

## 精神科病院結核集団感染事例における全ゲノム解析の実施

○中本有美<sup>1</sup>，深谷節子<sup>1</sup>，永田紀子<sup>1</sup>，柳岡利一<sup>1</sup>，海老原佳之<sup>2</sup>，大谷幹伸<sup>2</sup>  
茨城県衛生研究所<sup>1</sup>，茨城県古河保健所<sup>2</sup>

【はじめに】平成 27 年に茨城県内精神科病院において結核集団感染が発生した。当初は、1 病棟のみであったが、他病棟からも患者発生があり、衛生研究所において入院患者由来 10 株の 24 領域 VNTR 型別検査を実施した。その結果、VNTR 型別完全一致が 7 株と 1 領域違いが 1 株確認された。今回、詳細な感染伝播状況を明らかにすることを目的に、全ゲノム解析を実施したので報告する。

【方法】VNTR 型別が一致し、培養可能であった結核菌 7 株（1 領域違い 1 株を含む）を検体とした。抽出した DNA を QIAseq FX DNA Library kit(QIAGEN)によりライブラリ調製し、MiSeq(illumina)によりリードデータを取得した。データ解析は TGS-TB（国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センター作成）により実施した。

【結果】全ゲノムデータによる菌株間の比較を実施し、3 株は完全一致、2 株はそれぞれ 1SNV 差であり、非常に近縁であった。しかし、2 株はそれぞれ 10SNV 差と 13SNV 差であり、やや異なっていた。

【考察】保健所の疫学調査によると、集団内には長期入院患者や既感染者が含まれていた。特にやや異なった 2 株は治療中断歴のある既感染者由来であったため、本事例以前の感染の可能性も考えられた。全ゲノム解析は、従来の VNTR 型別以上に詳細な異同判定が可能であるため、実地疫学調査と並行して解析を進めることができれば、接触者健診範囲や追加調査内容の決定等に活用でき、感染拡大防止対策の一助となると考えられる。