所

【背景】

平成 28 年 11 月の「結核に関する特定感染症予防指針」の一部改正により、結核病原体サーベイランスの推進が盛り込まれた。これをうけ、茨城県では結核病床を有する医療機関から積極的に菌株を収集し、感染源・感染経路の究明を目的に結核菌の分子疫学解析を実施している。今回、その取り組み状況について報告する。

【方法】

平成 29 年 1 月~平成 31 年 3 月に搬入された 309 株について、24 領域 VNTR 型別 (variable number of tandem repeat) 検査を実施した。VNTR 型別結果より遺伝系統を推定するとともに、24 領域すべて一致したものを同一クラスターと定義し、菌株間の VNTR 型を比較した。

【結果】

収集した 309 株は、北京型が 59.5% (184 株)、非北京型が 34.3% (106 株)、推定不能が 6.1% (19 株) であった。さらに、北京型のうち祖先型が 71.2% (131 株)、新興型が 28.8% (53 株) であった。

県内のクラスター形成率は 15.2% (47 株) であり、北京型 (祖先型) が 7 パターン、北京型 (新興型) が 5 パターン、非北京型が 6 パターンの計 18 クラスターが形成された。施設・家族内感染等の感染源が推定できたものは 4 クラスターのみであったが、感染源不明の 14 クラスターのうち 3 クラスターについては、患者疫学情報の見直しにより特定の繁華街利用者や周辺居住者が多い等の共通事項が見つかった。

【結論】

結核菌の遺伝系統について、全国では北京型が 73.8%、そのうち祖先型が 81.7%、新興型が 18.3%と報告されており、その結果と比較すると、茨城県ではやや北京型の割合が低く、新興型の割合は高い傾向であった。新興型は祖先型よりも感染力が強いと言われており、今後も県内、近隣県及び全国の傾向に注視していく必要がある。

県内のクラスター形成状況を把握し、疫学情報と合わせることで、地域内感染が疑われる事例を探知することができた。これらの事例については、当所において次世代シーケンサーを用いたゲノム解析に取り組んでいる。

今後も保健所と協力し、積極的に分子疫学解析を実施することで、地域内感染経路の把握に貢献できると考えられる。

(本文 833 字)