

9. 6 細菌科

細菌科では、細菌性の感染症および食中毒の検査、収去された食品の検査、感染症発生動向調査事業のうち細菌関係の病原体検索等および食品化学情報の発信を行っている。また、細菌性の感染症や食中毒に関する調査研究を行っている。

1. 試験検査、調査業務

(1) 結核の検査(感染症対策室)

島根県結核菌分子疫学調査事業実施要領に基づき、結核菌 53 株について VNTR 法 (Variable Numbers of Tandem Repeats) による分子疫学解析を実施した。VNTR のプロファイルデータから遺伝系統を推定したところ、15 株が非北京型、27 株が北京型 (祖先型)、11 株が北京型 (新興型) に分類された。非北京型の 2 株、北京型 (祖先型) の 1 株及び北京型 (新興型) の 1 株は過去の菌株と VNTR プロファイルパターンが一致し、非北京型の 1 株と北京型 (祖先型) の 2 株は 1 領域違いで一致した。

(2) 細菌性感染症の検査(感染症対策室)

県東部(松江、出雲及び隠岐保健所管内)で発生した腸管出血性大腸菌感染症の便検査を実施した。令和 4 年度の腸管出血性大腸菌感染症の便検査は 57 件であった。

また、島根県で発生した腸管出血性大腸菌感染症の分離株 19 株について H 血清型、Vero 毒素型の検査および薬剤感受性試験を行った。さらに、MLVA による遺伝子解析を 19 件実施した。分離された株は、O157:H7 (VT1, 2) 5 株、O157:H- (VT1, 2) 1 株、O157:H7 (VT2) 9 株、O157:H- (VT1) 2 株、O26:H11 (VT1) 1 株、O111:H- (VT1) 1 株であった。

(3) 食中毒検査(薬事衛生課)

県東部(松江、雲南、出雲保健所管内)で発生した食中毒の検査を実施した (一部県西部保健所管内分も実施)。令和 4 年度の県内関係分の食中毒事例は表 1 に示すとおりである。食中毒事例(表 1)と有症苦情(表 2)計 11 事例 (原因施設が県外の事例を含む) について、細菌培養や寄生虫検査、核酸検査を行った。

(4) 食品の収去検査及び行政検査 (薬事衛生課)

令和 4 年度に、当所では県東部の保健所 (松江、雲南及び出雲保健所) で収去された食品 50 件 (魚介類 6 件、魚介類加工品 3 件、肉卵類加工品 4 件、穀類加工品 6 件、野菜及び果物加工品 6 件、牛乳 2 件、そうざい 23 件) の細菌検査を実施した。

(5) 感染症発生動向調査事業 (感染症対策室)

医療機関等から依頼された *Salmonella* の同定、*Yersinia* の血清抗体価測定の実験を行った。

(6) カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE) の検査 (感染症対策室)

発生動向調査で届出のあった 30 件のうち当所に提出があった 29 件 (うち 2 件は 2 株ずつ提出) , 31 株について試験検査を実施した。菌株の試験検査は、病原体検出マニュアルにより原則実施とされている PCR 法によるカルバペネマーゼ遺伝子検出、 β -ラクタマーゼ及びカルバペネマーゼ産生性の確認試験を行った。

(7) 食品化学情報の発信

健康危機に関わる有害物質等の調査、情報の収集及びその情報を県庁薬事衛生課、保健所、食肉衛生検査所などに提供した。

なお、情報収集は主にインターネットを活用し、保健所等関係機関への情報発信に努めた。

2. 研究的業務

(1) *Corynebacterium ulcerans* の全ゲノム解析

ジフテリア毒素産生 *Corynebacterium ulcerans* TSU-28 株について、次世代シーケンサーを用いたショートリードとロングリード解析を行ったところ、ジフテリア毒素遺伝子を 2 つ保有する極めて珍しい株であることが分かった。また、比較ゲノム解析の結果、それぞれのジフテリア毒素遺伝子は由来が異なるファージであることが分かった。

(2) *Campylobacter jejuni* の分子疫学解析

鶏肉、牛胆汁及び人由来の *Campylobacter jejuni* 分離株について、PCR 法を用いた迅速型別法である multiplex PCR binary typing (mP-BIT) 法により分子疫学解析を実施した。その結果、供試菌 98 株は 42 タイプの遺伝子型に分類され、mP-BIT 法が十分な識別能を有する型別法であることが示唆された。また、最も大きなクラスターは鶏肉由来 10 株と患者由来 6 株の 16 株で構成された。

(3) *seh* 遺伝子単独保有の黄色ブドウ球菌による食中毒事例

令和 3 年 7 月、島根県内の医療機関から「食中毒を疑う患者を診察した」旨の連絡が管轄保健所にあり、調査を開始した。患者便 14 検体、従事者便 4 検体、食品残品 8 検体、ふき取り検体 10 検体計 36 検体について、食中毒起因菌の検査を行ったところ、患者便 10 検体、従事者

便2検体、食品残品4検体、ふき取り検体3検体の計19検体から黄色ブドウ球菌を検出した。分離された菌株について、エンテロトキシン遺伝子検査を行ったところ、者患者便10検体、従事者便1検体、食品残品3検体、ふき取り検体2検体の計16検体から *seh* 遺伝子のみが検出された。*seh* 遺伝子単独保有の黄色ブドウ球菌による食中毒事例はほとんどなく、本事例は稀な事例と考えられた。

表1. 令和4年度の島根県における食中毒発生状況（保健環境科学研究所が検査した事例）

No.	発生年月日		発生場所 (管轄保健所)	患者数	原因施設	原因食品	原因物質
1	令和4年	6月 27日	江津市	8	飲食店	飲食店の食事	カンピロバクター
2		8月 8日	出雲市	7	飲食店	飲食店の食事	不明

表2. 令和4年度の島根県における集団胃腸炎発生状況

(保健環境科学研究所が検査した事例)

No.	発生年月日 (探知年月日)		発生場所 (管轄保健所)	患者数	概要	検出された病原微生物
1	令和4年	5月 18日	益田	8	寮での下痢症事例	ノロウイルス
2		6月 10日	県外	10	修学旅行生の下痢症事例	カンピロバクター
3		7月 15日	松江	8	寮での下痢症事例	カンピロバクター
4		9月 19日	出雲	13	飲食店での下痢症事例	ノロウイルス
5		1月 7日	雲南	8	社会福祉施設での下痢症事例	ノロウイルス
6		2月 4日	県外	9	飲食店での下痢症事例	カンピロバクター
7		2月 13日	浜田	5	飲食店での下痢症事例	カンピロバクター
8		2月 19日	県外	1	飲食店での下痢症事例	ノロウイルス
9		3月 23日	雲南	1	家庭内での下痢症事例	不明

島根県で分離された *Salmonella* の血清型と年度別推移 (2022 年度)

野村亮二・林宏樹・川上優太・村上佳子・川瀬遵・和田美江子

1. はじめに

Salmonella 感染症は、多剤耐性菌の出現、外国からの耐性株輸入例の報告があり、発生動向に注意が必要な感染症である。当所では 1976 年以来 *Salmonella* 感染症の実態を継続調査しており、2022 年度においても患者及び健康保菌者から分離された *Salmonella* 菌株について、分離時期、血清型の種類、薬剤感受性等を検討したので報告する。

2. 材料と方法

県内の病院等で患者及び健康保菌者から分離され当所に送付された 16 株について、血清型別及び薬剤感受性ディスク 18 種類を用いた薬剤感受性試験を実施した。薬剤は、アンピシリン (ABPC)、セフトキシム (CTX)、カナマイシン (KM)、ゲンタマイシン (GM)、ストレプトマイシン (SM)、テトラサイクリン (TC)、クロラムフェニコール (CP)、シプロフロキサシン (CPFX)、ホスホマイシン (FOM)、スルファメトキサゾール・トリメトプリム合剤 (ST)、ナリジクス酸 (NA)、ノルフロキサシン (NFLX)、イミペネム (IPM)、メロペネム (MEPM)、セフトジジム (CAZ)、セフォキシチン (CFX)、アミカシン (AMK)、コリスチン (CL) を使用した。

3. 結果と考察

3. 1 月別分離状況

例年、細菌性食中毒は、5 月から 9 月に多発するが、今年度、島根県では *Salmonella* による集団食中毒が 1 件発生し、患者 1 名から *S. Oranienburg* が分離された。患者及び健康保菌者からの検出月別分離株数は、2022 年 5 月に 1 株、6 月に 2 株、7 月に 3 株、8 月に 4 株、9 月に 4 株、10 月に 2 株であった (表 1)。

3. 2 血清型別推移

今年度、多く分離された血清型は、*S. Thompson* および *S. Saintpaul* でそれぞれ 3 株 (18.8%)、次いで *S. Manhattan* および *S. Enteritidis* がそれぞれ 2 株 (12.5%) であり、型別不明株が 1 株 (6.3%) あった (表 2)。

3. 3 薬剤感受性

分離された 16 株について、薬剤感受性試験を実施したところ、薬剤耐性なしが 9 株、4 剤耐性が 2 株、3 剤耐性が 1 株、2 剤耐性が 1 株および 1 剤耐性が 3 株であった (表 3)。薬剤耐性菌の浸潤に留意するとともに、全国的に流行する血清型には経年的な推移が見られることから、引き続き監視の必要がある。

表 1. 島根県でヒトから分離された *Salmonella* の血清型の月別推移 (2022 年 4 月～2023 年 3 月)

O 抗原群	血清型	2022 年										2023 年			合計		
		4	5	6	7	8	9	10	11	12	1	2	3				
O4	<i>S. Schwarzengrund</i>					1											1
	<i>S. Saintpaul</i>					1	2										3
	<i>S. Stanley</i>							1									1
O7	<i>S. Thompson</i>				1	1		1									3
	<i>S. Bareilly</i>						1										1
	<i>S. Oranienburg</i>				1												1
	<i>S. spp. (不明)</i>								1								1
O8	<i>S. Manhattan</i>			1				1									2
O9	<i>S. Enteritidis</i>			1	1												2
UT			1														1
	合計	0	1	2	3	4	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	16

表2. 島根県でヒトから分離された*Salmonella*の血清型の年別推移 (2012年度～2022年度)

O抗原群	血清型	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	合計
O4	<i>S. Paratyphi B</i>		1							3	2		6
	<i>S. Stanley</i>		1	2		1	2		3			1	10
	<i>S. Schwarzengrund</i>	3	3	2		6	7	3	5	1	4	1	35
	<i>S. Saintpaul</i>	2	1	5			6	4			2	3	23
	<i>S. Derby</i>	2											2
	<i>S. Agona</i>					1	4						5
	<i>S. Typhimurium</i>	3					1			1			5
	<i>S. Brandenburg</i>		1					1		1			3
	<i>S. Heidelberg</i>			1									1
	<i>S. Haifa</i>	1											1
	<i>S. spp. (O4:i:-)</i>		1				1	1	1			2	6
<i>S. spp.</i>		2						1	1		1	5	
O7	<i>S. Oslo</i>			1									1
	<i>S. Paratyphi C</i>	1											1
	<i>S. Livingstone</i>	1											1
	<i>S. Braenderup</i>	3	5		3			1	1				13
	<i>S. Rissen</i>		1										1
	<i>S. Thompson</i>	6	6	3		2	5	2	9	9	5	3	50
	<i>S. Daytona</i>	1											1
	<i>S. Potsdam</i>			1			1						2
	<i>S. Infantis</i>	3	3				1	1	3				11
	<i>S. Bareilly</i>	2	9	1				1				1	14
	<i>S. Mikawasima</i>							1					1
	<i>S. Obogu</i>	1											1
	<i>S. Mbandaka</i>		1	1			1						3
	<i>S. Tennessee/ II</i>					6	1						7
	<i>S. Choleraesuis</i>									1			1
	<i>S. Oranienburg</i>											1	1
<i>S. spp.</i>								1	2			1	4
O8	<i>S. Narashino</i>	2											2
	<i>S. Narashino/ II</i>			2		1	1		1				5
	<i>S. Yovokome/Manhattan</i>	1	1										2
	<i>S. Manhattan</i>					2			2			2	6
	<i>S. Bardo/Newport</i>	1											1
	<i>S. Newport</i>					1			2		3		6
	<i>S. Kottbus</i>	1											1
	<i>S. Blockley</i>		1			3			1				5
	<i>S. Litchfield</i>							1					1
	<i>S. Goldcoast</i>			1				1					2
	<i>S. Corvallis</i>		5	1					3				9
	<i>S. Blockley</i>									1			1
	<i>S. Hadar</i>										1		1
<i>S. spp.</i>							1					1	
O9	<i>S. Typhi</i>				1								1
	<i>S. Enteritidis</i>		2		1		4	1			1	2	11
	<i>S. Panama</i>							2					2
	<i>S. Houston</i>							1					1
	<i>S. Napoli</i>		1										1
O11	<i>S. Aberdeen</i>		1										1
O13	<i>S. spp.</i>	1						1					2
O16	<i>S. Rhydyfelin</i>			1									1
	<i>S. Frankfurt</i>							1					1
	<i>S. Gaminara</i>									1			1
O21	<i>S. Minnesota</i>							1				1	
O28	<i>S. Pomona</i>							1				1	
O35	<i>S. spp.</i>						1					1	
O3,10	<i>S. Anatum</i>	1							1				2
	<i>S. Uganda</i>		1			7							8
O1,3,19	<i>S. Senftenberg</i>					1			1				2
	<i>S. spp.</i>			1			5						6
UT		2						1	1		2	1	7
	合計	38	47	23	5	32	40	27	37	20	24	16	309

表3 島根県でヒトから分離された*Salmonella*の薬剤耐性

血清型	薬剤耐性パターン	菌株数
<i>S. Schwarzengrund</i>	KM, SM, TC	1
<i>S. Saintpaul</i>	TC	1
<i>S. Manhattan</i>	KM, SM	1
<i>S. Manhattan</i>	SM	1
<i>S. Enteritidis</i>	ABPC, NA, SM, TC	2
<i>S. spp.</i>	SM	1
合 計		7

島根県における結核菌の Variable Number of Tandem Repeats (VNTR) の 試験結果 (2022 年度)

林宏樹・川瀬遵・村上佳子・川上優太・野村亮二・和田美江子

1. はじめに

当所では結核の感染源や感染経路の究明を行うため、2012年度から「島根県結核菌分子疫学調査事業実施要領」に基づき、Variable Number of Tandem Repeats 法 (以下 VNTR 法) による結核菌分子疫学解析を実施している。2018年度の要領改訂により島根県内で登録された結核患者のうち、結核菌が分離された全ての患者が調査対象者となり、島根県内の結核菌遺伝子タイピング情報のデータベース構築が可能となった。2022年度に当所で実施した VNTR 検査の結果について報告する。

2. 検体および方法

2.1 検体

検体は保健所から依頼のあった53株を対象とした。小川培地又はMGIT液体培地に培養された結核菌からDNAを熱抽出 (95°C、10分) したものを使用した。

2.2 検査方法

VNTR法分析は前田らの方法¹⁾に従い、JATA (12) -VNTR分析法の12領域 (Mtub04、MIRU10、Mtub21、Mtub24、QUB11b、VNTR2372、MIRU26、QUB15、MIRU31、QUB3336、QUB26、QUB4156) で分析し、必要に応じて JATA (15) 3領域 (QUB18、QUB11a、ETR-A)、超可変 (hypervariable : HV) 3領域 (QUB-3232、VNTR3820、VNTR4120)、国際比較6領域 (Mtub39、MIRU40、MIRU04、Mtub30、MIRU16、ETR-C) を分析した。

2.3 系統分類解析

瀬戸らの報告²⁾に従い、VNTRパターンデータから非北京型株、北京型祖先型株 (ST11/26、STK、ST3、ST25/19)、北京型新興型株に系統分類を推定した。

3. 結果

3.1 VNTR反復数

検査した53菌株のうち、解析した12領域で反復数が完全一致であったものは13組33株あり、そのうち24領域で反復数が完全に一致したものは、No.22-4とNo.19-32、No.22-15とNo.17-5、No.22-22とNo.19-37、No.22-38とNo.18-15の4組8株、1領域違いでの一致は、No.22-22とNo.16-8、No.22-19とNo.22-30、No.22-27とNo.22-49の3組6株であった (表1)。

3.2 系統分類

VNTRパターンによる系統推定の結果については、北京型祖先型株が27株 (50.9%)、非北京株が15株 (28.3%)、北京型新興型株が11株 (20.8%) であった。また北京型祖先型株の内訳は、図1のとおりであり、ST25/19、STK及びST3の順に多く分離され、ST11/26は分離されなかった。

4. 考察

今回、24領域で反復数が完全に一致したNo. 22-4とNo. 19-32の例は同じ保健所管内の患者由来株であったが、患者に関する疫学情報は得られなかったため、関連性を示すには至らなかった。

系統解析では非北京型の割合が28.3%、北京型の割合が71.7%であり、全国での報告²⁾とほぼ同様の傾向であった。一方、当県における北京型新興型株の割合は2018~2021年度と比べて増加した (表2)。北京型新興型株は北京型結核菌の中でも若年層に多く、感染伝播性及び病原性が高いことが示唆されている。当県では、高齢者の内因性再燃による北京型祖先型株の分離が主であるが、他の遺伝系統のまん延について、今後も継続的に監視していく必要がある。

2022年の島根県の結核罹患率是对10万人で10.2であった (全国:8.2)³⁾。VNTR解析データは疫学調査による患者間の関連性の科学的な裏付けや、新興型北京型株の動向把握、県内クラスターの解析等、有効な活用が期待できる。そのため今後も継続的な結核菌株の収集およびVNTR解析データの蓄積が重要となると考えられる。

5. 参考文献

- 1) 前田伸司 他 国内結核菌型別のための迅速・簡便な反復配列多型 (VNTR) 分析システム -JATA (12) -VNTR分析法の実際- 結核 83(10)2008 673-678
- 2) Seto J et al., Phylogenetic assignment of *Mycobacterium tuberculosis* Beijing clinical isolates in Japan by maximum a posteriori estimation. *Infect Genet Evol.* 2015 82-88.
- 3) 公益財団法人結核予防会結核研究所疫学情報センター

表1 VNTR反復数が完全一致又は1領域違いで一致した菌株とその数値

菌株	Mtub04	MIRU10	Mtub21	Mtub24	QUB11b	V2372	MIRU26	QUB15	MIRU31	QUB3336	QUB26	QUB4156
22-4	2	2	3	3	5	4	4	4	3	8	8	4
19-32	2	2	3	3	5	4	4	4	3	8	8	4
22-15	2	3	4	3	6	3	8	4	5	7	8	3
17-5	2	3	4	3	6	3	8	4	5	7	8	3
22-22	4	3	3	2	7	3	7	4	5	7	10	5
19-37	4	3	3	2	7	3	7	4	5	7	10	5
22-38	2	5	2	1	2	4	1	2	3	13	8	4
18-15	2	5	2	1	2	4	1	2	3	13	8	4
22-22	4	3	3	2	7	3	7	4	5	7	10	5
16-8	4	3	3	2	7	3	7	4	5	7	10	5
22-19	2	3	1	3	3	2	5	4	3	12	5	3
22-30	2	3	1	3	3	2	5	4	3	12	5	3
22-27	3	3	3	4	7	3	7	5	5	7	2	5
22-49	3	3	3	4	7	3	7	5	5	7	2	5
菌株	QUB18	QUB11a	ETR-A	QUB3232	V3820	V4120	Mtub39	MIRU40	MIRU04	Mtub30	MIRU16	ETR-C
22-4	6	5	3	6	3	4	3	3	2	4	3	3
19-32	6	5	3	6	3	4	3	3	2	4	3	3
22-15	8	8	4	UT(>20)	14	10	3	3	2	4	3	4
17-5	8	8	4	UT(>20)	14	10	3	3	2	4	3	4
22-22	10	5	4	15	12	8	3	3	2	4	3	4
19-37	10	5	4	15	12	8	3	3	2	4	3	4
22-38	7	7	3and4	5	8	3	3	2	1	4	1	4
18-15	7	7	3	5	8	3	3	2	1	4	1	4
22-22	10	5	4	15	12	8	3	3	2	4	3	4
16-8	10	5	4	15	12	9	3	3	2	4	3	4
22-19	5	2	3	5	5	2	5	1	2	2	3	4
22-30	5	2	3	5	5	2	5	1	1	2	3	4
22-27	10	8	4	9	12	11	3	3	2	4	4	4
22-49	10	8	4	9	12	9	3	3	2	4	4	4

図1 2022年度分離株系統分類解析結果

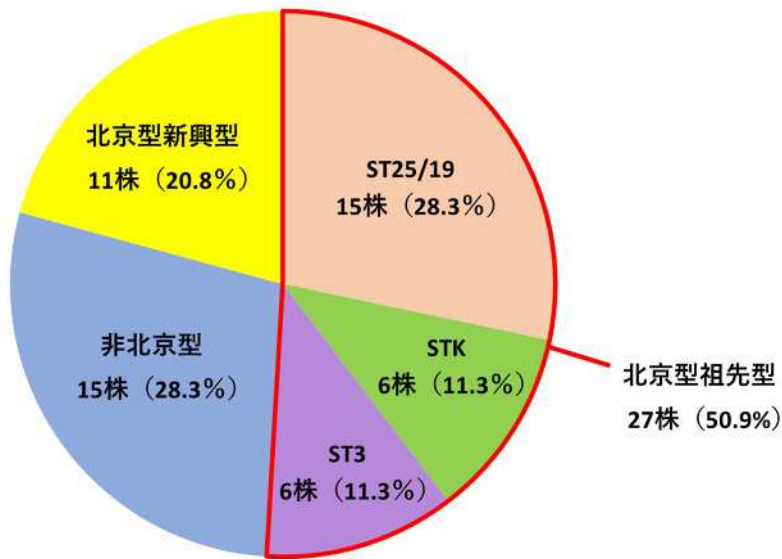


表2 2022年度と2018-2021年度における患者年齢別推定遺伝系統

2022年度								2018-2021年度								
年齢	非北京型	北京型					合計	年齢	非北京型	北京型					分類不能	合計
		祖先型			ST25/19	新興型				祖先型			ST25/19	新興型		
		ST11/26	STK	ST3						ST11/26	STK	ST3				
≦39	1	0	1	0	1	0	3	≦39	1	0	1	1	3	1	0	7
40-59	4	0	0	1	0	2	7	40-59	11	1	1	1	1	1	0	16
60-79	1	0	0	0	5	3	9	60-79	14	0	3	9	8	4	1	39
≧80	9	0	5	5	9	6	34	≧80	14	5	12	12	9	7	0	59
計	15	0	6	6	15	11	53	計	40	6	17	23	21	13	1	121

島根県におけるカルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE) の解析結果 (2022 年度)

川上 優太・川瀬 遵・林 宏樹・野村 亮二・村上 佳子・和田 美江子

1. はじめに

感染症法 5 類全数把握対象疾患であるカルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (carbapenem-resistant Enterobacteriaceae: CRE) 感染症は、2017 年 3 月 28 日発出の通知 (健感発 0328 第 4 号) により、症例の届出があった際には医療機関に対し病原体の提出を求め、保健環境科学研究所等で試験検査を実施し、結果を病原体検出情報システムにより報告することとなっている。

2022 年度に島根県内で CRE 感染症の届出のあった症例のうち、当所で菌株試験を実施した結果について概要を示す。

2. 材料

2022 年度の発生动向調査の届出数は 30 件で、昨年度 32 件より減少した。30 症例の平均年齢は 77.6 歳、男女比は男性 20 名 (66.7%) 女性 10 名 (33.3%) で、男性の罹患率が高く、昨年度と同様の傾向が見られた。

保健所別届出数は、出雲保健所が最も多く 21 件で、次いで松江保健所が 5 件、益田保健所が 4 件、雲南・隠岐・県央・浜田保健所については届出がなかった (図 1)。

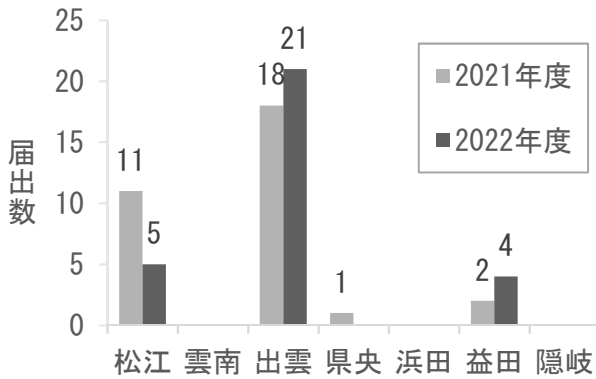


図 1 保健所別届出数

CRE 菌株が分離された検体 (複数箇所採取されたもの) が含まれる。合計: 34 検体) は、尿 (n=9, 30.0%), 喀痰 (n=6, 20.0%), 血液 (n=5, 16.7%), 腹水 (n=4, 13.3%), 膿 (n=4, 13.3%) の順に多かった (図 2)。

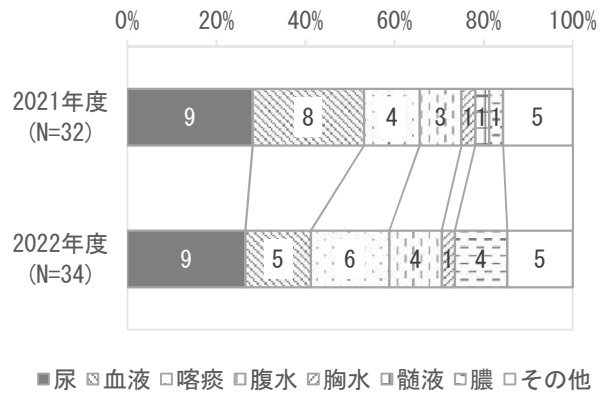


図 2 検体内訳

菌種は、*Klebsiella aerogenes* (2017 年に *Enterobacter aerogenes* の学名が変更された) (n=16, 53.3%) が最も多く、次いで *Enterobacter cloacae complex**1 (n=10, 33.3%)

(*1: *Enterobacter cloacae complex* は、*Enterobacter cloacae*, *Enterobacter asburiae*, *Enterobacter hormaechei*, *Enterobacter kobei*, *Enterobacter ludwigii*, *Enterobacter nimipressuralis*, および *Enterobacter xiangfangensis* の菌種を含む。) が多く、その他に *Morganella morganii* が 2 件、*Citrobacter braakii*, *Klebsiella oxytoca* がそれぞれ 1 株分離された (図 3)。*Klebsiella aerogenes* の比率が昨年度と同様に高かった。

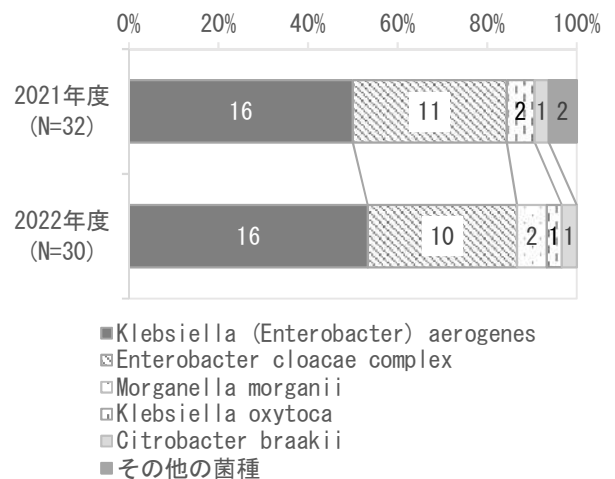


図 3 菌種内訳

3. 方法

発生動向調査で届出のあった 30 件のうち当所に提出があった 29 件 (うち 2 件は 2 株ずつ提出), 31 株について試験検査を実施した。菌株の試験検査は, 病原体検出マニュアルにより原則実施とされている PCR 法によるカルバペネマーゼ遺伝子検出 β -ラクタマーゼ及びカルバペネマーゼ産生性の確認試験を行った。

カルバペネマーゼ遺伝子検出は, 原則実施とされている IMP 型, NDM 型, KPC 型, OXA-48 型の 4 種について実施した。 β -ラクタマーゼ産生性の確認については, 病原体検出マニュアルの方法に従い, メタロ β -ラクタマーゼ阻害剤であるメルカプト酢酸ナトリウム、KPC 型カルバペネマーゼ及び AmpC β -ラクタマーゼ阻害剤である 3-アミノフェニルボロン酸を用いたディスク法による試験を行った。また, mCIM 法, Carba NP 法によりカル

バペネマーゼ産生性についても確認した。

4. 結果と考察

当所で試験を実施した 31 株について PCR 法による 4 種のカルバペネマーゼ遺伝子検査を行った結果, いずれも検出されなかった。3-アミノフェニルボロン酸を用いたディスク法で陽性となった株は 27 株, 残りの 4 株は陰性であった。また, mCIM 法, Carba NP 法については, 31 株すべてが陰性であった (下表)。

CRE 届出数は年々増加傾向にある。県内で分離され当所で検査を実施した株でも, カルバペネマーゼを産生する菌株が 2021 年に 1 件検出された。今後も国内型や海外型のカルバペネマーゼ産生菌の伝播状況を把握するため, 引き続き監視を行っていく必要がある。

表 各検査実施数と陽性数

	検査項目	検査実施株数 (株)	陽性数 (株)	陽性率 (%)
原則実施	遺伝子検査 (PCR 法)	IMP 型	31	0
		NDM 型	31	0
		KPC 型	31	0
		OXA-48 型	31	0
	表現型検査 (ディスク拡散法)	メタロ- β -ラクタマーゼ試験	31	0
		ボロン酸試験	31	27
推奨	表現型検査 (カルバペネマーゼ産生性)	mCIM 法	31	0
		Carba NP 法	30	0