

3・3 誌上発表論文抄録

熊本県におけるβ—ラクタム系薬剤耐性腸内細菌目細菌の保有状況調査 (2015年4月～2020年3月)

感染症学雑誌 Vol97, No5, p153~161. (2023)

八尋 俊輔^{*1}, 原田 誠也^{*2}, 小原 敦美^{*2}, 藺牟田直子^{*3}, 大岡唯祐^{*3}, 西順一郎^{*3}

^{*1}熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課, ^{*2}熊本県保健環境科学研究所,

^{*3}鹿児島大学大学院医歯学総合研究科微生物学分野

熊本県におけるβ—ラクタム系薬剤耐性腸内細菌目細菌 (β—lactam antibiotics-resistant *Enterobacterales*; BLARE) の腸管内保菌状況を把握するため, 2015年4月～2020年3月間に当所に搬入された糞便1,434検体から菌分離を試みたところ, 340検体(23.7%)から354株のBLAREが分離された。このうち343株(96.9%)は大腸菌であり, ESBL産生大腸菌が305株(86.2%)を占めた。さらに, その中の133株(43.6%)は世界的な拡散が報告されているパンデミック・クローン群の大腸菌O25b-ST131と判定されたことから, このクローン群の拡大が熊本県における薬剤耐性菌腸管内保菌率増加の一因であることが示唆された。

なお, 分離されたESBL産生菌はすべてCTX-M型遺伝子保有株であり, CTX-M-9 groupが210株(67.7%), CTX-M-1 groupが80株(25.8%), およびCTX-M1とCTX-M-9の両group保有株が13株(4.2%)などであった。

また, 分離株を検査対象施設の大まかな種類別に集計したところ, 乳幼児施設での分離率が35%を超え, 複数の施設でESBL産生大腸菌の水平伝播が確認されたことから, 乳幼児施設はBLAREのリザーバーの一つである可能性が高いと思われた。

Distribution of Human Sapovirus Strain Genotypes over the Last Four Decades in Japan: a Global Perspective

Jpn.J.Infect.Dis.: Volume 76 Issue 4 p255-258, (2023) .

Yen Hai Doan¹⁾, Yasutaka Yamashita²⁾, Hiroto Shinomiya²⁾, Takumi Motoya³⁾, Naomi Sakon⁴⁾, Rieko Suzuki⁵⁾, Hideaki Shimizu⁶⁾, Naoki Shigemoto⁷⁾, Seiya Harada⁸⁾, Shunsuke Yahiro⁸⁾, Kyoko Tomioka⁹⁾, Akie Sakagami¹⁰⁾, Yo Ueki¹⁰⁾, Rika Komagome¹¹⁾, Kyohei Saka¹²⁾, Reiko Okamoto-Nakagawa¹³⁾, Komei Shirabe¹³⁾, Fuminori Mizukoshi¹⁴⁾, Yono Arita¹⁵⁾, Kei Haga¹⁶⁾, Kazuhiko Katayama¹⁶⁾, Hirokazu Kimura¹⁷⁾, Masamichi Muramatsu¹⁸⁾, Tomoichiro Oka¹⁸⁾

1)Center for Emergency Preparedness and Response,

2)-17) Prefectural or City Institute of Public Health or University (2)Ehime Pref., 3)Ibaraki Pref., 4)Osaka Pref., 5)Kanagawa Pref., 6)Kanagawa Pref., 7)Kawasaki City. 8)Kumamoto Pref., 9)Saitama Pref., 10)Miyagi Pref., 11)Hokkaido Pref., 12)Aomori Pref., 13)Yamaguchi Pref., 14)Tochigi Pref., 15)Shizuoka Pref., 16)Kitasato Univ., 17)Gunma Paz Univ.,

18) National Institute of Infectious Diseases

Sapovirus (SaV) infections are a public health problem because they cause acute gastroenteritis in humans of all ages, both sporadically and as outbreaks. However, only a limited amount of SaV sequence information, especially whole-genome sequences for all the SaV genotypes, is publicly available. Therefore, in this study, we determined the full/near-full-length genomic sequences of 138 SaVs from the 2001 to 2015 seasons in 13 prefectures across Japan. The genogroup GI was predominant (67%, n = 92), followed by genogroups GII (18%, n = 25), GIV (9%, n = 12), and GV (6%, n = 9). Within the GI genogroup, four different genotypes were identified: GI.1 (n = 44), GI.2 (n = 40), GI.3 (n = 7), and GI.5 (n = 1). We then compared these Japanese SaV sequences with 3,119 publicly

available human SaV sequences collected from 49 countries over the last 46 years. The results indicated that GI.1, and GI.2 have been the predominant genotypes in Japan, as well as in other countries, over at least four decades. The 138 newly determined Japanese SaV sequences together with the currently available SaV sequences, could facilitate a better understanding of the evolutionary patterns of SaV genotypes.

Emergence of Novel Type C Botulism Strain in Household Outbreak, Japan

Emerging Infectious Diseases: Volume 29, Number 10, p2175-2177,(2023)

Rika Maeda¹⁾, Misato Mori¹⁾, Seiya Harada¹⁾, Ichiro Izu¹⁾, Takaaki Hirano¹⁾, Yukie Inoue¹⁾, Shunsuke Yahiro¹⁾, Hiromi Koyama²⁾

1) Kumamoto Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science

2) Northern Kumamoto Administrative Headquarters Kamoto Area Development Bureau, Yamaga, Japan

In 2021, an outbreak of food poisoning caused by *Clostridium botulinum* type C occurred in Kumamoto, Japan. Analysis of the isolated strain revealed that it possessed the bont/C gene and was slightly different from the reference bont/C gene. The risk for human infection with this new toxin type may be low.

アスベスト対策を目的とした解体等工事の立入検査における優先度設定手法の検討

クリーンテクノロジー Vol 33, No5, p.56(2023)

著者名 豊永悟史^{*1,2}, 古澤尚英^{*3,4}, 中島尚哉^{*2}, 山形卓^{*2}

^{*1}熊本県保健環境科学研究所, ^{*2}熊本県環境生活部環境局環境保全課, ^{*3}熊本県人吉保健所, ^{*4}熊本県宇城保健所

本研究では、施工業者への指導履歴にパレート分析を適用することで、立入の優先度を設定する手法を検討した。立入記録の指導項目を飛散リスクの高さで4段階に分類し、分類ごとにリスク係数を設定した。このリスク係数を施工業者別に集計したところ、集計値は施工業者間で30倍以上の違いが見られる結果となった。パレート分析の結果に基づき、施工業者をリスクの集計値が高い順にA～Cの3ランクに分類したところ、全体の約15%を占めるAランクの施工業者による飛散リスクが、飛散リスク全体の約50%を占めると推定された。以上のことから、これらの施工業者は、優先的な立入検査対象とすることが望ましいと考えられた。