

他誌掲載論文(2017年10月～2018年9月)

(1) 広島県東広島市内での麻疹集団発生事案について (谷本陽子*¹, 尾崎 誠*¹, 河端邦夫*¹, 桑原正雄*¹, 藤本準子*², 坂本慰子*², 岸本益実*², 田淵文子*³, 池田周平, 谷澤由枝, 島津幸枝, 重本直樹, IASR, 39, 53-54, 2018)

2017年2月8日, 広島県東広島市内の医療機関から広島県西部東保健所に, インドネシアからの帰国者が麻疹を発症している旨, 届出があり, その後, 東広島市内の保育園園児およびその家族を中心に感染が拡大し, 11名の患者が発生した. 本事案の概要および対応等について報告する. 初発患者に続いて発生した10名は, すべて保育園関係者(0歳児1名, 1歳児5名, 保護者4名)で, 同じ遺伝子型(D8型)であった. 事案発生時の, 予防接種歴については, 患者11名のうち, 未接種者8名, 1回接種者3名であった. 本事案では, 関係機関等の対応について様々な課題が浮き彫りとなった. しかし, 2例目以降, 保育園関係者以外から患者を発生させなかったこと, 小規模な集団発生で終息させたことは, 発生の早い段階から, 行政, 医療機関および関係施設等が連携し, 迅速な公表, 検査体制・緊急接種体制の整備等, 適切な対応を行った結果と考えられた.

*¹広島県感染症・疾病管理センター, *²広島県西部東厚生環境事務所・西部東保健所, *³広島県北部厚生環境事務所・北部保健所(前広島県感染症・疾病管理センター)

(2) Evaluation of Diagnostic Assay for Rickettsioses Using Duplex Real-Time PCR in Multiple Laboratories in Japan

(Fumihiko Kawamor*^{1,2}, Yukie Shimazu, Hiroko Sato*³, Naota Monma*⁴, Asaka Ikegaya*¹, Seigo Yamamoto*⁶, Hiromi Fujita*⁶, Yuji Morita*⁷, Yukiko Tamaki*⁸, Naoya Takamoto*², Hongru Su*², Masahiko Shimada*², Yuko Shimamura*², Shuichi Masuda*², Shuji Ando*⁹, Norio Ohashi*², Jpn J Infect Dis., 71 (4), 267-273, 2018)

Tsutsugamushi disease and Japanese spotted fever are representative rickettsioses in Japan, and are caused by infection with *Orientia tsutsugamushi* and *Rickettsia japonica*, respectively. For molecular-based diagnosis, conventional PCR assays, which independently amplify respective rickettsial DNA, are usually used; however, this approach is time-consuming. Here, we describe a new duplex real-time PCR assay for the simultaneous detection of *O. tsutsugamushi* and spotted fever group rickettsiae, and

its evaluation using several PCR conditions in 6 public health laboratories. The detection limit of the assay was estimated to be 102 copies and the sensitivity was almost identical to that of 3 conventional PCR methods. A total of 317 febrile patients were selected as clinically suspected or confirmed cases of rickettsioses. The detection efficiency of this assay for *O. tsutsugamushi* from blood or skin (eschar) specimens appeared to be almost the same as that of the conventional PCR method, even when performed in different laboratories, whereas the efficiency for spotted fever group rickettsiae tended to be higher than that of the 2 traditional double PCR assays. Our duplex real-time PCR is thus a powerful tool for the rapid diagnosis of rickettsioses, especially at the acute stage of infection.

*¹Shizuoka Institute of Environment and Hygiene, *²Department of Food and Nutritional Sciences, Graduate School of Integrated Pharmaceutical and Nutritional Sciences, University of Shizuoka, *³Akita Research Center for Public Health and Environment, *⁴Fukushima Institute for Public Health, *⁵Miyazaki Prefectural Institute for Public Health and Environment, *⁶Mahara Institute of Medical Acarology, *⁷Myojin Clinic, *⁸Tamaki Hospital, *⁹Department of Virology I, National Institute of Infectious Diseases

(3) 広島県におけるRSウイルス遺伝子型検出状況(2011～2017年)

(池田周平, 谷澤由枝, 島津幸枝, 重本直樹, 高尾信一, IASR, 39, 102-103, 2018)

2011～2017年における広島県で検出されたRSVの流行遺伝子型を明らかにしたので報告する. 過去7年間の変遷をみるとRSVのサブグループの割合は毎年変化しており, 2012年, 2015年及び2017年はRSV-Aが優勢で, 2016年はRSV-Bが優勢であった. 遺伝子型については, RSV-AではNA1とON1が検出された. NA1とON1の検出割合は, 2014年まではNA1が優勢であったが, 2015年にNA1が4件, ON1が8件と割合が逆転し, 2016年以降はNA1が検出されずON1に置き換わっており, ON1が優勢な遺伝子型となっていると思われる. RSV-Bについては, BA9とBA12が検出されている. それらの検出割合は総じてBA9が優勢となっており, この傾向はこれまでの報告と同様である. なお, 2016年は前述したようにRSV-Bが流行しており, そのうちBA9が9割を超えていた.

(4) 動物におけるβ-ラクタマーゼ産生大腸菌の分布状況調査

(増田加奈子, 平塚貴大, 高尾信一, 広島県獣医学会雑誌, 33, 71-75, 2018)

2016年4月から6月に牛, 鶏, 犬および猫におけるβ-ラクタマーゼ産生大腸菌の保有状況を調査した. β-ラクタマーゼ産生大腸菌は, 牛盲腸スワブの6.7%, 鶏盲腸スワブの65.4%から検出され, 犬および猫直腸スワブからは検出されなかった. 分離株のうち, 65.5%が*bla*_{CTX-M-2 group}, 27.3%が*bla*_{CTT}, 3.6%が*bla*_{CTX-M-1 group}, 3.6%が*bla*_{CTX-M-9 group}を保有していた. *bla*_{CTX-M-2 group}陽性株はすべて鶏から分離され, パルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)解析の結果, 同一農場の鶏から分離された株は一致あるいは類似していた. 本調査により, β-ラクタマーゼ産生大腸菌が農場内で伝播することにより, 飼育環境中に拡散していると考えられた. さらに, β-ラクタマーゼ産生大腸菌が鶏盲腸から高率に検出されたことから, 市販鶏肉においてもこれらのβ-ラクタマーゼ産生菌が高率に存在すると考えられ, 薬剤耐性菌感染症の観点からも, 食鳥処理場における適切な衛生対策や鶏肉の衛生的な取扱いに注意する必要がある.

(5) *Legionella pneumophila* and Other *Legionella* Species Isolated from Legionellosis Patients in Japan between 2008 and 2016

(Junko Amemura-Maekawa*¹, Fumiaki Kura*¹, Kyoko Chida*², Hitomi Ohya*³, Jun-ichi Kanatani*⁴, Junko Isobe*⁴, Shinobu Tanaka*⁵, Hiroshi Nakajima*⁶, Takahiro Hiratsuka, Shuji Yoshino*⁷, Miho Sakata*⁸, Miyo Murai*⁸, Makoto Ohnishi*¹, Working Group for *Legionella* in Japan, Appl Environ Microbiol 31; 84 (18) 2018)

The *Legionella* Reference Center in Japan collected 427 *Legionella* clinical isolates between 2008 and 2016, including 7 representative isolates from corresponding outbreaks. The collection included 419 *Legionella pneumophila* isolates, of which 372 belonged to

serogroup 1 (SG1) (87%) and the others belonged to SG2 to SG15 except for SG7 and SG11, and 8 isolates of other *Legionella* species (*Legionella bozeman*, *Legionella dumoffii*, *Legionella feeleii*, *Legionella longbeachae*, *Legionella londiniensis*, and *Legionella rubrilucens*). *L. pneumophila* isolates were genotyped by sequence-based typing (SBT) and represented 187 sequence types (STs), of which 126 occurred in a single isolate (index of discrimination of 0.984). These STs were analyzed using minimum spanning tree analysis, resulting in the formation of 18 groups. The pattern of overall ST distribution among *L. pneumophila* isolates was diverse. In particular, some STs were frequently isolated and were suggested to be related to the infection sources. The major STs were ST23 (35 isolates), ST120 (20 isolates), and ST138 (16 isolates). ST23 was the most prevalent and most causative ST for outbreaks in Japan and Europe. ST138 has been observed only in Japan, where it has caused small-scale outbreaks; 81% of those strains (13 isolates) were suspected or confirmed to infect humans through bath water sources. On the other hand, 11 ST23 strains (31%) and 5 ST120 strains (25%) were suspected or confirmed to infect humans through bath water. These findings suggest that some ST strains frequently cause legionellosis in Japan and are found under different environmental conditions.

*¹Department of Bacteriology I, National Institute of Infectious Diseases, *²Sendai City Institute of Public Health, *³Kanagawa Prefectural Institute of Public Health, *⁴Toyama Institute of Health, *⁵Kobe Institute of Health, *⁶Okayama Prefectural Institute for Environmental Science and Public Health, *⁷Miyazaki Prefectural Institute for Public Health and Environment, *⁸Department of Health Sciences, Saitama Prefectural University