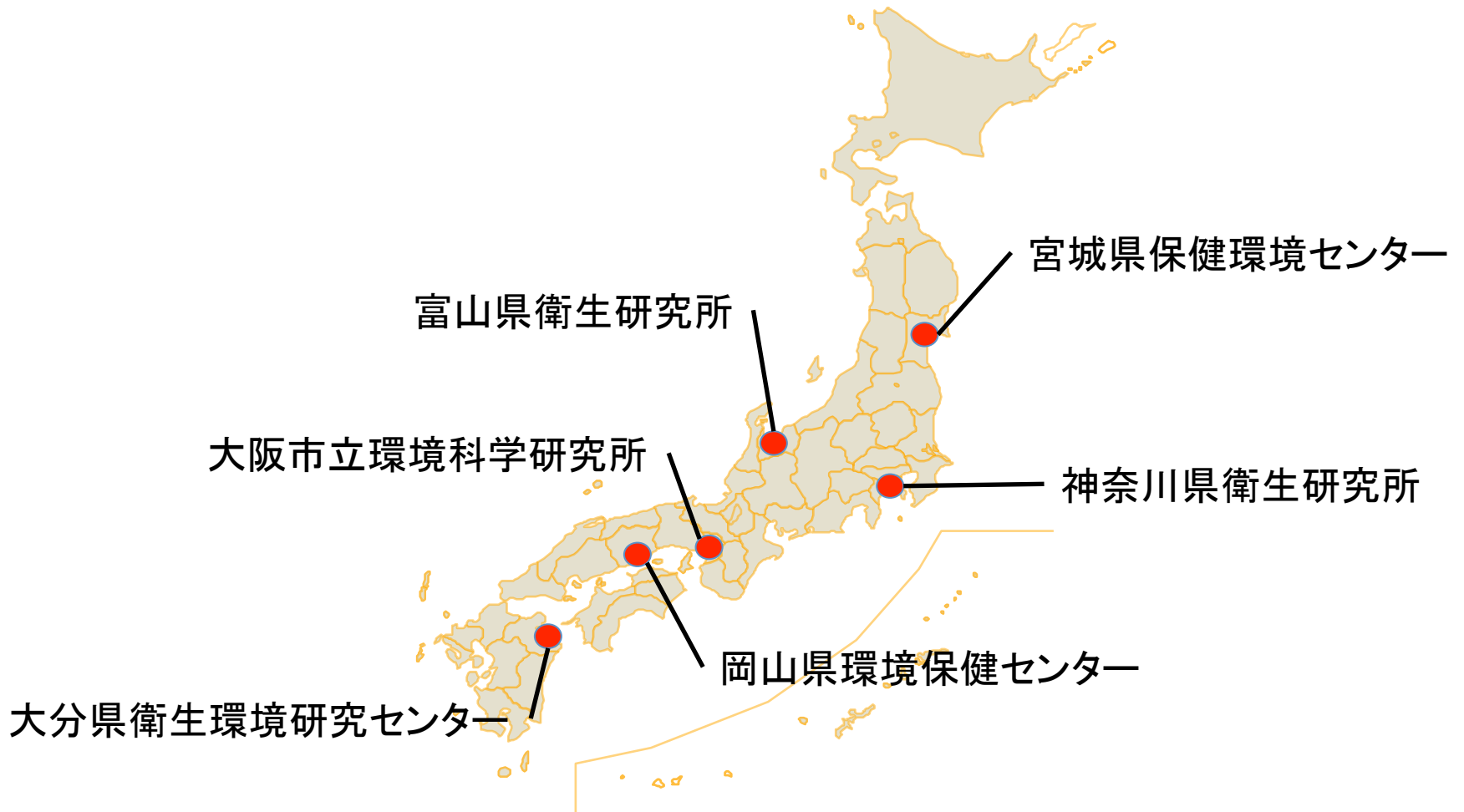


レファレンスセンター報告 結核

結核菌レファレンスセンター



2014年度

- 現在、我が国では結核に関する特定感染症予防指針に従って分子疫学調査実施体制が強化されており、地方自治体では結核菌遺伝子型別情報が蓄積されつつある。
- しかしながら地域で実施されている遺伝子型別検査(VNTR分析)の精度保証に関する取り組みが不十分。



「結核菌VNTR 分析における精度保証」

外部精度評価：方法

- 参加希望のあった衛生研究所(54か所)を対象
- 結核菌3株のDNAを送付
- VNTR分析結果を結核研究所にて解析

VNTR分析結果報告(概要)

施設名

PCR産物の測定方法

分析結果シート

分析施設 担当者)

XX研究所 (XX)

分析方法

キャピラリー電気泳動 (ロスモアイ)

	JATA No.															HV			Supply					
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15				3690 (Mtub 39)	MIRU 40	MIRU 04	2401 (Mtub 30)	MIRU 16	ETR-C
ID	0424	MIRU 10	1955	2074	2163b	2372	MIRU 26	3155 (QUB 15)	MIRU 31	3336	4052 (QUB 26)	4156	1982 (QUB 18)	2163a	ETR-A	3232	3820	4120						
入力	必須	必須	必須	必須	必須	必須	必須	必須	必須	必須	必須	必須	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション	オプション
H37Rvの コピー数	2	3	1	4	5	2	3	4	3	8	5	3	5	2	3	4	3	2						
Strain A(QC-DNA 1)	1	4	9	3	9	1	2	4	4	7	7	2	8	11	4	1	11	4	2	2	5	2	3	4
Strain B(QC-DNA 2)	2	5	2	1	2	3	1	2	3	13	8	4	7	N	3	6	8	4	3	2	1	4	1	4
Strain C(QC-DNA 3)	4	3	4	3	8	3	7	4	5	7	8	3	8	8	4	14	14	9	3	3	2	4	3	5

JATA(12/15)

HV

Supply(15)

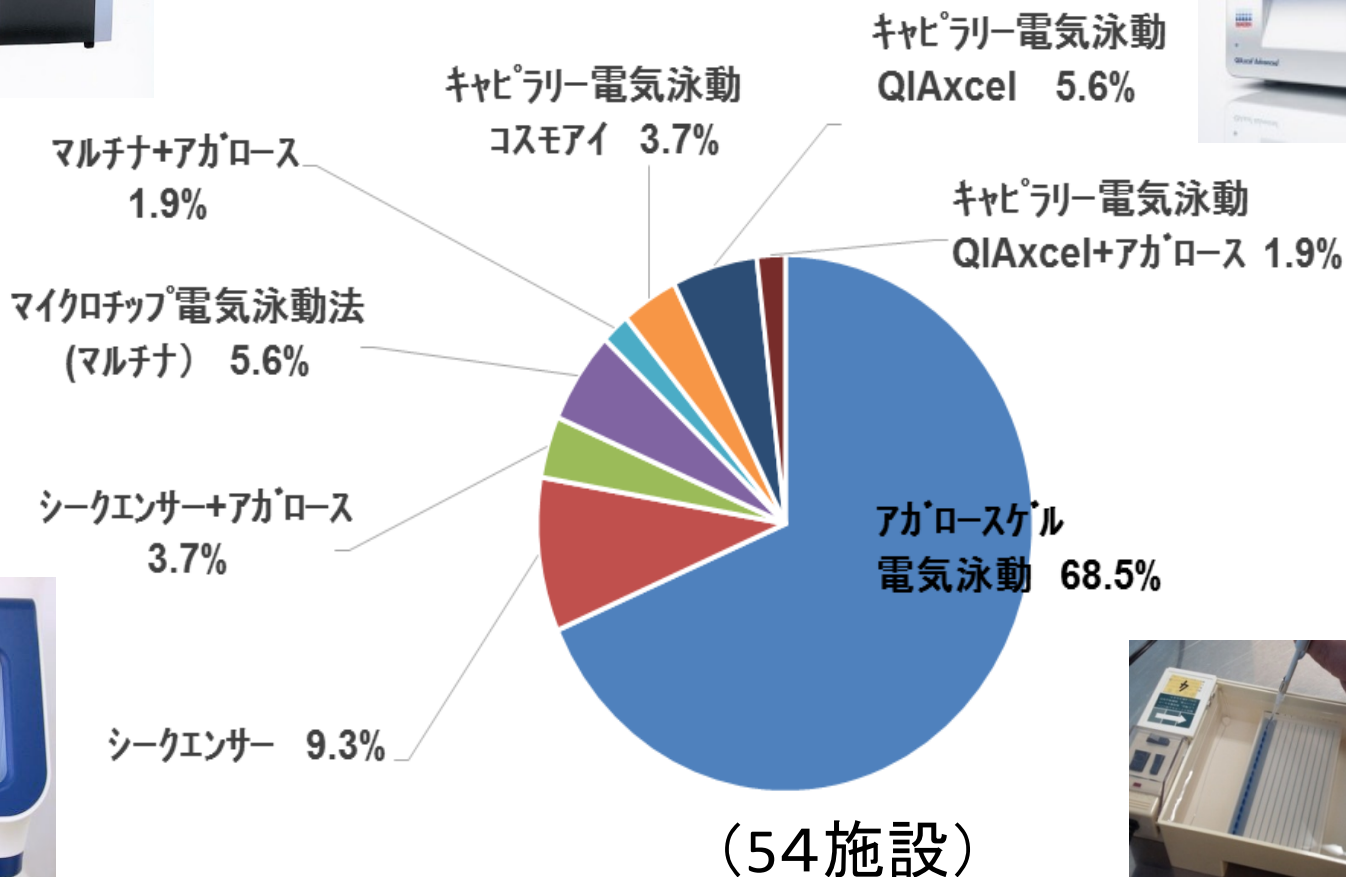
国内で推奨される共通の分析対象

超可変領域、
高識別能
(オプション)

国際比較
(オプション)

参加施設から電子メール等で報告シートを回収し、集計・分析を実施

各施設で用いられているDNA分子量の測定法

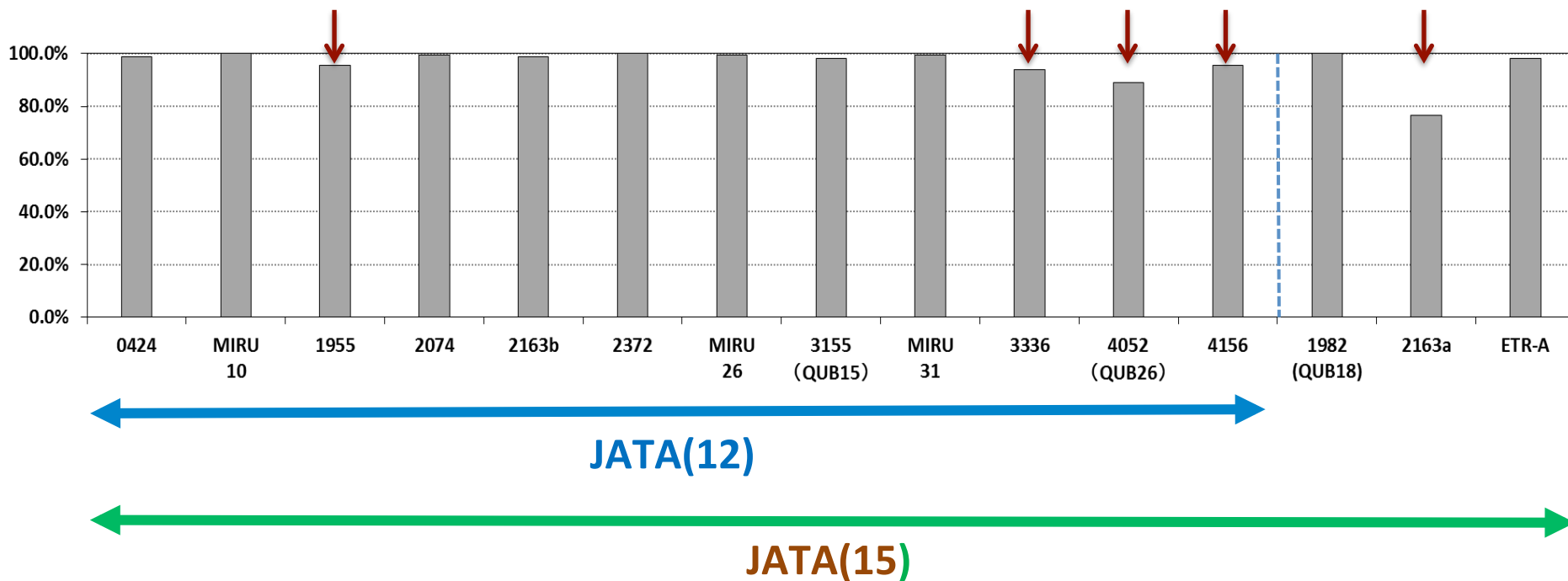


結核菌3株をJATA(12)-VNTR法 正答との一致率

施設数(54施設中の割合)

全ローサイ完全一致	36施設	66.7%(36/54)
1ローカス違い	7施設	13.0%(7/54)
2ヶ所以上違い	11施設	20.3%(11/54)

各ローカスにおける正答率



送付したDNAのクオリティの問題

幾つかのローカスで特に誤回答(主にコピー数のカウント間違い)が多い

分析系が正しく稼働していることを確認できる方法(内部精度管理)を導入する必要がある

Remedial Actions

- 正答率の低かった5つのローカス(1955, 3336, 4052, 4156, 2163a)について、コピー数マーカーを作製して配布
- コピー数既知のコントロールDNAを配布(内部精度管理)
- 外部精度評価の再実施(2015)

結核菌レファレンス委員

- 北海道東北新潟：宮城県保健環境センター・畠山 敬
- 関東甲信静：神奈川県衛生研究所・相川勝弘
- 東海北陸：富山県衛生研究所・磯部順子
- 近畿：大阪市立環境科学研究所・山本香織
- 中国四国：岡山県環境保健センター・大畠律子
- 九州：大分県衛生環境研究センター・一ノ瀬和也
- 結核研究所抗酸菌部・御手洗聡(世話人), 村瀬良朗