

2022年度 結核レファレンスセンター会議

公益財団法人 結核予防会結核研究所
村瀬 良朗、御手洗 聡

厚生労働省 新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業
「国内の病原体サーベイランスに資する機能的なラボネットワークの強化に関する研究」

本プレゼンテーションのトピック

昨年度の活動報告

- 結核菌VNTR検査の外部精度評価
- 結核菌ゲノム解析の外部精度評価

本年度の活動案

- 研修
- EQA

2022年度VNTR分析外部精度評価の概要

- 2022.11.4に地方衛生研究所へ開催の案内
- 58施設より参加の回答（2021年度 [n=61]）
- 2022.11.21に検体DNAを参加施設へ送付
- 報告期限(2023.1.31)までに57施設から報告、その後、1施設から報告あり
- 個別成績、全体成績をまとめた報告書を参加施設へ報告(2023.3.30)

外部精度評価で使用した報告シート

| 結核菌遺伝子型別外部精度評価(2022年度)分析結果シート | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-------------------------------|------|---------|------|--|-------|------|---------|---------------|---------|------|--------------|------|---------------|-------|-------|-------|-------|--------|----------------|---------|---------------|----------------|---------|-------|
| 施設名 | | 担当者 | | 分析方法(アガロースゲル電気泳動、自動シーケンサー、チップ電気泳動[QI Axcel, MultiNA]、その他具体的な方法を記載ください) | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| JATA No. | | | | | | | | | | | | | | | HV | | | Supply | | | | | | |
| ID | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 | 22 | 23 | 24 |
| | 0424 | MIRU 10 | 1955 | 2074 | 2163b | 2372 | MIRU 26 | 3155 (QUB 15) | MIRU 31 | 3336 | 4052 (QUB 6) | 4156 | 1982 (QUB 18) | 2163a | ETR-A | 3232 | 3820 | 4120 | 3690 (Mtub 39) | MIRU 40 | MIRU 04 | 2401 (Mtub 30) | MIRU 16 | ETR-C |
| 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 | 2 | 3 | 1 | 4 | 5 | 2 | 3 | 4 | 3 | 8 | 5 | 3 | 5 | 2 | 3 | 4 | 3 | 2 | 5 | 1 | 3' (353bp) | 2 | 2 | 4 |
| 内部精度管理株 A | 4 | 5 | 3 | 3 | 2 | 4 | 10 | 4 | 5 | 10 | 8 | 5 | 10 | 9 | 4 | 9 | 5 | 8 | 3 | 3 | 2 | 2 | 4 | 2 |
| 内部精度管理株 B | 2 | 2 | 0 | 3 | 4 | 2 | 5 | 4 | 3 | 20 | 8 | 3 | 0 | 5 | 2 | 15 | 3 | 3 | 1 | 2 | 4 | 2 | 3 | 3 |
| 外部精度評価株 1 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 外部精度評価株 2 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 外部精度評価株 3 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

1. 報告はこのシートを使用してください。マクロで集計するため、入力場所等を変更しないで下さい。H37Rv、内部精度管理株の行は消去しないで下さい。
 2. VNTR分析結果を半角英数字で入力してください。施設名、担当者、分析方法を記入して下さい。
 3. 本エクセルファイルのファイル名を次の書式へ変更して下さい: VNTR外部精度評価用エクセルシート2022_施設名_自治体名.xlsx
 4. 報告メールの題名を次の書式として下さい: 施設名_自治体名_VNTR_EQA_2022分析結果
 5. vntr_eqa_2022@jata.or.jpまで送付ください(※切:2023年1月31日(火)17:00)

2022年度 VNTR外部精度評価の結果

各施設で用いられていたDNA分子量の測定法 (2022年度, 58施設)



QIAxcel,
n=3 (5.2%)
1↑@2021

TapeStation,
n=1 (1.7%),

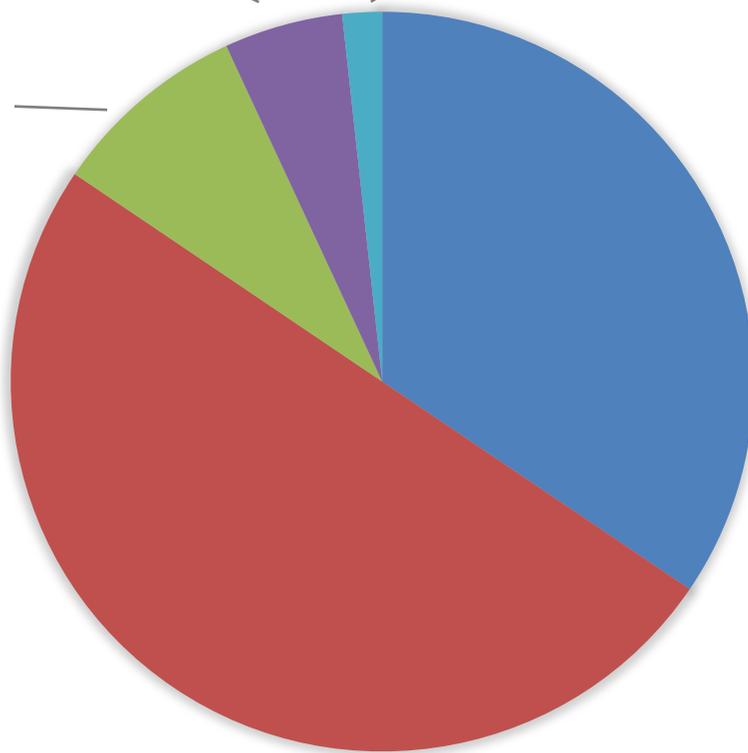


MultiNA,
n=5 (8.6%)

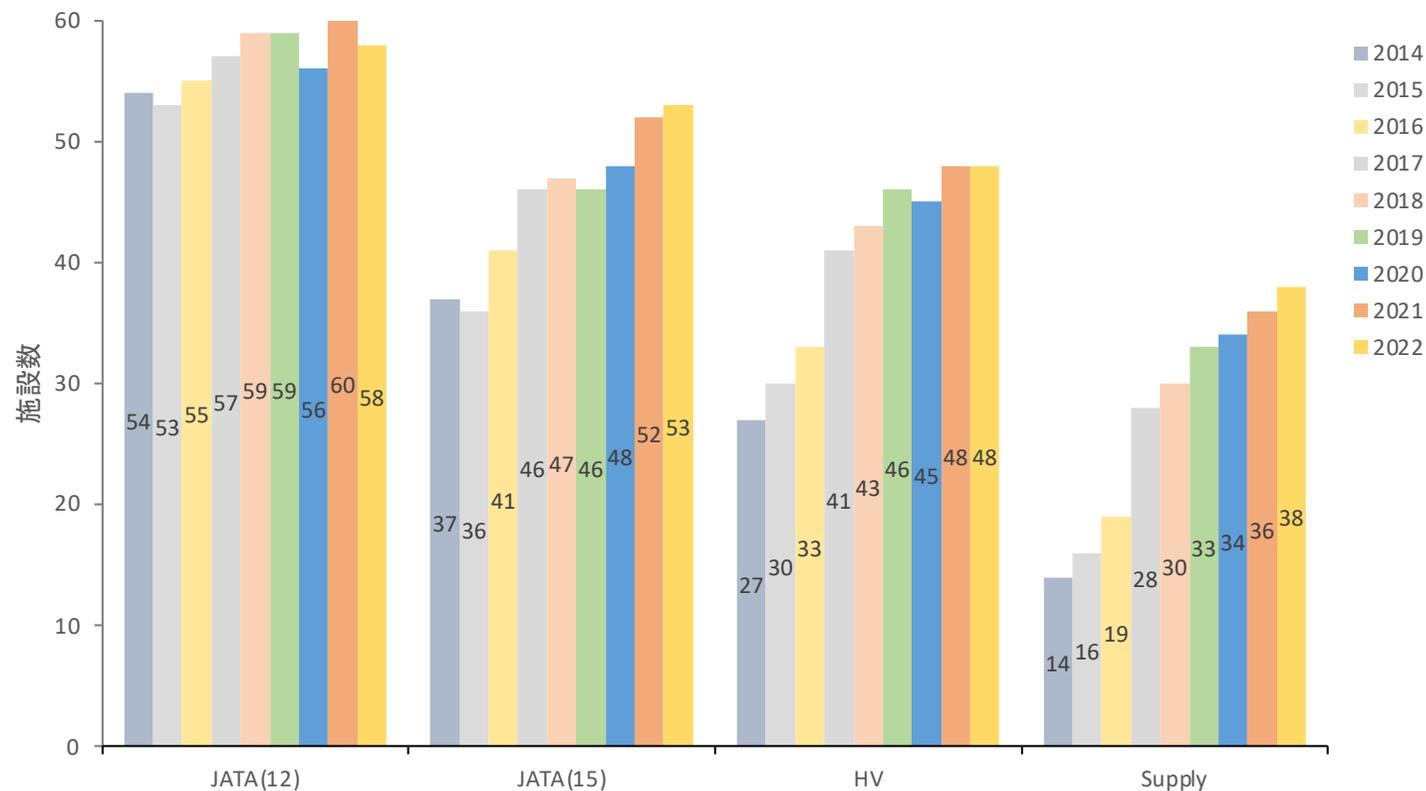
アガロースゲル,
n=20 (35%), 6↓@2021



シーケンサー,
n=29 (50%), 4↑ @2021



参加施設で採用されているVNTR分析システム



- JATA-12は基本的に全施設で実施
- 任意の実施としたJATA-15、HV、Supplyの分析施設数が年々増加

2022年度 外部精度評価の結果

結核菌3株をJATA-12 VNTR法で分析した場合の正答施設数

| | 2014 (54施設) | 2015 (53施設) | 2016 (55施設) | 2017 (57施設) | 2018 (59施設) | 2019 (59施設) | 2020 (56施設) | 2021 (60施設) | 2022 (58施設) |
|-----------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
| 完全一致 (n, [%]) | 36 (67%) | 49 (92%) | 48 (87%) | 40 (70%) | 55 (93%) | 53 (90%) | 49 (88%) | 54 (90%) | 53 (91%) |
| 1 locus違い (n, [%]) | 7 (13%) | 1 (2%) | 5 (9%) | 12 (21%) | 3 (5%) | 2 (3%) | 3 (5%) | 6 (10%) | 2 (3%) |
| 2 loci以上の 違い (n, [%]) | 11 (20%) | 3 (6%) | 2 (4%) | 5 (9%) | 1 (2%) | 4 (7%) | 4 (7%) | 0 (0%) | 3 (5%) |

- 2022年度は91%の施設が完全一致、3%が1 locus違い、2 loci以上異なった施設は5%
- 2022年度は例年と同様の良好な結果であったが、エラーのある施設もあるため、外部精度評価の必要性がある

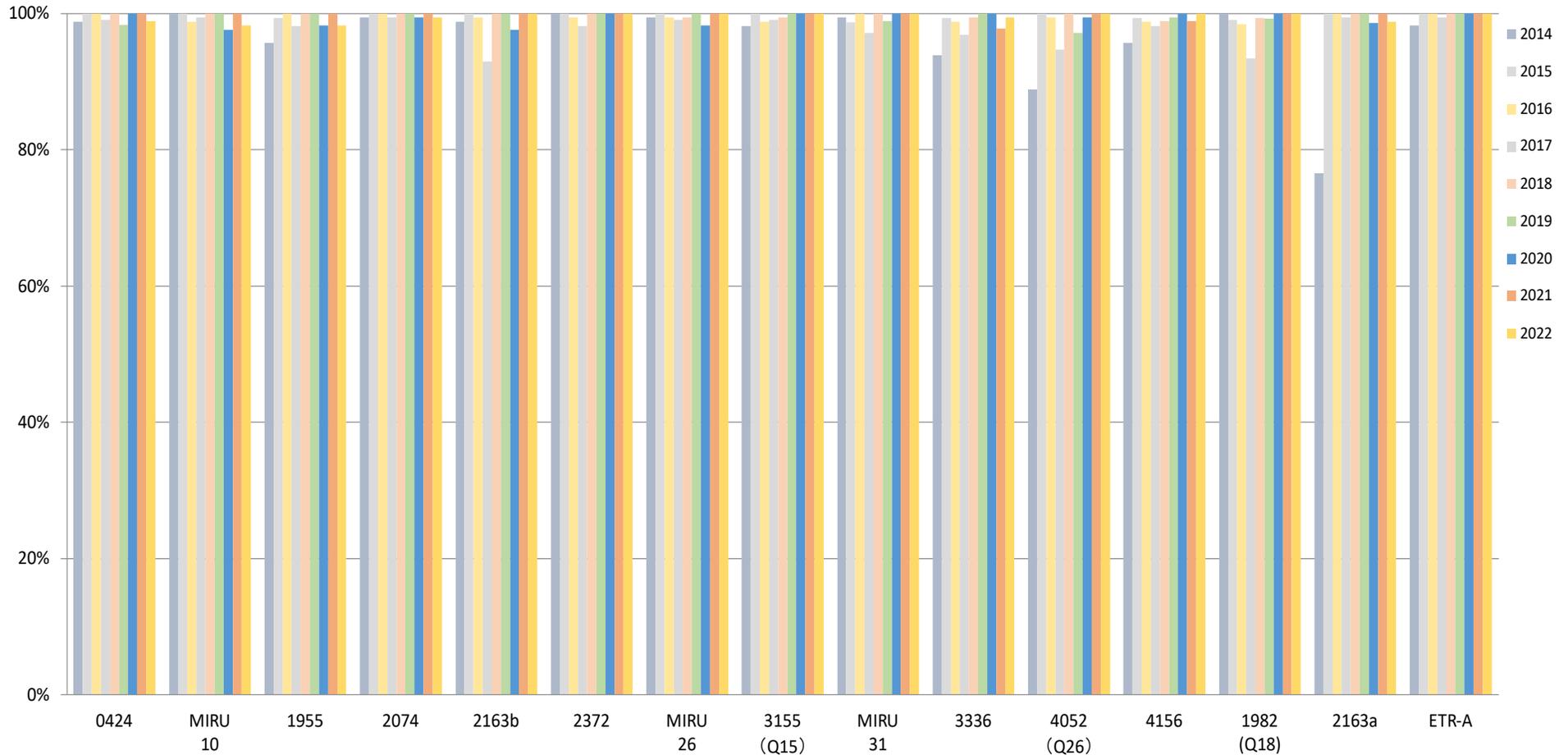
分子量測定法とローカセットの正答率(2022)

結核菌3株をJATA-12 VNTR法で分析した場合の正答との一致率

| | JATA 12 | | JATA 15 | | HV | | Supply | |
|-------------|---------|--------|---------|--------|----|--------|--------|--------|
| | n | 正答率(%) | n | 正答率(%) | n | 正答率(%) | n | 正答率(%) |
| Agarose | 20 | 99.6 | 16 | 99.3 | 13 | 95.7 | 7 | 100 |
| Sanger | 29 | 99.7 | 29 | 100 | 28 | 98.4 | 27 | 100 |
| MultiNA | 5 | 98.3 | 4 | 100 | 3 | 100 | 2 | 100 |
| QIAxcel | 3 | 100 | 3 | 96.3 | 3 | 96.3 | 1 | 100 |
| TapeStation | 1 | 97.2 | 1 | 100 | 1 | 100 | 1 | 100 |

- 最も主要なSangerとAgaroseは、大半のローカセットで良好な成績。高分子領域が多いHVについてはSangerの成績が良好。
- MultiNA、QIAxcel、LabChipの成績は近年改善している。一部のローカセットで正答率が低下する傾向。(複数の方法を併用しているため)

各locusにおける正答率(%)



2022年度における1 locusあたりの正答率は98.3-100%であり、特定のlocusで正答率が低くなる現象は認められなかった

その他の活動

標準作業手順書の公開

- 自動シーケンサーを用いた結核菌VNTR法のSOPを結核研究所HPにて公開(2021.4)
- 自動シーケンサー設定用ファイルの配布

| | | |
|--|---|--|
| Institution Laboratory name 結核研究所抗酸菌部結核菌情報科 Location 東京都清瀬市松山3-1-24 Head/Responsible person 村瀬良朗 | SOP (Standard Operating Procedure) キャピラリー・シーケンサーを用いた結核菌VNTR法の標準作業手順書 | Code: Version: no.1.00 Date: of release 2020/Nov./xx Page: 1 of 15 |
|--|---|--|

1. 原理

本 SOP では、結核研究所抗酸菌部で実施している 24_{Beijing}-VNTR (Variable Numbers of Tandem Repeats ; 反復配列多型)の分析手順を示す(資料 1、2)。本分析では、PCR 反応によって VNTR 領域を増幅後、キャピラリー・シーケンサーを用いてその鎖長を分析(フラグメント解析)し、24ヶ所の VNTR 領域におけるコピー数を同定する。

検査材料として、結核患者から分離培養された *M. tuberculosis* (*Mycobacterium tuberculosis*) から抽出したゲノム DNA を用いる。ゲノム DNA を鋳型とし、1つの反応溶液で複数の領域を同時に増幅する Multiplex PCR を組み合わせ、24ヶ所の VNTR 領域を 12 反応溶液で増幅する。この PCR 反応に蛍光標識プライマーを用いることで、VNTR 領域の増幅と同時に、フラグメント解析に必要な蛍光色素を PCR 産物に付加する。続くフラグメント解析では、キャピラリー・シーケンサーが5色の蛍光色素を同時に測定することで、1run あたり PCR 産物 4 色と内部分子量マーカー1 色を識別する。したがって、得られた PCR 反応溶液を 4VNTR 領域ずつ混合後、内部分子量マーカーと共にキャピラリー・シーケンサーで分析し、1 検体あたり 6 run で 24 VNTR 領域の分子量を測定する。得られた分子量をもとに、24VNTR 領域毎のコピー数と分子量の換算表に従い、GeneMapper ソフトウェア上で被験菌株の 24_{Beijing}-VNTR プロファイルと同定する。

2. 定義と略語

定義

- **VNTR 法**
ゲノム DNA 上に複数存在するミニサテライト様の反復配列領域における反復数(コピー数)の多型を利用した遺伝子型別法であり、結核菌では 2000 年代から国際的に使用されている。VNTR 法を用いて十分な菌株識別能を得るためには、複数の反復配列領域を分析する必要がある。調査地域における結核菌流行株の違いや検査目的に応じ、複数の反復配列領域の組み合わせが提案されている(表 1)。
- **JATA (Japan Anti-Tuberculosis Association) 12, JATA 15**
日本国内で分離される結核菌株を少ない解析領域で効率的に菌株識別するため、結核研究所から提案された 12 または 15ヶ所の VNTR 領域の組み合わせである(資料 3)。自治体間で VNTR 情報を共有・比較するため、JATA12 を共通解析領域として使用することが提案されている。患者同士の接触が疑われる事例(集団感染疑い等)において菌の同一性を鑑別する場合、JATA12、15 は十分な菌株識別能を有していると考えられている。一方、地域で発生した結核菌株を網羅的に分析し、VNTR 型の一致から帰納的に感染経路を推定する場合には、推定精度を高めるために、他の VNTR 領域を組み合わせることで推奨される(24_{Beijing}-VNTR 等、後述)。
- **Supply 15**
国際的な標準法として提唱された 15ヶ所の VNTR 領域の組み合わせである(資料 4)。Supply 15 の二次型別法として、9ヶ所を追加した Supply 24 も存在する。

蛍光プライマーセットの小分けキット化

- 自動シーケンサー分析系を導入する上で、蛍光プライマー一式の購入費用が課題(24 loci: 2万円 x 24 ペア = 48万円)
- 小分けキット化をThermoFisherに要望
- 24 loci用プライマーセット一式の小分けキットが2022年5月より入手可能
- 150反応分、77,000円
- 発注番号:A54818JP

その他

- VNTR法、ゲノム解析に関する問い合わせ対応
- コントロール検体DNAの配布

まとめと展望

- 2022年度は58施設に対して外部精度評価を実施(9回目)
- 2022年度の結果では、3株のJATA 12プロファイルが完全一致した正答施設は53施設(91%)
- 手法別では、昨年度、初めてSanger採用施設数が最も多くなった(50%)
- 今後も外部精度評価等を通じて、VNTR分析の精度の維持と向上を図る必要がある

本プレゼンテーションのトピック

昨年度の活動報告

- 結核菌VNTR検査の外部精度評価
- 結核菌ゲノム解析の外部精度評価

本年度の活動案

- 研修
- EQA
- その他

2022年度 結核菌ゲノムEQAの概要

- 結核レファレンスセンター関連会議にて、ブロック代表6施設を対象としたゲノムEQAの実施を提案し、了承していただく (2022.6.15)
- 3日間のゲノム研修会を実施 (2022年10月)
- EQA用のiSeqカートリッジ試薬等を送付 (2023.1月)
- EQA用の結核菌8株を送付 (2023.1.30)
- 報告期限(2023.3.15)までに3施設から報告、2023.4.5までに全ての施設から報告があった

ゲノムEQAへの参加協力をお願いした施設

- 北海道東北新潟：山形県衛生研究所
- 関東甲信静：神奈川県衛生研究所
- 東海北陸：富山県衛生研究所
- 近畿：大阪健康安全基盤研究所
- 中国四国：岡山県環境保健センター
- 九州：大分県衛生環境研究センター

参加施設へ結核研究所より提供した研究材料

- 外部精度評価用検体 結核菌8株
- 内部精度管理用 ウシ型結核菌BCG Tokyo 1株

- ゲノム抽出用試薬
 - ガラスビーズ、PCIAA、phase lockゲル、etc
- ゲノム解読用試薬
 - QIAseq FX UDI (24)、iSeqカートリッジ

- SOPドラフト版等の手順書

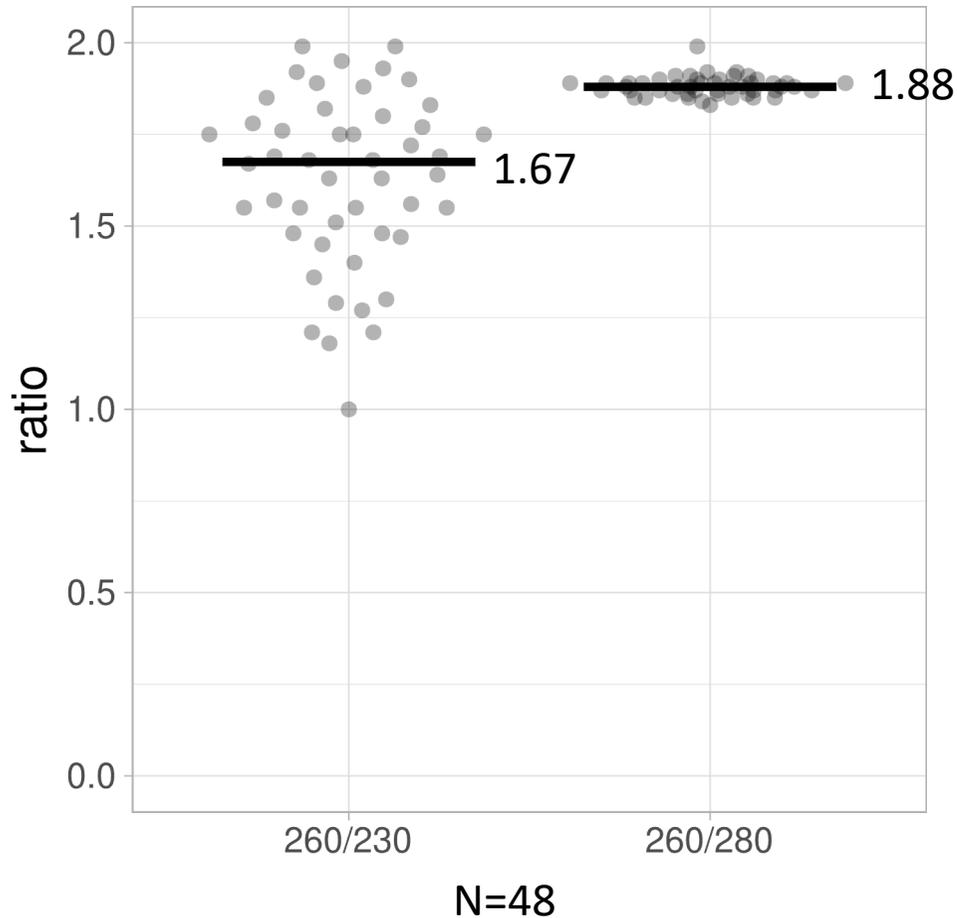
ゲノムEQAのワークフロー

| | 検査工程 | 所要時間 目安 | 参照 | 備考 |
|----|------------------------|------------------|---|--|
| 1 | クロロホルムビーズ 破 砕法 | 0:40 | SOP 5.1ゲノムDNAの調製 | |
| 2 | PCIAA抽出 | 1:30 | SOP 5.1ゲノムDNAの調製 | |
| 3 | 精製後DNA濃度測定 | 0:20 | SOP 5.1ゲノムDNAの調製 | |
| 4 | QIAseq FX ライブラリー調 製 | 3:00 | SOP 5.2.1 ゲノムの断片化、から 5.2.4 ライブラリーの増幅 | |
| 5 | ライブラリー収集 | 0:10 | SOP 5.2.5 ライブラリーのpooling | |
| 6 | ゲル電気泳動精製 | 1:30 | SOP 5.2.6 ライブラリーのサイズ分画 | |
| 7 | カラム精製 | 1:00 | SOP 5.2.7 ライブラリーのアガロースゲル精製 | |
| 8 | ライブラリー濃度測定 | 0:30 | SOP 5.3 ライブラリーの定量 | |
| 9 | RUN | 1 - 2 days | SOP 5.5 illumina シーケンサーのラン | iSeqの場合は18時間 程度 |
| 10 | AMiGA解析によるコンタミ チェック | サーバーの込み 具合による | 結核菌ゲノム解析フローチャート 結核菌比較ゲノム解析の手引き TB-profilerの使用方法 | TGS-TB comparison に数日程度かかる場 合がある |
| 11 | TGS-TB解析 | | | |
| 12 | TB-profiler解析 | | | |
| 13 | 結果報告と抽出DNAの送 付 | | 返送リスト参照 | |

EQAで評価対象とした項目

- ゲノムDNAの収量、品質、分子量
- 8件体の解析に要したiSeqラン数、ランクオリティ
- *M.tuberculosis/M.avium*混在の検知
- Species, Lineage, sub-lineageの同定
- 薬剤感受性予測と変異遺伝子の同定
- 株間の遺伝学的関係性の可視化(ハプロタイプ・ネットワーク)

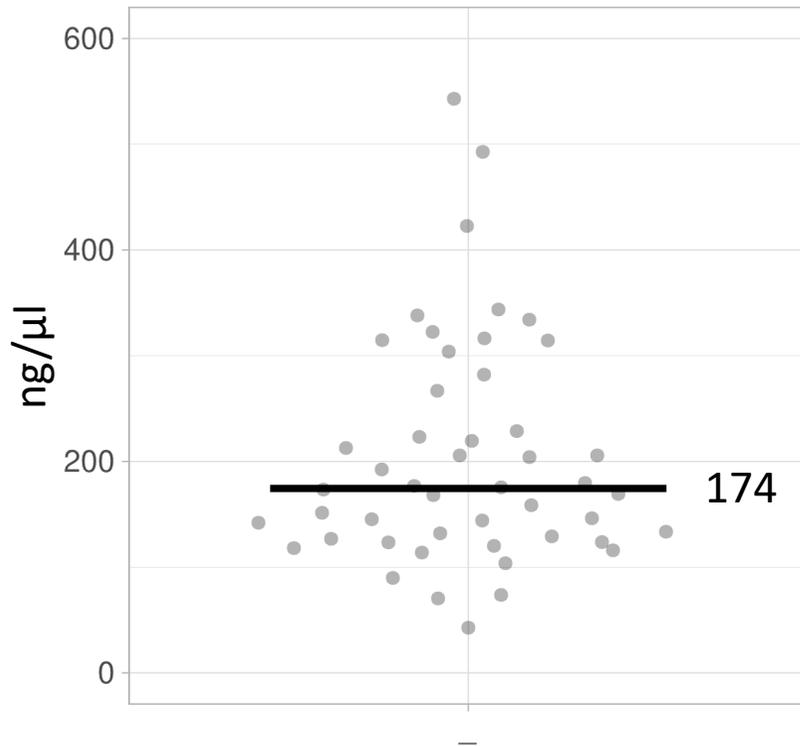
gDNAのQC (1)



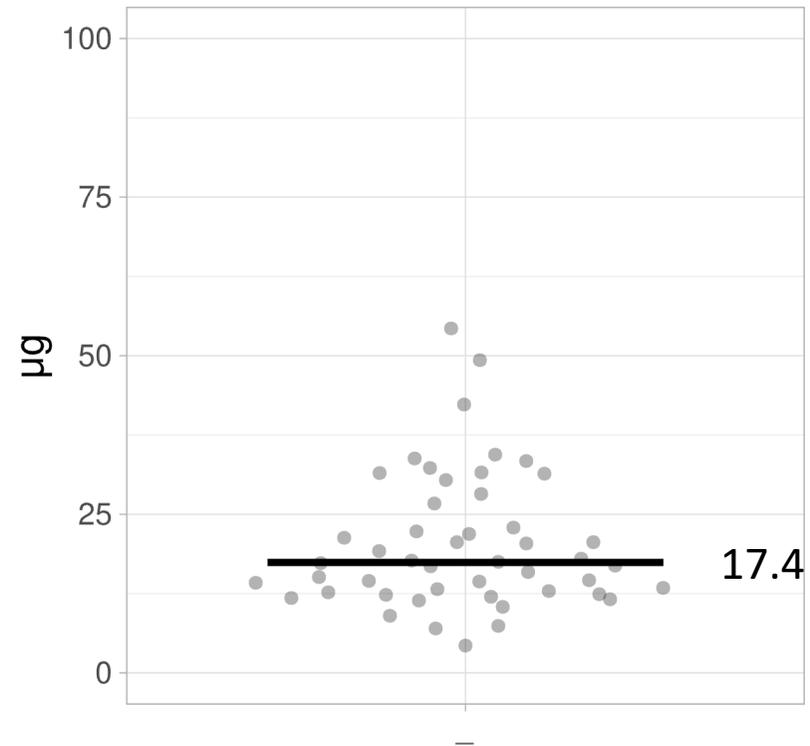
- SOPに記載されているガラスビーズ・クロロホルム抽出法を用いて8検体よりゲノムDNAを精製
- 260/280は良好な値でありばらつきが少ない
- 260/230は半数程度が1.7を下回る
→フェノールの混入が疑われるので、クロロホルム処理を念入りに実施するか、クロロホルム処理を追加すると良い
(実際にはイルミナ・シーケンスに問題ない)

gDNAのQC (2)

濃度



収量



QIAseq FX DNA library preparation kitを用いたライブラリ調製に必要なとされる十分な濃度、収量が得られている

参加施設におけるiSeqラン結果の概要

| Lab_ID | A | | B | | C | | D | | | E | | | F | | | |
|-----------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| RUN回数 | 2 | | 2 | | 2 | | 3 | | | 3 | | | 4 | | | |
| Ru名 | A-1 | A-2 | B-1 | B-2 | C-1 | C-2 | D-1 | D-2 | D-3 | E-1 | E-2 | E-3 | F-1 | F-2 | F-3 | F-4 |
| %Q30 Read1 | 92.8 | 92.6 | 94.1 | 93.8 | 93.6 | 93 | 88.8 | 91.2 | 91.9 | 92.8 | 94.1 | 93.7 | 88.6 | 92.5 | 91.4 | 92.1 |
| %Q30 Read2 | 90.3 | 89.7 | 92.7 | 91.4 | 92.5 | 91.3 | 84.9 | 88 | 89.7 | 91.8 | 92.7 | 92.4 | 84.3 | 88.2 | 88.9 | 89.5 |
| %Clusters PF | 68.5 | 72.9 | 73.9 | 70.4 | 72.2 | 72.1 | 56.5 | 70.2 | 72.2 | 70.8 | 69.3 | 71.8 | 63.7 | 69.1 | 66.4 | 68.7 |
| %Occupancy | 87.8 | 91.5 | 87.7 | 88.3 | 86.4 | 88.2 | 88.4 | 93.4 | 88.5 | 85.2 | 81.5 | 86.8 | 90.8 | 89.7 | 90.1 | 88.2 |
| Projected Total Yield | 1.7 | 1.8 | 1.8 | 1.7 | 1.8 | 1.8 | 1.4 | 1.7 | 1.8 | 1.7 | 1.7 | 1.8 | 1.6 | 1.7 | 1.6 | 1.7 |

- カバレッジx40以上を目標とした場合、結核菌8株の分析に要するラン数は2から4。手技が安定すれば1ランあたり解析可能株数は4株(or5株)が期待できる
- イルミナが保証するデータ出力量(>1.2Gb)とクオリティ(Q30が80%以上)を上回っている
- 1株当たりのデータ量： 中央値751万塩基、範囲189万-1553万塩基 (全てx40以上)

ゲノム解析の結果

| Sample name | EQA2022-01 | EQA2022-02 | EQA2022-03 | EQA2022-06 | EQA2022-07 | EQA2022-09 | EQA2022-10 | EQA2022-12 |
|--------------------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|------------------|------------------|--------------|
| Species | M.tb | M.tb | M.tb | M.tb | M.tb | M.tb | M.tb | M.tb/M.avium |
| Lineage (Coll) | 2.2.1 | 2.2.1 | 2.2.1 | 2.2.2 | 2.2.2 | 4.9 | 2.2.1 | |
| spoligo | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 777777603760771 | 000000000003771 | |
| Rifampicin | | | | | | rpoB p.His445Arg | rpoB p.Ser450Leu | |
| Isoniazid | fabG1 c.-15C>T | fabG1 c.-15C>T | fabG1 c.-15C>T | inhA c.-154G>A | inhA c.-154G>A | | | |
| Ethambutol | | | | | | embA p.Asp4Asn | embB p.Met306Val | |
| Pyrazinamide | | | | | | pncA p.Trp68Arg | pncA c.452delT | |
| Streptomycin | | | | | | | rpsL p.Lys88Arg | |
| Fluoroquinolones | | | | | | | gyrA p.Asp94Gly | |
| Moxifloxacin | | | | | | | gyrA p.Asp94Gly | |
| Ofloxacin | | | | | | | gyrA p.Asp94Gly | |
| Levofloxacin | | | | | | | gyrA p.Asp94Gly | |
| Ciprofloxacin | | | | | | | gyrA p.Asp94Gly | |
| Aminoglycosides | | | | | | rrs n.1401A>G | | |
| Amikacin | | | | | | rrs n.1401A>G | | |
| Capreomycin | | | | | | rrs n.1401A>G | | |
| Kanamycin | | | | | | rrs n.1401A>G | | |
| Cycloserine | | | | | | | | |
| Ethionamide | fabG1 c.-15C>T | fabG1 c.-15C>T | fabG1 c.-15C>T | inhA c.-154G>A | inhA c.-154G>A | ethA p.Arg279* | ethA c.1290dupC | |
| Clofazimine | | | | | | | | |
| Para-aminosalicylic_acid | | | | | | | thyX c.-16C>T | |
| Delamanid | | | | | | | | |
| Bedaquiline | | | | | | | | |
| Linezolid | | | | | | | | |

- 全ての施設において、模擬M.avium混在検体よりM.aviumが検出 (AMiGA)
- TB-profilerによる解析結果についても大部分の項目で一致した結果が報告
 - Species, sub-lineage, 薬剤感受性プロファイルの予測は全て一致
 - spoligotypingとEthionamideのみ一部の施設より異なる結果が報告された

施設間で不一致が見られた項目の詳細

(1) spoligotyping profile (TB-profiler)

| | Lab-A | Lab-B | Lab-C | Lab-D | Lab-E | Lab-F |
|------------|-----------------|-----------------|-----------------|-------------------------|-------------------------|-----------------|
| EQA2022-01 | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 00000000000 1771 | 000000000003771 |
| EQA2022-07 | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 00000000000 1771 | 000000000003771 | 000000000003771 |
| EQA2022-10 | 000000000003771 | 000000000003771 | 000000000003771 | 00000000000 1771 | 000000000003771 | 000000000003771 |

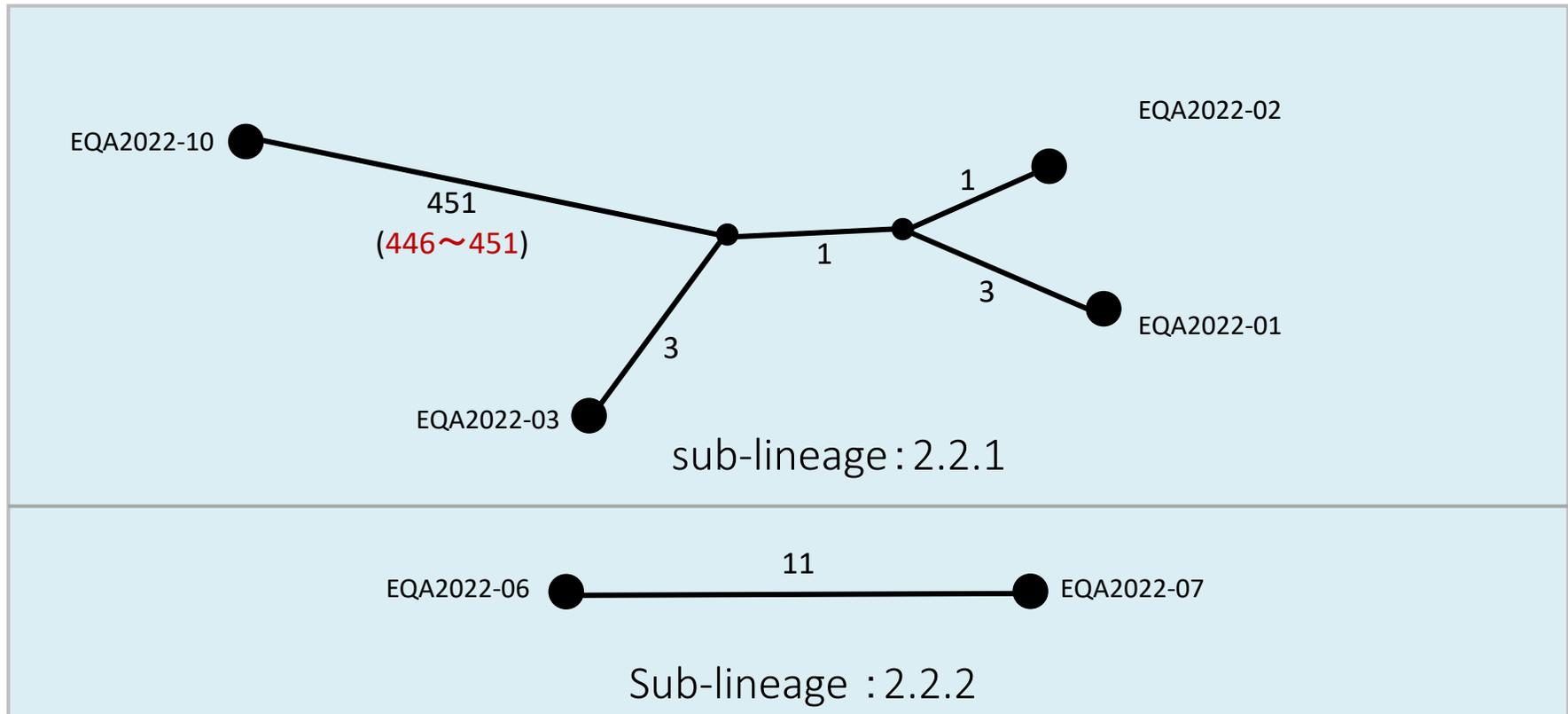
- 7株中3株において、1施設の結果が不一致
- 一部のsp配列の検出に失敗している

(2) EB の薬剤耐性変異 (TB-profiler)

| | Lab-A | Lab-B | Lab-C | Lab-D | Lab-E | Lab-F |
|------------|----------------|----------------|----------------|----------------|----------------|---|
| EQA2022-10 | embA p.Asp4Asn / embB p.Asp328Tyr |

- 7株中1株において、1施設の結果が不一致
- Lab-FではembA/embBのダブルミュートーションが検出されている

TGS-TB comparisonを用いた株間のゲノム比較解析



- Sub-lineageが一致した菌株について、TGS-TBを用いて株間の系統関係とゲノム差異(SNPs数)をネットワーク図として描画
- 評価対象となった6箇所株間距離のうち、5箇所は施設間で完全一致、1箇所は446から451まで若干異なった→数SNPs程度であれば施設間の再現性は高い
- 尚、1施設はGenEpid-Jの機能不具合が発生したため、分析を実施できなかった

まとめ

- 6施設を対象にゲノムEQAを実施
- 全ての施設において十分な品質・量のゲノムDNAが得られた
- iSeqを用いた場合の解析株数は4株/ラン程度
- TGS-TBとTB-profilerによるゲノム解析の施設間再現性は高い

- 経験がなくても結核菌のゲノム解析は可能

結核レファレンス委員会

委員

- 北海道東北新潟：山形県衛生研究所・瀬戸順次
- 関東甲信静：神奈川県衛生研究所・古川一郎
- 東海北陸：富山県衛生研究所・金谷潤一
- 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・河合央博
- 九州：大分県衛生環境研究センター・溝腰朗人←塚本伸哉

世話人

- 結核予防会結核研究所抗酸菌部 村瀬良朗, 御手洗聡

2023年度の活動案(1)

VNTRとゲノム解析に関する研修を実施予定

2023年度 抗酸菌検査個別研修 案内

研修の対象者

地方衛生研究所等において抗酸菌検査の研修を希望する者

受講定員

6名

実施日程

2023年6月22日(木)、23日(金)

研修内容

- ・安全キャビネットの使い方、結核菌の取り扱い、保管、DNA抽出
- ・結核菌の同定検査
- ・結核菌 VNTR 検査 (PCR 反応、キャピラリーシーケンサーと GeneMapper を用いたコピー数の同定) 等

研修費用

33,000円(税込)

宿泊

前日より結核研究所隣接の研修宿舎の利用が可能です。
研修宿舎利用料は1,450円/泊(税込)です。
研修宿舎を希望されない場合は、各自にて周辺宿泊施設を手配下さい。

申込み締切日

2023年5月24日(水)

※応募者多数の場合は、申込内容等を考慮した選考を実施し、受講の可否をご連絡致します。

お問合せ
(公財)結核予防会結核研究所 抗酸菌部研修担当
TEL:042-493-5711、FAX: 042-492-4600
E-mail: mrc@jata.or.jp

2023年度 結核菌ゲノム解析研修 案内

研修の対象者

地方衛生研究所等において結核菌ゲノム解析研修を希望する者

受講定員

6名

実施日程

2023年9月13日(水)14日(木)、15日(金)

研修内容

- (1) 講義
 - ・NGS用ライブラリーの調製
 - ・イルミナシーケンサーの概要
 - ・結核菌比較ゲノム解析
- (2) 実習
 - ・結核菌からのゲノムDNAの精製と定量
 - ・NGS用ライブラリーの調製
 - ・イルミナシーケンサーによる結核菌ゲノム解読
 - ・ゲノムデータの解析(TGS-TB)

研修費用

55,000円(税込)

宿泊

結核研究所隣の研修宿舎は利用できません。各自にて周辺の宿泊施設を手配下さい。

申込み締切日

2023年5月24日(水)

※応募者多数の場合は、申込内容等を考慮した選考を実施し、受講の可否をご連絡致します。

お問合せ
(公財)結核予防会結核研究所 抗酸菌部研修担当
TEL:042-493-5711、FAX: 042-492-4600
E-mail: mrc@jata.or.jp

2023年度の活動案(2)

- VNTR-EQA
 - 予算的には実施可能
- ゲノム-EQA
 - 予算的には実施形式を変更することで実施可能(イルミナ試薬を結核研究所が負担して実施することは難しい)