

〔抄 録〕

石川県で分離された結核菌株のVNTR分析を用いた分子疫学的解析

石川県保健環境センター 健康・食品安全科学部 児玉 洋江・木村 恵梨子・塩本 高之
谷村 睦美・出雲 和彦・金戸 恵子
石川県南加賀保健福祉センター 小坂 恵
石川県健康福祉部 北川 恵美子

〔和文要旨〕

日本臨床微生物学雑誌, 31 (1) ,27-32, (2020)

石川県の結核患者から分離された結核菌株170株について12領域分析法 (JATA (12) -VNTR) および24領域分析法 (24_{Beijing} - VNTR) による遺伝系統の推定を行った。北京型は125株 (73.5%) を占め、70歳未満の患者と比較すると、70歳以上ではSTK群の割合が有意に高く、新興型が有意に低かった。非北京型株のうち日本人患者由来株の9割以上がEuro-Americanであった。また、外国人患者では、入国から発症までの期間が2年以内と短いこと、株の遺伝系統が日本人患者由来株とは異なることから、日本国外での感染が示唆された。JATA (12) -VNTRのプロファイルが一致した38株について24_{Beijing} - VNTRを実施した結果、プロファイルが一致したのは疫学的な関連がある2株のみであった。このことから、菌株の異同判定をする上で24_{Beijing} - VNTRの有用性が示唆された。今後もVNTR分析を用いた結核菌株の遺伝系統解析を継続するとともに、その分析結果を関係機関へ還元することにより、精度の高い実地疫学調査の実施に寄与したい。

キーワード : *Mycobacterium tuberculosis*, variable numbers of tandem repeats, JATA (12) -VNTR, 24_{Beijing} - VNTR

Key words : *Mycobacterium tuberculosis*, variable numbers of tandem repeats, JATA(12)-VNTR, 24_{Beijing}-VNTR