

(様式第4号)

調査研究完了報告書

調査研究課題	茨城県における結核菌分子疫学解析に関する研究																		
担当者	永田美樹、相澤志保、織戸優、梅澤美穂、伊師拓哉、石川加奈子、金崎雅子																		
研究期間	平成28年度～令和4年度 7年間																		
目的	<ul style="list-style-type: none">・当所に搬入される県内の結核菌株について VNTR 検査を実施し、解析情報を蓄積して県内のデータベースを作成する。・次世代シーケンサー(NGS)を用いた全ゲノム解析法を確立し、VNTR 法では得られない隠れた感染経路及び薬剤耐性関連遺伝子保有状況等を明らかにする。																		
要した経費	(単位：千円) <table border="1"><thead><tr><th>年度</th><th>28年度</th><th>29年度</th><th>30年度</th><th>元年度</th><th>2年度</th><th>3年度</th><th>4年度</th><th>計</th></tr></thead><tbody><tr><td>経費</td><td>534</td><td>1,900</td><td>6,740</td><td>9,440</td><td>7,657</td><td>7,073</td><td>3,647</td><td>36,991</td></tr></tbody></table>	年度	28年度	29年度	30年度	元年度	2年度	3年度	4年度	計	経費	534	1,900	6,740	9,440	7,657	7,073	3,647	36,991
年度	28年度	29年度	30年度	元年度	2年度	3年度	4年度	計											
経費	534	1,900	6,740	9,440	7,657	7,073	3,647	36,991											
得られた成果	<ul style="list-style-type: none">・VNTR 検査において遺伝子型が一致した集団感染や地域伝播疑い事例について全ゲノム解析を実施したところ、集団感染事例のほか、集団と既感染による再燃が混在している事例が含まれていたことが分かった。・全ゲノム解析を実施した散発事例において、薬剤耐性遺伝子を保有する結核菌株が約 10%確認された。ほとんどが単剤に対する耐性であったが、2剤に耐性を有する菌株が1株検出された。																		
成果の普及・活用方法	<ul style="list-style-type: none">・研究により得られた結果・知見について、保健所等の各関係機関への報告に加えて、感染症学会、機関誌、結核に関する会議、講習会等で発表・報告し、広く情報の還元・提供を行った。・全ゲノム解析法が確立されたことで、必要に応じて集団事例発生時等に対応することが可能になった。																		
残された課題・問題点	行政検査では VNTR 検査を実施しているが、全ゲノム解析に関しては今後検査を実施する機会の減少が考えられるため、技術の継承が課題である。																		

※ 研究成果等の資料があれば添付すること。

完了評価結果報告書

令和 5年9月21日

衛生研究所長 殿

茨城県衛生研究所評価委員会
委員長 木村 博一

調査研究課題	茨城県における結核分子疫学解析に関する研究
--------	-----------------------

評価項目	評価	意見	備考
①調査研究の 妥当性	5, 5, 5, 5 , 5, 3, 4 平均評価点 4.6	<ul style="list-style-type: none">・検出株の分子疫学的追跡が可能になった点を高く評価したい。・VNTR検査から次世代シーケンサー(全ゲノム解析法 NGS)への変更で、期間と費用はかかったが、それに見合う結果が得られたので、妥当である。・費用対効果については、今回の報告ではわからない。	
②目標の達成度	5, 5, 5, 5 , 5, 5, 5 平均評価点 5.0	<ul style="list-style-type: none">・当初の目標通り達成できている	
③成果の意義, 達成度	5, 5, 5, 5 , 4, 5, 5 平均評価点 4.9	<ul style="list-style-type: none">・成果は今後の結核の蔓延防止や感染対策など、結核対策に十分活用が見込め、集団発生時の分子疫学調査の力なツールとなりえる。・保健所や医療機関へ報告、学会、会議、講習会で発表され、情報の還元・提供が行なわれた。	
④総合評価	5, 5, 5, 5 , 5, 5, 5 平均評価点 5.0	<ul style="list-style-type: none">・外国出生者由来株が日本出生者と VNTR 型が異なることや耐性遺伝子頻度を明らかにしたこと、NGS による高精度の追跡手段を構築できたことが評価される。・データベースの活用と全ゲノム解析の結果を組み合わせて集団感染事例の解析をしており、有効性が高い。・全ゲノム解析にかかる時間や費用もあり、今後どのように運用できるかが期待される。・各圏域の結核審査会で成果を紹介いただき、結核診療にフィードバックしていただきたい。	

評価点 1：不良 2：やや不良 3：普通 4：やや良好 5：良好

追跡評価実施の 要否	要：1人 否：6人	当該感染症は、2類でもあり、今後の対策として、ルーチン化すべきと思われる。	
---------------	--------------	---------------------------------------	--