

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、感染症発生动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(薬事衛生課)

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 36 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、14 株が非北京型、17 株が北京型 (祖先型)、4 株が北京型 (新興型) に分類された。1 株は分類不能であった。非北京型の 1 株と北京型 (祖先型) 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、北京型 (祖先型) の 1 株は 1 領域違いで一致した。

(2) 細菌性感染症の検査(薬事衛生課)

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やレプトスピラ感染症の遺伝子検査を実施した。令和 2 年度の腸管出血性大腸菌感染症の便検査は 96 件で、レプトスピラ感染症の遺伝子検査は 3 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 11 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。O157 については IS-printing と MLVA による遺伝子解析を 7 件実施した。O111 については MLVA による遺伝子解析を 1 件実施した。分離された株は、O157 : H7 (VT1, 2) 1 株、O157 : H7 (VT2) 6 株、O111 : H8 (VT1, 2) 2 株、O121 : H19 (VT2) 1 株、Og16 : Hg5 (VT2) 1 株である。レプトスピラ感染症の遺伝子検査の結果は陰性であった。

(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 2 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 (疑いも含む) と有症苦情 (表 2) 計 14 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 (薬事衛生課)

令和 2 年度に、当所では県東部の保健所 (松江、雲南、出雲及び隠岐保健所) で収去された食品 70 件 (魚介類 6 件、魚介類加工品 10 件、肉卵類加工品 1 件、穀類加工品 3 件、牛乳 2 件、そうざい 48 件) の細菌検査を実施した。そうざい 1 件が弁当及びそうざいの衛生規範 (細菌数) に定める基準に不適合で

あった。

(5) 感染症発生动向調査事業 (薬事衛生課)

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検査を行った。

(6) カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) の検査

県内で届出のあった CRE 感染症の分離株 33 株及び医療機関から依頼のあった 2 株について、カルバペネマーゼの遺伝子検出及び阻害剤を用いた β -ラクタマーゼ産生性の確認試験を行った。その結果、検査を実施した CRE36 株は、いずれもカルバペネマーゼ遺伝子は検出されなかった。

(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*に関する研究

C. ulcerans 感染症は人獣共通感染症であり、ジフテリアに酷似した症状を引き起こす。国内ではネコやイヌからのヒトの感染例が報告されているが、島根県内でも 2017 年以降 *C. ulcerans* 感染症が確認されるようになったため、動物の保菌調査や分子疫学解析、さらに選択分離培地やリアルタイム PCR 法の開発を行った。動物の保菌調査については、ネコの他にアライグマやアナグマから本菌が分離され、野生動物においても本菌の感染が確認された。選択分離培地については、*Corynebacterium diphtheriae* 用培地として報告されている Hoyle' s 培地に改良を加えることで、本菌の選択分離培地として活用できる可能性を示した。リアルタイム PCR 法については、*C. ulcerans* と *C. pseudotuberculosis* の識別とジフテリア毒素遺伝子の検出を one-tube で実施できる迅速検査法を開発した。今後、開発した検査法を動物の保菌調査やヒトの感染症の診断に応用する予定である。

表1. 令和2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2年 10月 19日	出雲	5	飲食店	飲食店の食事	不明
2	令和3年 1月 20日	県外	2	飲食店	飲食店の食事	カンピロバクター

表2. 令和2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2年 6月 18日	松江	5	飲食店での下痢症事例	不明
2	6月 19日	松江	2	飲食店での下痢症事例	ノロウイルス
3	7月 26日	県外	3	飲食店での下痢症事例	不明
4	8月 1日	松江	2	飲食店での下痢症事例	不明
5	8月 25日	出雲	3	飲食店での下痢症事例	カンピロバクター
6	9月 25日	松江	1	飲食店での下痢症事例	不明
7	11月 1日	松江	4	飲食店での下痢症事例	不明
8	12月 1日	松江	3	飲食店での下痢症事例	ノロウイルス
9	令和3年 2月 13日	松江	3	飲食店での下痢症事例	不明
10	3月 2日	県外	3	飲食店での下痢症事例	ノロウイルス
11	3月 11日	松江	4	飲食店での下痢症事例	不明
12	3月 18日	松江	2	飲食店での下痢症事例	カンピロバクター

島根県で分離された *Salmonella* の血清型と年度別推移 (2020 年度)

林宏樹・小谷麻祐子・酒井智健・川上優太・川瀬遵・和田美江子

1. はじめに

厚生労働省による感染症発生動向調査や食中毒の全国統計によると、近年、*Salmonella* 感染症の発生は全国的に減少しており、島根県においても減少傾向にある。

しかし、*Salmonella* 感染症は食生活の変化や海外との人の往来、さらに輸入食品の増加、外来生物のペット化などの影響を受けて、依然として監視すべき感染症と位置づけられる。当所では 1976 年以来 *Salmonella* 感染症の実態を継続調査しており、2020 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 17 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* による集団食中毒の発生は認められなかった。患者及び健康保菌者からの検出月別分離株数は、2020 年 4 月に 1 株、5 月に 1 株、6 月に 1 株、7 月に 3 株、8 月に 3 株、9 月に 3 株、10 月に 2 株、2021 年 1 月に 1 株、2 月に 1 株、3 月に 1 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* で 9 株 (52.9%)、次いで *S. Paratyphi B* が 2 株 (11.7%) であり、型別不明株が 1 株 (5.8%) であった (表 2)。

3.3 薬剤感受性

分離された 17 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 15 株、2 剤耐性が 1 株、4 剤耐性が 1 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 (2020 年 4 月～2021 年 3 月)

O 抗原群	血清型	2020 年										2021 年			合計	
		4	5	6	7	8	9	10	11	12	1	2	3			
O4	<i>S. Paratyphi B</i>													1	1	2
	<i>S. Brandenburg</i>						1									1
	<i>S. Typhimurium</i>							1								1
O7	<i>S. Thompson</i>	1	1	1	2	3	1									9
	<i>S. Choleraesuis</i>												1			1
	<i>S. spp. (不明)</i>							1								1
O16	<i>S. Gaminara</i>				1											1
O6,8	<i>S. Blockley</i>						1									1
	合計	1	1	1	3	3	3	2	0	0	1	1	1	1	1	17

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 (2010年度～2020年度)

O抗原群	血清型	2010	2011	2012	2013	2014	2015	2016	2017	2018	2019	2020	合計	
O4	<i>S. Paratyphi B</i>	1			1							2	4	
	<i>S. Stanley</i>		1		1	2		1	2		3		10	
	<i>S. Schwarzengrund</i>	2	4	3	3	2		6	7	3	5		35	
	<i>S. Saintpaul</i>		3	2	1	5			6	4			21	
	<i>S. Derby</i>			2									2	
	<i>S. Agona</i>							1	4				5	
	<i>S. Typhimurium</i>	2		3					1			1	7	
	<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>	14	2		1				1	1	1			20
<i>S. spp.</i>					2					1	1		4	
O7	<i>S. Oslo</i>					1							1	
	<i>S. ParatyphiC</i>			1									1	
	<i>S. Livingstone</i>			1									1	
	<i>S. Braenderup</i>			3	5		3			1	1		13	
	<i>S. Rissen</i>		2		1								3	
	<i>S. Montevideo</i>		1										1	
	<i>S. Thompson</i>	3	8	6	6	3		2	5	2	9	9	53	
	<i>S. Daytona</i>			1									1	
	<i>S. Irumu</i>	1											1	
	<i>S. Potsdam</i>	2				1			1				4	
	<i>S. Infantis</i>	6	6	3	3				1	1	3		23	
	<i>S. Bareilly</i>		1	2	9	1					1		14	
	<i>S. Mikawasima</i>		1								1		2	
	<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. spp.</i>											1	1	2	
O8	<i>S. Narashino</i>	1		2									3	
	<i>S. Narashino/II</i>					2		1	1		1		5	
	<i>S. Yovokome/Manhattan</i>		2	1	1								4	
	<i>S. Manhattan</i>							2			2		4	
	<i>S. Bardo/Newport</i>		2	1									3	
	<i>S. Newport</i>							1			2		3	
	<i>S. Kottbus</i>			1									1	
	<i>S. Blockley</i>				1			3			1		5	
	<i>S. Pakistan/Litchfield</i>	1											1	
	<i>S. Litchfield</i>									1			1	
	<i>S. Goldcoast</i>					1				1			2	
	<i>S. Corvallis</i>				5	1						3	9	
	<i>S. Istanbul/Hadar</i>	1	2										3	
<i>S. spp.</i>	3											3		
O9	<i>S. Typhi</i>						1						1	
	<i>S. Enteritidis</i>	3	1		2		1		4	1			12	
	<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. Havana</i>		1										1	
	<i>S. spp.</i>			1						1			2	
O16	<i>S. Hvitvingfoss/II</i>	1	1										2	
	<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			1		3	
	<i>S. spp.</i>					1			5				6	
O6,8	<i>S. Blockley</i>											1	1	
	<i>S. spp.</i>									1			1	
UT			1	2						1	1		5	
	合計	41	40	38	47	23	5	32	40	27	37	17	347	

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. Choleraesuis</i>	SM、TC	1
<i>S. Blockley</i>	KM、CP、SM、TC	1
合 計		2

島根県における結核菌の Variable Number of Tandem Repeats (VNTR) の 試験結果 (2020 年度)

酒井智健・川瀬遵・川上優太・林宏樹・小谷麻祐子・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。2020 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36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°C10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 (QUB-18、QUB-11a、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、祖先型北京型株 (ST11/26、STK、ST3、ST25/19)、新興型北京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36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10組20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. 20-6とNo. 18-9、No. 20-34とNo. 19-38の2組4株、1領域以内で一致はNo. 20-14とNo. 18-19の1組2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、祖先型北京株が17株 (47.2%)、非北京株が14株 (38.9%)、新興型北京株が4株 (11.1%)、分類不能が1株 (2.8%) であった。また祖先型北京株の内訳は、図1のとおりであり ST25/19、STK、ST3、ST11/26の順に多く分離された。

4. 考察

今回、24領域で反復数が完全に一致したNo. 20-6とNo. 18-9の例は同じ保健所管内の患者由来株、No. 20-34とNo. 19-38は近接した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38.9%、北京型の割合が58.3%であり、全国での報告²⁾ とほぼ同様の傾向であった。当県における新興型北京株の割合は2018~2019年度と比べて増加はしていないが (表2)、新興型北京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から、継続的に監視していく必要がある。また、40~59歳における非北京型が占める割合が2018~2019年度の合計では半数を超えており、2020年度も同様の傾向が確認された。この原因については今後データの蓄積によって明らかにしていきたい。

2020年の島根県の結核罹患率是对10万人で9.8と全国の10.1と同程度であり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反復数の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
20-6	5	2	3	3	8	3	7	4	5	8	8	5
18-9	5	2	3	3	8	3	7	4	5	8	8	5
20-34	1	4	9	3	9	1	2	4	4	7	7	2
19-38	1	4	9	3	9	1	2	4	4	7	7	2
20-14	4	3	3	2	UT	3	7	4	5	7	10	5
18-19	4	3	3	2	UT	3	7	4	5	7	10	5
菌株	QUB18	QUB11a	ETR-A	QUB3232	V3820	V4120	Mtub39	MIRU40	MIRU04	Mtub30	MIRU16	ETR-C
20-6	10	6	4	UT(>15)	UT(>15)	UT(>15)	3	3	2	4	3	4
18-9	10	6	4	UT(>15)	UT(>15)	UT(>15)	3	3	2	4	3	4
20-34	8	11	4	1	11	4	2	2	UT(>4)	2	3	2
19-38	8	11	4	1	11	4	2	2	UT(>4)	2	3	2
20-14	11	UT	4and5	15	13	8	3	3	2	4	3	4
18-19	11	UT	4and5	15	13	8	2	3	2	4	3	4

図1 2020年度分離株系統分類解析結果

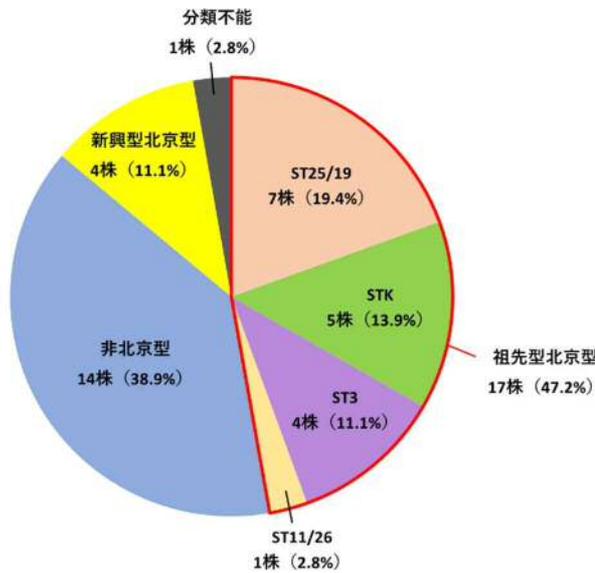


表2 2020年度と2018-2019年度における患者年齢別推定遺伝系統

2020年度								2018-2019年度								
年齢	北京型						分類不能	合計	年齢	北京型						合計
	非北京型	祖先型				新興型				非北京型	祖先型				新興型	
		ST11/26	STK	ST3	ST25/19						ST11/26	STK	ST3	ST25/19		
≤39	1	0	0	0	1	0	0	2	≤39	0	0	1	1	1	1	4
40-59	4	0	0	0	1	0	0	5	40-59	6	1	1	1	0	1	10
60-79	4	0	1	1	2	2	1	11	60-79	8	0	2	8	6	2	26
≥80	5	1	4	3	3	2	0	18	≥80	7	3	5	7	4	4	30
計	14	1	5	4	7	4	1	36	計	21	4	9	17	11	8	70

島根県におけるカルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) の解析結果 (2020 年度)

川上優太・川瀬 遵・酒井 智健・小谷 麻祐子・林 宏樹・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科細菌 (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。

2020 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

2020 年度の発生動向調査の届出数は 34 件で、昨年度 37 件より減少した。34 症例の平均年齢は 76.6 歳、男女比は男性 20 名 (58.8%) 女性 14 名 (41.2%) で、男性の罹患率が高かった。

保健所別届出数は、出雲保健所が最も多く 18 件で、次いで松江保健所が 8 件、益田保健所が 7 件、雲南保健所が 1 件であり、県央・浜田・隠岐保健所については届出がなかった (図 1)。

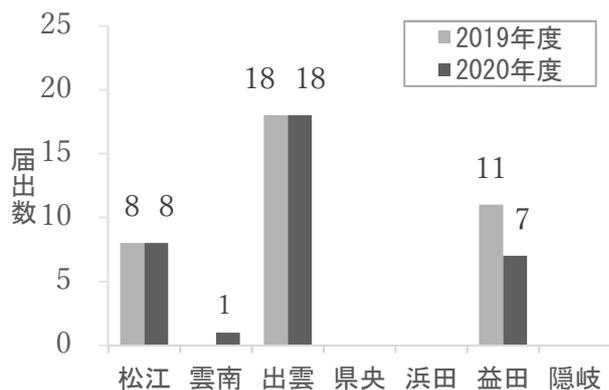
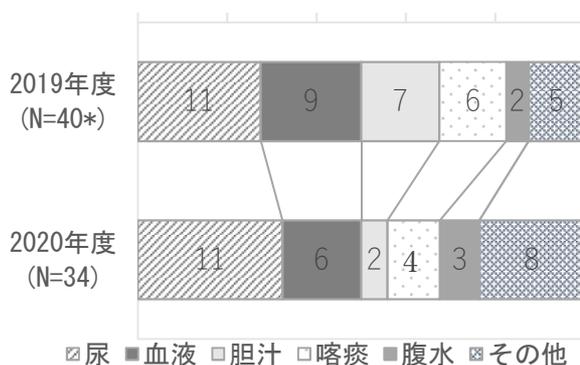


図 1 保健所別届出数

CRE 菌株が分離された検体は、尿 (n=11, 32.4%)、血液 (n=6, 17.6%)、喀痰 (n=4, 11.8%)、腹水 (n=3, 8.8%)、胆汁 (n=2, 5.9%) の順に多く、昨年度と同様の傾向が見られた (図 2)。

0% 20% 40% 60% 80% 100%



(*複数検体から分離されたため届出数と異なる)

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=23, 67.6%) が最も多く、次いで *Enterobacter cloacae* complex* (n=6, 17.6%) (**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 *Klebsiella oxytoca* が 3 株、*Citrobacter brakii*, *Serratia marcescens* 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。

0% 20% 40% 60% 80% 100%

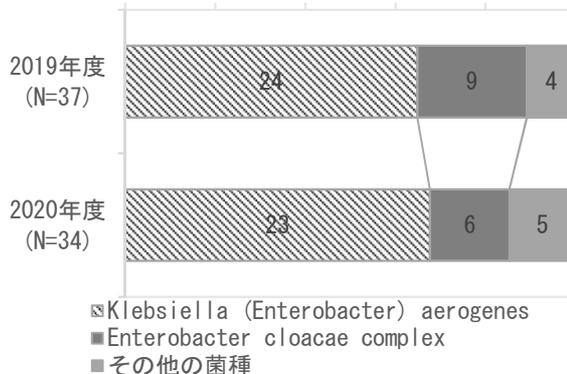


図 3 菌種内訳

3. 方法

発生動向調査で届出のあった 34 件のうち、菌株が収集

できた 33 株について試験検査を実施した。菌株の試験検査は、通知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及び阻害剤を用いたディスク拡散法による β -ラクタマーゼ産生性の確認を行った。

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、 β -ラクタマーゼ産生性の確認については、通知の方法に従い、メルカプト酢酸ナトリウムには、セフトジジム (CAZ)・メロペネム (MPM)、ボロン酸には、セフトジジム (CAZ)・メロペネム (MPM) を用いて実施した。また、推奨された検査である mCIM 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 33 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。ディスク拡散法による β -ラクタマーゼ産生性の確認試験ではボロン酸を用いた検査で陽性となった株は 20 株、残りの 13 株は陰性であった。また mCIM 法によるカルバペネマーゼ産生性の確認試験についても、31 株が陰性、2 株が判定保留であった (下表)。

CRE 届出数は年々増加傾向にあるが、今のところ県内で分離され当所で検査を実施した株については、カルバペネマーゼを産生する菌株は検出されていない。しかしながら、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	陽性数	陽性率 (%)	
原則実施	IMP 型	33	0	0	
	遺伝子検査 (PCR 法)	NDM 型	33	0	0
		KPC 型	33	0	0
		OXA-48 型	33	0	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	33	0	0	
	ボロン酸試験	33	20	60.6	
推奨	表現型検査	mCIM 法	33	0 *1	0

*1 判定保留が 2 検体 (5.9%)

Phylogeny, Prevalence, and Shiga Toxin (Stx) Production of Clinical *Escherichia coli* O157 Clade 2 Strains Isolated in Shimane Prefecture, Japan

Jun Kawase¹⁾, Shinichiro Hirai²⁾, Eiji Yokoyama³⁾, Fumi Hayashi¹⁾, Morito Kurosaki¹⁾, Yuta Kawakami¹⁾, Aiko Fukuma¹⁾, Tomotake Sakai¹⁾, Mayuko Kotani¹⁾ & Hiroshi Asakura⁴⁾

1) 島根県保健環境科学研究所, 2) 国立感染症研究所, 3) 千葉県衛生研究所, 4) 国立医薬品食品衛生研究所

Current Microbiology, volume 78, pages265–273 (2021)

This study investigated the genetic and pathogenic variation of the subgroups of clade 2 strains of Shiga toxin (Stx)-producing *Escherichia coli* (STEC) O157. A total of 111 strains of STEC O157 isolated in Shimane prefecture, Japan, were classified in clade 2 (n = 39), clade 3 (n = 16), clade 4/5 (n = 3), clade 7 (n = 14), clade 8 (n = 17), and clade 12 (n = 22) by single-nucleotide polymorphism analysis and lineage-specific polymorphism assay⁶. These results showed a distinct difference from our previous study in which clade 3 strains were the most prevalent strains in three other prefectures in Japan, indicating that the clade distribution of O157 strains was different in different geographic areas in Japan. Phylogenetic analysis using insertion sequence (IS) *629* distribution data showed that clade 2 strains formed two clusters, designated 2a and 2b. Stx₂ production by cluster 2b strains was significantly higher than by cluster 2a strains ($P < 0.01$). In addition, population genetic analysis of the clade 2 strains showed significant linkage disequilibrium in the IS*629* distribution of the strains in clusters 2a and 2b ($P < 0.05$). The D_{PT} values calculated using the IS*629* distribution data indicated that strains in clusters 2a and 2b were genetically different ($P < 0.001$). Cluster 2b strains are a highly pathogenic phylogenetic group and their geographic spread may be a serious public health concern.