

VNTR 法を用いた結核菌の遺伝子型別について

結核患者が発生した際、感染拡大を防止するため、感染源の特定や感染経路の解明といった疫学調査が実施されます。その主な内容としては、患者の行動状況や接触者調査などの実地疫学調査が挙げられますが、さらに、患者から分離された結核菌の遺伝子を解析し、その異同を判別することによって、結核菌の伝播経路や拡散性をより詳細に分析できるとされています。その手法として種々の遺伝子型別法が利用されており、中でも、結核菌の遺伝子中のいくつかの領域に注目し、そこに存在する反復配列の数を菌株間で比較し、分類する反復配列多型分析 (Variable numbers of tandem repeats; VNTR) 法 (図) が、全国的に普及してきています。VNTR 法は、少量の死菌からでも実施が可能であり、得られたデータを数値として表すことから、データの比較や長期間に及ぶ継続的なデータ蓄積が容易であるという利点があります。

図



日本では、国内で分離される結核菌の80%を北京株と呼ばれる株が占めることから、北京株間で変異の大きい12の領域を組み合わせたJapan Anti-Tuberculosis Association (JATA)(12)-VNTRが国内標準法として提唱され、全国的に地方衛生研究所への技術展開が進められています。埼玉県衛生研究所においても、県内で発生した結核の感染経路や感染源の推定に役立てることを目的に、VNTR法による遺伝子型別を導入して、JATA(12)-VNTRより多い24領域の測定を行っています。24領域を測定することにより、さらに詳細な型別が可能になり、異同判別の精度向上が期待されます。

埼玉県では、結核対策の一環として、県内で発生した結核患者由来株の収集及びVNTR法による分子疫学解析の体制を強化していくことを予定しています。関係機関の方々には、菌株譲渡についての御協力をお願いいたします。