

鳥取県病原微生物検出情報

(令和5年11月検出分；検体採取 令和5年10月～11月)

令和5年12月15日

鳥取県衛生環境研究所

1 流行性角結膜炎

臨床診断名が流行性角結膜炎の検体2件（検体採取10月上旬～10月下旬（検体番号 230056、230063））について検査を実施したところ、いずれもアデノウイルスが検出された。検出されたアデノウイルスはアデノウイルス37型が1件、アデノウイルス56型が1件であった。

国立感染症研究所の病原微生物検出情報（12月8日作成）によると、2023年における全国の流行性角結膜炎患者から分離・検出されたウイルスについては、アデノウイルス56型が最も多く、次いでアデノウイルス37型が報告されている。（図1）

* 各都道府県市の地方衛生研究所等からの分離／検出報告を図に示した

IASR

Infectious Agents Surveillance and Report

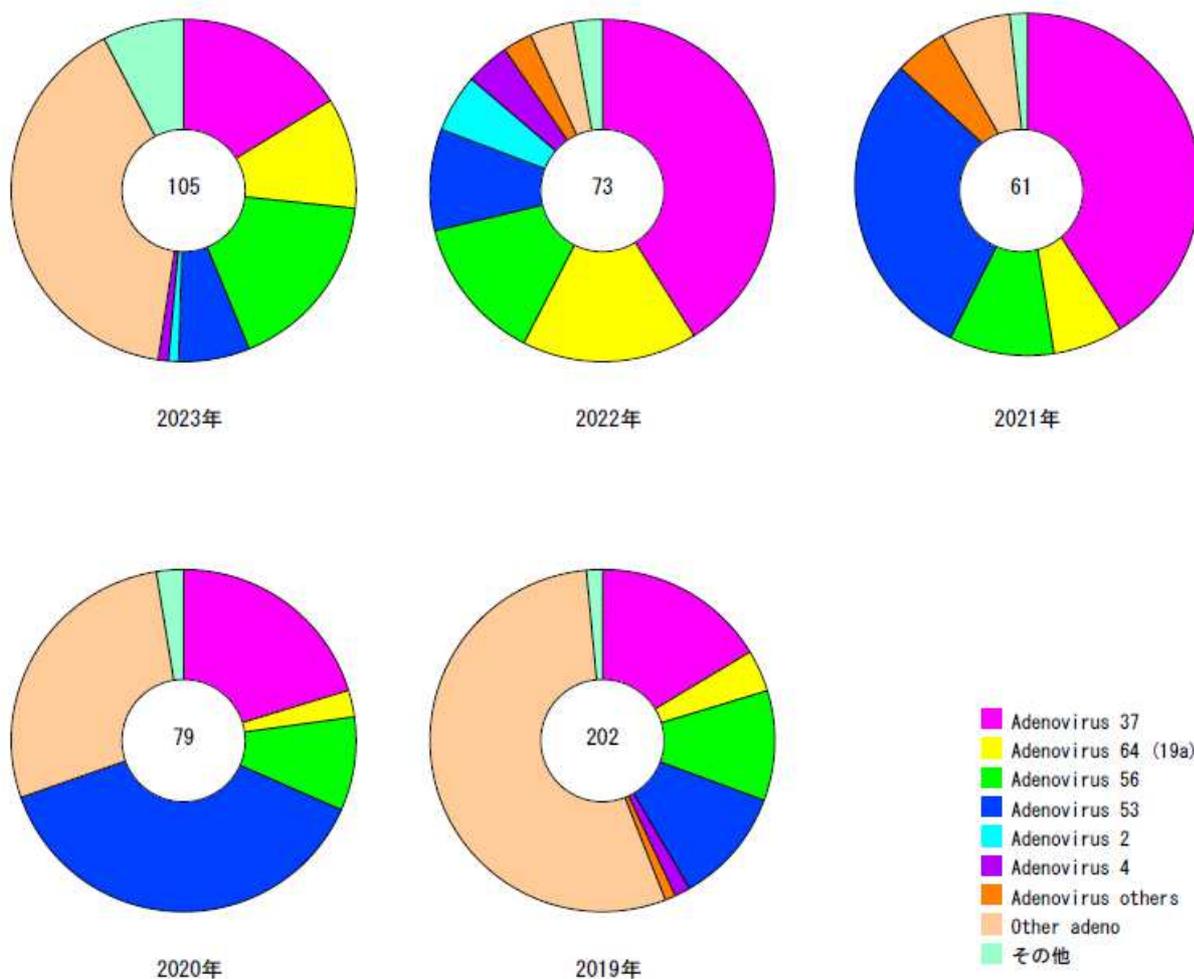


図1 流行性角結膜炎患者から分離・検出されたウイルス（2019年～2023年）

※円グラフの中の数字は年ごとの分離・検出報告の総数

2 感染性胃腸炎

臨床診断名が感染性胃腸炎の検体4件について検査を行ったところ、サポウイルスG I. 1型が2件、アデノウイルス（型別不明）が1件、エンテロトキシンA遺伝子（黄色ブドウ球菌）が1件検出された。（詳細は表1のとおり）

表1 感染性胃腸炎検査状況

検体番号	検体採取時期	ノロウイルス	サポウイルス	A群ロタウイルス	C群ロタウイルス	アデノウイルス	アストロウイルス	エンテロウイルス	エンテロトキシンA遺伝子 (黄色ブドウ球菌)
230057	10月上旬	(-)	検出 (G I. 1型)	(-)	(-)	検出 (型不明)	(-)	(-)	(-)
230058	10月上旬	(-)	検出 (G I. 1型)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
230060	10月中旬	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	検出
230061	10月中旬	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
検出計		0件	2件	0件	0件	1件	0件	0件	1件

(-) : 未検出

3 手足口病

臨床診断名が手足口病の検体2件（検体採取10月上旬～中旬（検体番号230059、230062））について検査を実施したところ、いずれもエンテロウイルスが検出された。検出されたエンテロウイルスは、エンテロウイルスA71型が1件、コクサッキーウイルスA6型が1件であった。

4 インフルエンザ

臨床診断名がインフルエンザの検体7件（検体採取11月上旬から11月下旬）について検査を実施したところ、インフルエンザAH3型が5件、インフルエンザA(N1H1)pdm09型が1件検出され、残り1件からインフルエンザウイルスは検出されなかった。（詳細は表2のとおり）

表2 2023/2024 シーズン鳥取県インフルエンザ検出情報

検体採取時期		検体採取場所	検出数	A型別、B系統別				備考
年	月日			A(H1N1)pdm09型	A H3型	B victoria	B 山形	
2023	9月11日	西部	1	1	0	0	0	
	10月6日	西部	4	0	4	0	0	
	11月6日	西部	3	1	2	0	0	
	11月9日	東部	1	0	1	0	0	
	11月27日	西部	2	0	2	0	0	
病原体定点PCR検査合計 (2023/9/4～現在)			11	2	9	0	0	

全国のインフルエンザ患者から分離・検出されたウイルスについては、国立感染症研究所の病原微生物検出情報（11月6日作成）によると、2023/24 シーズンはAH3型が最も多く検出されており、次いでA(H1)pdm09型が検出されている。（図2）

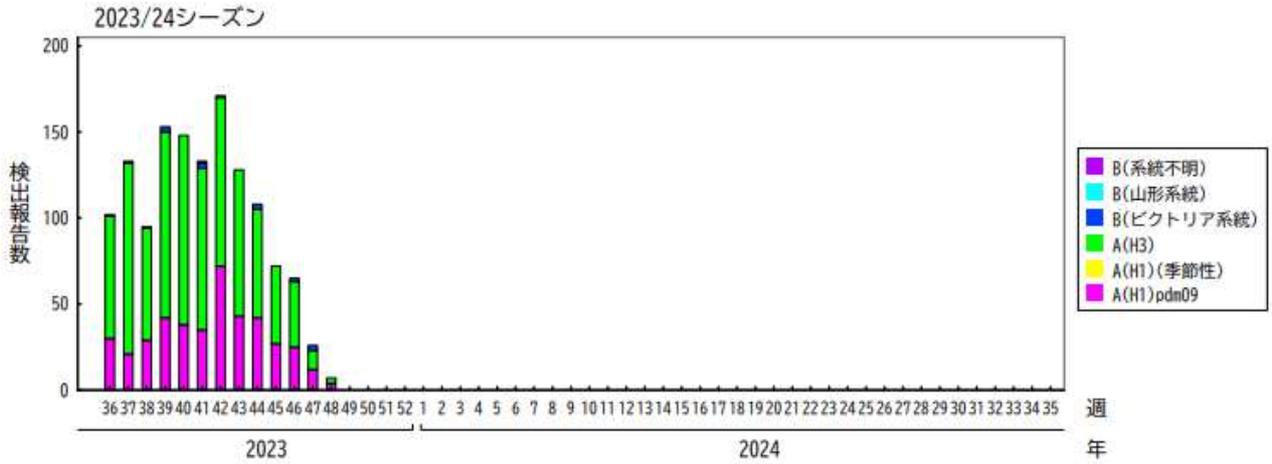


図2 週別インフルエンザウイルス分離・検出報告数（2023/24 シーズン）

5 カルバペネム耐性腸内細菌目細菌感染症

発生届のあった検体5件について検査を実施したところ、全て4つの遺伝子型（IMP型、NDM型、KPC型、OXA-48型）ではなかった。（詳細は表3のとおり）

表3 検査状況

検体情報		検体 受付日	総合判定			
発生届年月日	菌種		IMP型	NDM型	KPC型	OXA-48型
2023. 10. 11	<i>Klebsiella aerogenes</i> (尿及び血液から分離)	2023. 10. 17	(-)	(-)	(-)	(-)
2023. 11. 22	<i>Serratia marcescens</i> (尿から分離)	2023. 11. 22	(-)	(-)	(-)	(-)
2023. 11. 22	<i>Serratia marcescens</i> (喀痰から分離)	2023. 11. 22	(-)	(-)	(-)	(-)
2023. 11. 28	<i>Klebsiella aerogenes</i> (尿・血液から分離)	2023. 11. 28	(-)	(-)	(-)	(-)
2023. 11. 28	<i>Enterobacter cloacae</i> (尿から分離)	2023. 11. 28	(-)	(-)	(-)	(-)

(-) : 未検出

6 コリネバクテリウム・ウルセランス

行政検査として依頼のあったコリネバクテリウム・ウルセランス陽性の患者の菌株及び飼い猫（5匹）の検体について、ジフテリア毒素遺伝子検査及び、遺伝子解析を実施した。患者の菌株及び飼い猫3匹の検体から分離した菌からジフテリア毒素遺伝子が検出され、rpoB領域の遺伝子解析の結果全てコリネバクテリウム・ウルセランスと同定された。

患者及び飼い猫から分離されコリネバクテリウム・ウルセランスと同定された菌株について、NGSを用いたcgMLST解析^{※1}を実施し1,628の遺伝子座について塩基配列の差異の有無を確認した。

患者から分離された菌株（患者株）に対し飼い猫から分離された菌株は、初期解析では10から16の遺伝子座で塩基配列に差異が確認された^{※2}。（図4）

また、対照としてNCBI（National Center for Biotechnology Information）で公開されている国内での検出例（福岡県1例、千葉県1例）、海外での検出例（イギリス3例、ドイツ1例）についても同様にcgMLST解析を行ったところ、国内の検出例はいずれも患者株に対し101遺伝子座に差異があり、海外の検出例については、500～1,500遺伝子座の差異が確認された。

このことから、患者株に対し飼い猫から分離された菌株は対照とした国内外の検出例に比べ遺伝子座の差異が少なく、遺伝的に近いものと推定された。

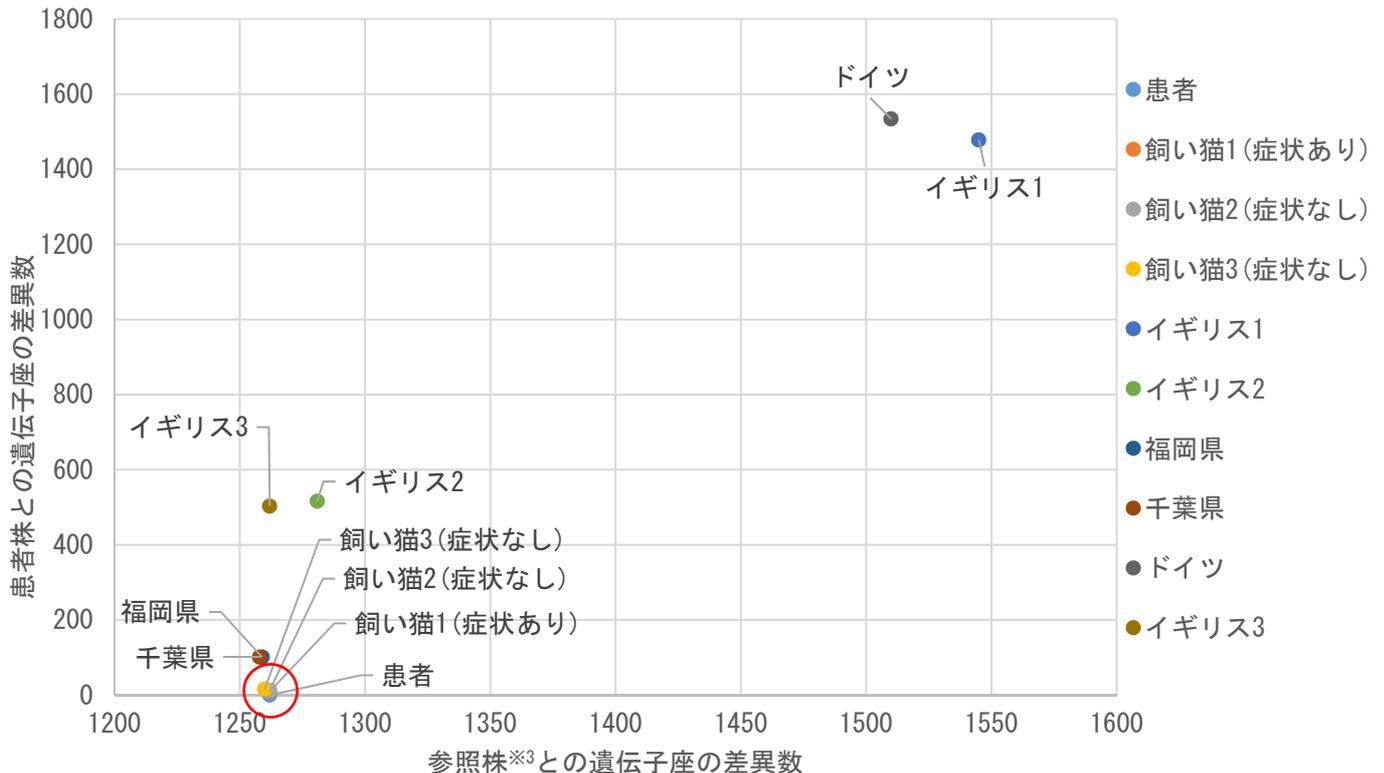


図4 飼い猫からの分離株及び国内外の検出株と患者株及び参照株との遺伝子座の差異数

※1 cgMLST解析 (core genome Multi-locus Sequence typing 解析) : 対象となる菌株において全ての菌株が有するゲノム領域 (core gene) について、配列多型解析である MLST を全ゲノムレベルに拡張したもの。

※2 解析に用いたパスツール研究所のゲノム解析サイトに本事例のゲノム情報は未登録のため一部解析未実施の領域がある。

※3 パスツール研究所のコリネバクテリウム・ウルセランスのcgMLST解析サイトにおける、core genome Sequence Typing No.1として登録された株 (strain 05146) を参照株とした。