

— 2. 感染対策サーベイランスにおける新しい取り組み—耐性菌時代の院内感染対策と 2DCM-web —

菌株	PIPC	GM	CPFX	
1	R	I	I	①
2	S	S	I	②③
3	S	I	R	②④
4	S	R	R	④
5	S	S	S	③

図6 感受性パターンの分類でひとつの株が複数のグループに含まれる例

S: 感性, I: 中間, R: 耐性

CLSIのSIRでは、SとI、IとRのブレイクポイントのMICの違いは2倍であり測定誤差範囲である。したがって、IはSかもしれないし、Rであるかもしれないため判断に用いることができない。MIC値の2倍の差、検査を行っていない薬剤も同様である。SとS、RとR、MIC値が等しければ一致、SとR、MIC値で4倍の違いは不一致であることだけが分類に利用できる。

菌株1はPIPCにRで他の菌株はSであるため、他のどの株とも別の株であると言ってよい。菌株2はGMにSであるためGMにRの菌株4とは別の株と言ってよい。菌株2と菌株3とはSとRの不一致がないため同じ株であるかもしれない。菌株2と菌株5とはSとRの不一致がないため同じ株であるかもしれない。菌株3と菌株4はSとRの不一致がないため同じ株であるかもしれない。菌株4はGMにRであるため菌株5とは別の株と言ってよい。したがって、菌株2は②グループの菌株3と同じ菌株かもしれない、同時に③グループの菌株5と同じ株であるかもしれない。菌株3は同時に、④グループの菌株4と同じグループであるかもしれない。

CLSI: Clinical and Laboratory Standards Institute, MIC: 最小発育阻止濃度

PIPC: ピペラシリン, GM: ゲンタマイシン, CPFX: シプロフロキサシン

(筆者作成)

合には分子疫学的方法とよく一致し、スクリーニングによい方法であるとされている^{8)~11)}。

微量液体希釈法などの2倍希釈系のMIC(最小発育阻止濃度)測定では、2倍の差、いわゆる1管の差は誤差範囲であり、1管の差を示した場合、結果は同じとも同じでないとも言えない。臨床の検査では、すべての株がすべて同じ抗菌薬に対する感受性を測定しているとは言えないため、検査をしていない薬

剤についても、検査をしていれば同じだったかもしれないし、同じでなかったかもしれない不定値として扱う必要がある。

不定値があるために分類が複雑になる(図6)。複雑な臨床データを論理的にもれなく手作業で分類することはほとんど不可能であるため自動的に行う方法を検討した。

検査が正しければ2つの株の感受性検査を比較して、すべての薬剤について、MICで4倍以上の違い、SIRでSとRの違いがひとつ

MIC(最小発育阻止濃度)

III 耐性菌サーベイランス

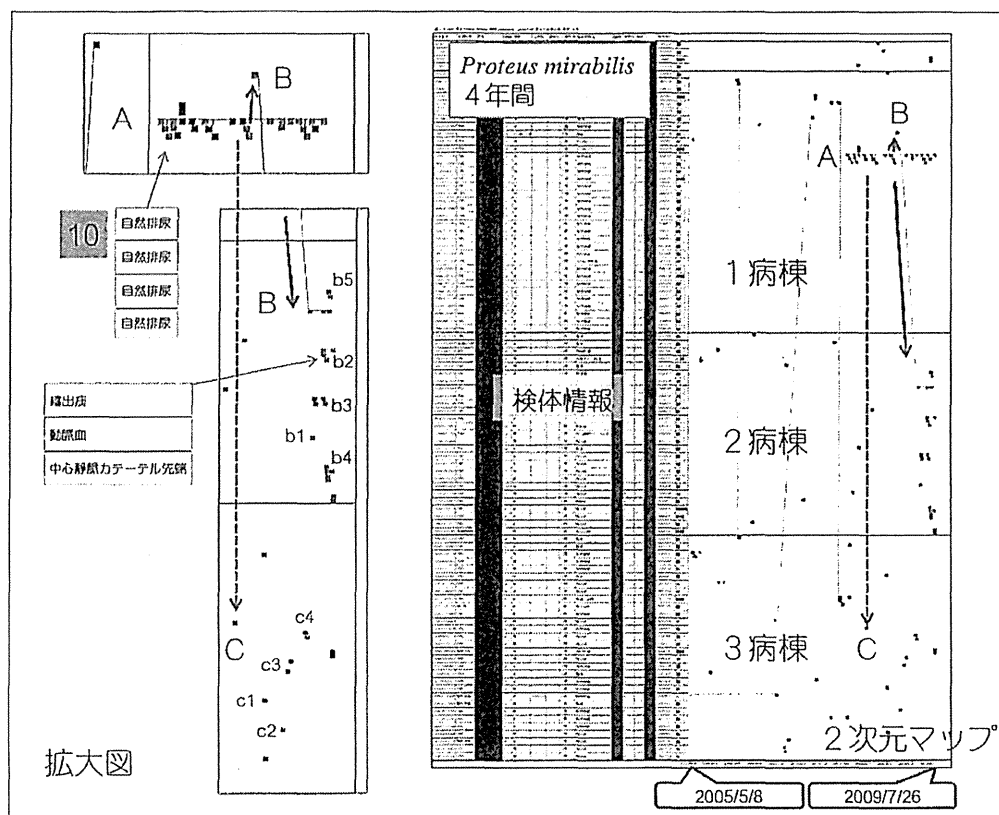


図7 2DCMの例

右側に2DCMの例を、左側に右側の図の部分拡大したものを示した。約4年間の*Proteus mirabilis*の分離を表示している。個々の四角はひとつの菌の分離に対応し、同じ患者からの分離菌は線で結ばれ、同じ病棟に居るあいだは水平に配置される。四角は感受性パターンのグループの番号が印され、対応するカラーコードで塗られる。

この施設では最初の2年程度は*Proteus mirabilis*の分離があるものの散発的で、特定の感受性パターンの分離も同じ患者から分離されたもの以外にはない。その後、1病棟の患者Aから10番のグループに分類される株がくり返し分離されるようになると、同じ10番に属する株が他の患者からも分離されるようになる。1病棟では患者Bが発端であり、その後、b1～b5の5名から同様の株が分離されている。患者Bは1病棟から2病棟に移動していることから、この患者が2病棟に持ち込んだ可能性がある。発端の患者Aでは検体はいずれも自然排泄であったが、b2では、動脈血、中心静脈カテーテル先端から分離されており、すでに感染症を発症していることがわかる。検体の情報はマップの左側の検体情報の表示領域に表示され、線で結ばれたその病棟での最初の分離株の高さを左側に追うと検体情報の最初の行にたどり着くように配置している。3病棟への侵入経路は不明であるが、患者Cが発端でその後、c1～c4に広がっている。本稿図3のΣ-alertは、この施設のものである。あわせて理解するとよい(原図はカラー)。

2DCM: Two-dimensional color-coded Carrier Mapping system

(筆者作成)

でもあれば別の表現型であると判断してよく、異なる株と判断してよい。一方、これらの違いがひとつもなければ異なる株であると

いう根拠はなく、同じ株である可能性が残る。しかし、MICで一致、SIR判定でS同士、R同士の一致がまったくない場合は同じ株で

— 2. 感染対策サーベイランスにおける新しい取り組み—耐性菌時代の院内感染対策と 2DCM-web—

あるというには根拠が不十分とも言える。そこで、2DCMでは、MICの一致、SまたはR同士の一一致の数が一定値（しきい値：0以上で比較対象となる薬剤数〔有効抗菌薬数〕までで設定。既存値は有効薬剤数の1/2）以上の場合にこれらの2つの株が同じ株であるという判断を行うようにしている。上記の不一致がひとつもなければ同じ株である可能性は否定できないため、しきい値には0をとることもできる。

3つ以上の株が同じ株かどうかを判断する

ためには、その3つ以上の株について総当たりでお互いに同じ株かどうか確認をして、すべてで同じ株という判断であれば、それら3つ以上の株も表現型上、同じ株であるという判断を行う。しかし、この組み合わせは100株でも10の30乗にもなり、スーパーコンピュータを用いても確認しきれない。お互いに同じ株と判断できる組み合わせだけを効率的に、論理的な落ちなく探す方法を見出し、これを応用した。さらに結果をわかりやすい図にする方法を工夫した。

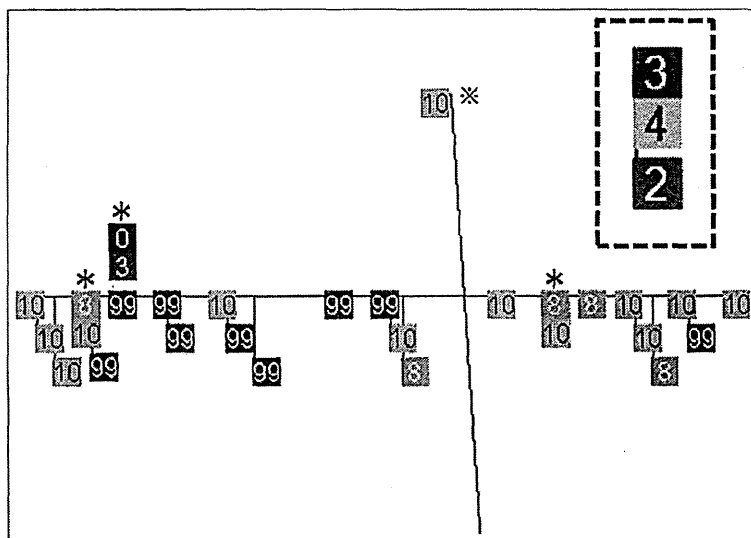


図8 2DCMの描画の詳細

ひとつの分離株がひとつのグループに分類されるときは、ひとつの四角として描画される。ひとつの株が複数のグループに分類されるときは複数の四角のかたまり（*の株が相当）として描画される。同じ患者からの検体に対応する四角は水平に配置され水平線で結ばれる。分離の日が近く、四角が重なる場合は、あとから検出された株を一段下に描画し、基線となる水平線から垂線が下ろされる。同じ日に提出された複数株は垂直に配置され、垂線で結ばれるが、かたまりとして描かれず、間に垂線が見える。右上点線囲み内の例では、グループ3と4に属する一株と、グループ2に属する別の一株が同じ日に分離されたことを示している。別の病棟・病室あるいは診療科などに患者が移動し、移動先で菌の分離があると病棟などの区切りをまたいで斜めの線で結ぶ（*の株が相当）。99のグループ番号は、感受性検査を行っていない株、感受性検査の結果があっても特定のグループに分類されなかった株に与えている（原図はカラー）。

2DCM : Two-dimensional color-coded Carrier Mapping system

(筆者作成)

Ⅲ 耐性菌サーベイランス

個々の分離菌は2次元マップ上に、ひとつないし複数の色つきの四角のかたまりとして描かれる(図7)。マップの左側に、マップにある株に対応する菌株の背景情報の要約が表示される。基本的に同じ患者から検出された株は、その患者が同じ病棟にいるときには水平に配置して描画されるが、分離された日が近い場合は重なりを避けるための工夫をしている(図8)。患者が移動した場合もその動きを追跡しやすいようにした(図9)。

図7の例では同じ株と考えられる同じ感受性パターンに属する *Proteus mirabilis* がくり返し分離される患者を発端に、菌が病院全体に広がる様子、院内感染症を発症していること、菌が侵入したルートなどが1枚の

2DCM から容易に理解できる。図3は同じ施設の *Proteus mirabilis* のΣ-alertであり、患者Aから *Proteus mirabilis* が分離されるようになった直後から菌の異常集積(菌の院内拡散)が発生し、2病棟、3病棟に広がるにつれて、より大きな問題が発生していることがわかる。

本例では2DCMの解析によって初めてこのような理解が可能であった。2DCMでは、長期間にわたる解析、多数の株の解析が可能であり、数百株の解析も簡単に行える。これまでには見ることのできなかった菌の院内拡散の様子を知ることができる。

パルスフィールド電気泳動、POT (phage open reading flame typing) 法など分子疫学

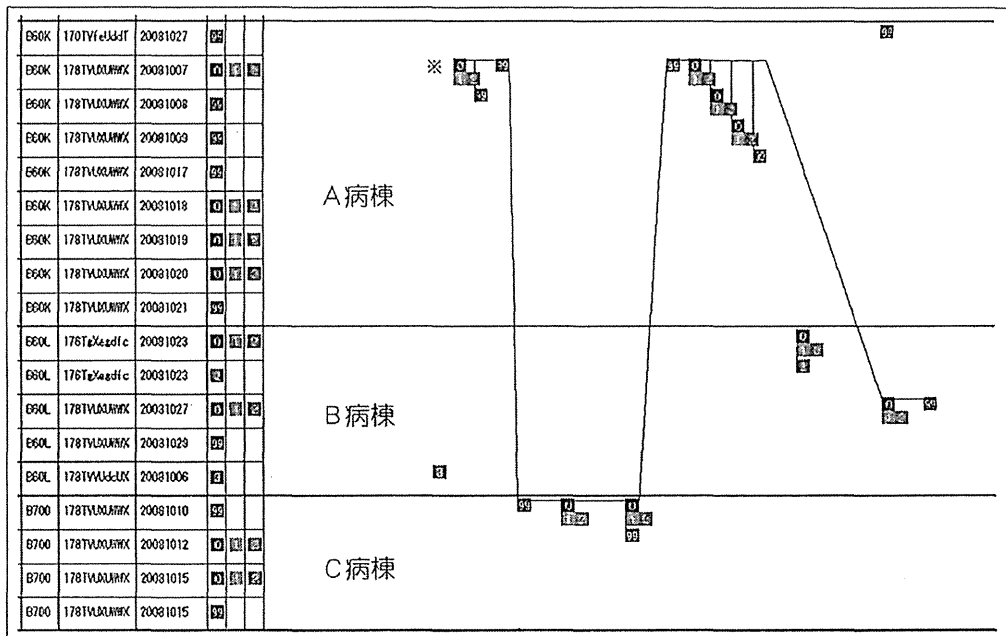


図9 患者の移動の例

※印のついた患者はA病棟からC病棟に移動し、その後、A病棟に戻り、さらにB病棟に移動したことがわかる。同じ病棟に戻ったときは、その病棟での最初の分離株が配置された場所と同じ高さに戻して配置することで、同じ患者であることがわかるようにしている。

(筆者作成)

POT (phage open reading flame typing)

234 (1118)

— 2. 感染対策サーベイランスにおける新しい取り組み—耐性菌時代の院内感染対策と 2DCM-web —

的方法と 2DCM の結果の比較を検討したところ、PMA で検出されるような、時間的、空間的(病棟、診療科など)な異常集積があった場合、多剤耐性菌である場合、図7の例のように、くり返し同じ株が分離される患者(感染源)が存在する場合などで院内拡散の可能性が高く、このような例では 2DCM と分子疫学的方法の結果がよく一致し、信頼性が高いことがわかった。逆に散発的分離では感受性の高い株が多いなどの理由で分解能が低いことがわかった。

IV 2DCM-web を使おう

JANIS 検査部門参加施設が 2DCM を自由に利用できる仕組みを開発した。JANIS 検査部門参加施設は、ログイン後、還元情報ダウンロードページの 2DCM-web を起動するためのボタンから 2DCM-web を起動できる(図 10)。

メイン画面で最初に表示したい範囲のデータの取得を行う。ここでは少し広めに範囲をとってデータをダウンロードする。その後はデータのダウンロードをせずに範囲内の任意

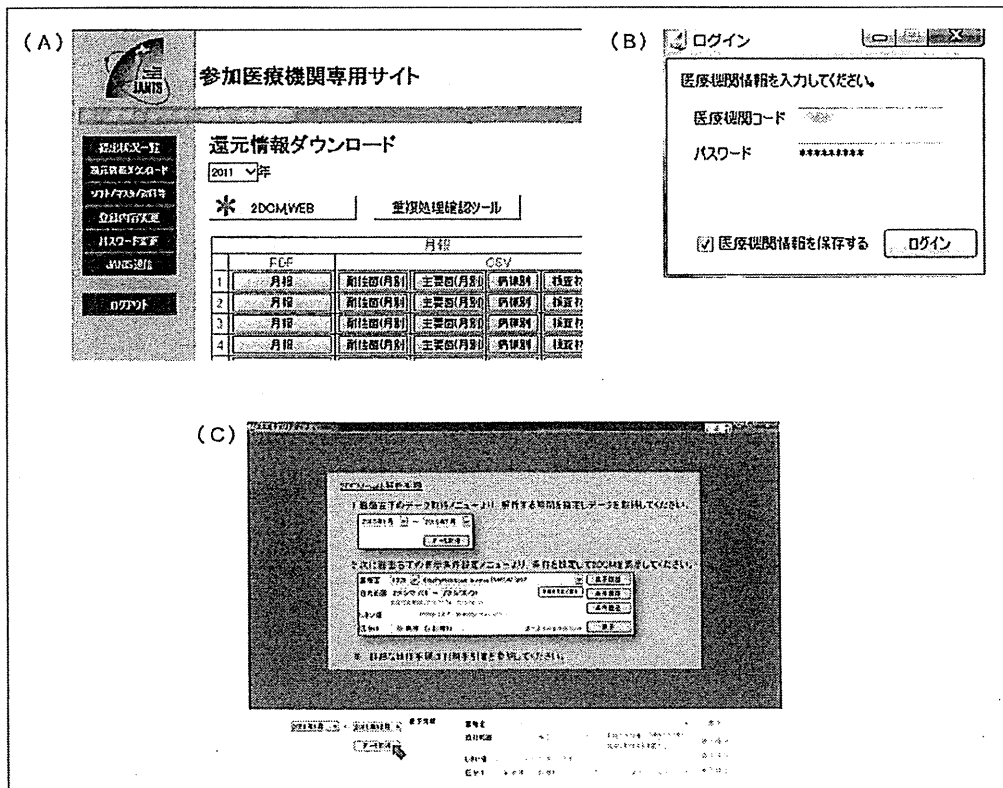


図 10 2DCM-web のログイン

(A) 検査部門へのログイン後、還元情報ダウンロードのページにある 2DCM-web 起動ボタン(*印)を押すと、データ取得のために (B) のログインダイアログが表示される。これに答えると、簡単な操作方法を案内した (C) の画面が表示される。検査部門へのログイン後、「ソフト/マスタ/資料など」のページからマニュアル、簡易マニュアル (A4 版 1 枚) をダウンロードできる。

2DCM : Two-dimensional color-coded Carrier Mapping system

(筆者作成)

III 耐性菌サーベイランス

期間の任意の菌の 2DCM を何度でも表示することができる。

2DCM-web は利用時に JANIS のサーバー上の 2DCM-web アプリケーションを利用者の使っているパソコン上で実行する。さまざまなツールをもった 2DCM-web の完全セット (図 11) が利用者のパソコンに一時的にインストールされる。利用者は常にもっとも新しい 2DCM-web のソフトウェアを安全に利用できる。2DCM 作図動作がすべて利用者のパソコン上で実行されるため、作図の速さ、一度に扱えるデータ量などは利用者のパソコンの能力にある程度左右される。利用するパ

ソコンの推奨仕様などを参考に利用してほしい。

現在までに 400 以上の施設が利用している。現在、JANIS には菌の異常集積 (院内拡散) を自動検出する仕組みがないため、利用のきっかけは、検査室でのチェック、JANIS 還元情報のチェックによって特定菌の分離増加などをきっかけに 2DCM-web を利用する。「怪しい」と思ったら 2DCM-web を開き、前後のデータを解析、epi-curve 機能も利用して拡散の疑いが、単なる偶然か、持ち込みによるものか、真の拡散であるらしいのか確認をして、必要に応じて分子疫学的方法での

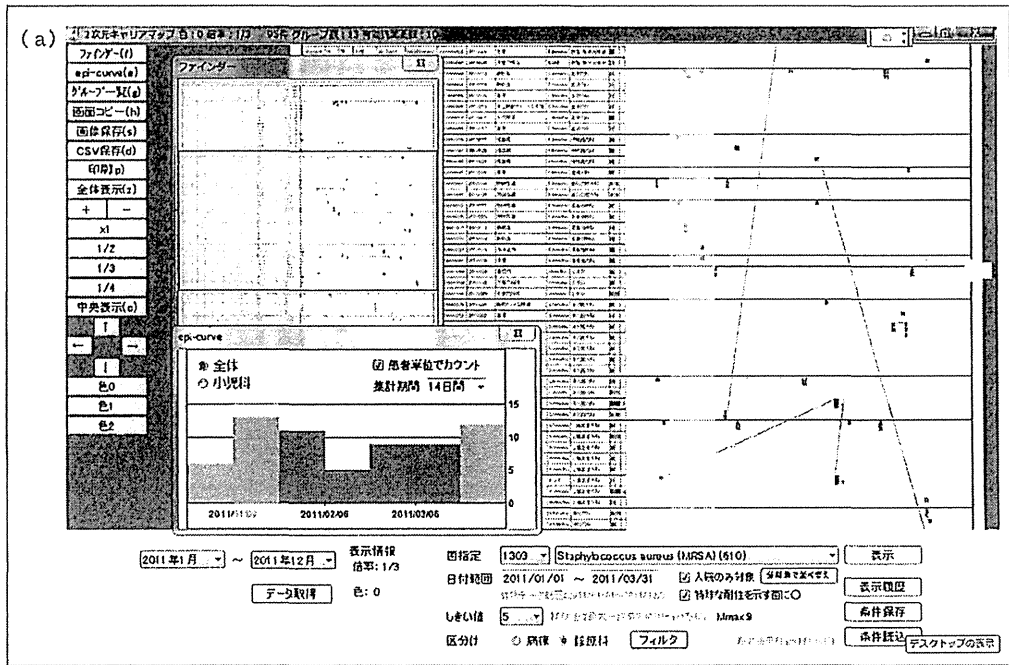


図 11A 2DCM-web の例

(a) 2DCM-web には多くのツールが用意されており解析の補助となる。PMA による Σ -alert の実装は今後の課題であるが、患者数あるいは株数による epi-curve が実装されている。Epi-curve の棒グラフをクリックすると対応する期間が 2次元マップに帯として表示され、その増加が単一株によるものかどうかを予測するのに役立つ。Epi-curve の集計期間は、7日、14日、28日を選択することができる。集計対象も、病院全体、病棟または診療科別の表示ができるため、どこで強い集積があったのかを確認することができる。

2DCM : Two-dimensional color-coded Carrier Mapping system, PMA : 菌の異常集積の自動検出

(筆者作成)

— 2. 感染対策サーベイランスにおける新しい取り組み—耐性菌時代の院内感染対策と2DCM-web—

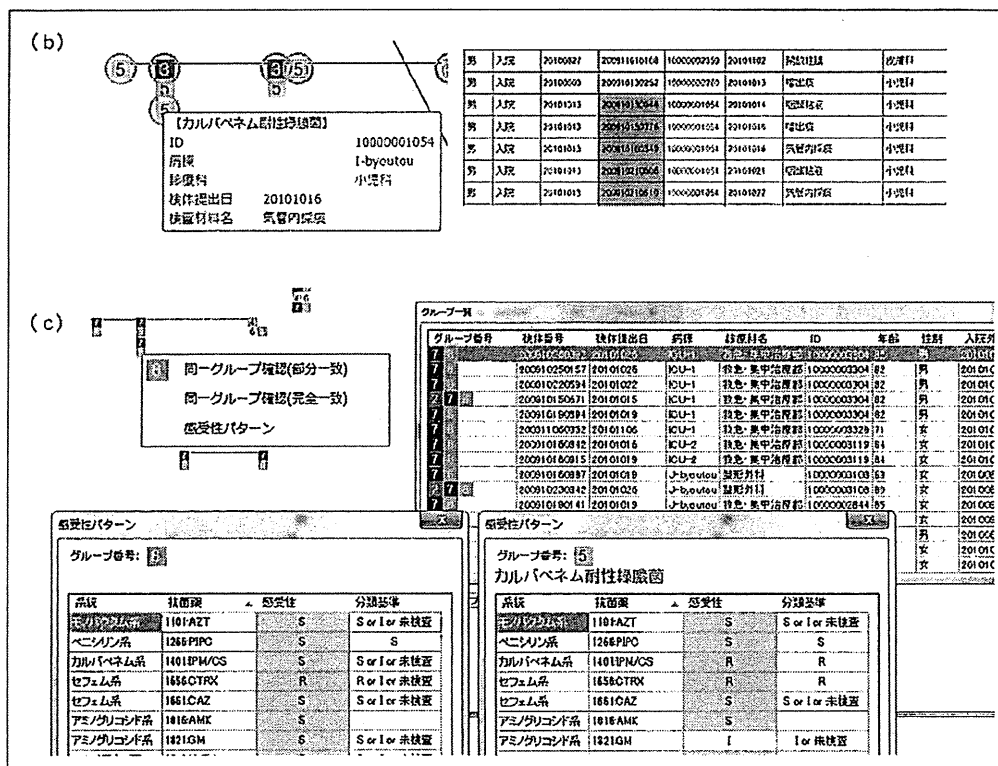


図 11B 2DCM-web の例

(b)それぞれの四角を左クリックするとその株の背景情報(左側の検体情報欄にも表示されている)が表示される。また、問題となる耐性菌には丸印がつけられ、検体情報の覧の検体番号欄にも警告色が表示される。

(c) 右クリックでは同じ感受性パターンのグループに属する株の一覧や感受性パターンの表示が行われる。

2DCM : Two-dimensional color-coded Carrier Mapping system

(筆者作成)

確認を行うとよいだろう。

2DCM-web では MRSA (メチシリン耐性黄色ブドウ球菌) の SIR 判定を MSSA (メチシリン感性黄色ブドウ球菌) のブレイクポイントを用いて再判定することで MRSA 分類の分別能をあげている。利用経験のない施設は是非一度利用してみてほしい。2DCM-web でしかわからないことがある。

V 結 語

耐性菌時代の感染対策において抗菌薬の適

正使用とともに菌の院内拡散のコントロールが重要であることを見出し、菌の院内拡散の発見、解析を行う方法の検討を行ってきた。菌の院内拡散の解析を行うツールである 2DCM-web は JANIS 検査部門の還元情報の一部として稼働している。サーベイランス事業の目的をどこに置くか議論はあるが、最終的な目標が国民の健康を守ることであれば、収集されたデータを有効かつ効率的に利用して院内感染対策に役立てることは重要であると考えられる。

MRSA (メチシリン耐性黄色ブドウ球菌)

MSSA (メチシリン感性黄色ブドウ球菌)

III 耐性菌サーベイランス

病院内での感染対策を行うためのシステムが次第に普及してきたが、導入経費が高く、すべての医療機関がすぐに導入できる環境にはない。2DCM-web は通常の Windows® パソコンとインターネット接続環境があれば無料で利用できる仕組みであり、費用対効果の大きな効率的なシステムであると考えている。

現在は 2DCM-web 利用のきっかけとなる院内拡散の検出は、検査室での検出、JANIS 還元情報からの検出に頼っているが、PMA の計算を軽減する試みを行っており、JANIS レベルでの実装の技術的可能性を検討しはじめている。PMA の実装が可能になれば、Σ-alert, Σ-alert matrix の簡易版の実装も視野に入る。

JANIS 検査部門データの標準化を基盤として、耐性菌が検出された段階で検査システムに警告/案内メッセージを発生させるための耐性菌の条件や、発生させるメッセージの内容を定義した標準ファイル(メッセージ)の定義を進めている。このメッセージが標準化されれば耐性菌の水際での検出が確実になり、サーベイランスの精度向上、検査データの精度向上に結びつく。これも感染対策サーベイランスの新しい取り組みと言えよう。

今後も、より多くの施設が参加し、より有用な情報を、より手軽に引き出せるようなサーベイランスが実現するように、基礎となる研究を続ける必要がある。同時に、実現した仕組みがより多くの人に利用され、国民の安全、健康に役立つことを願う。

文 献

- 1) 藤本修平：耐性菌サーベイランスの目指すところ。Infection control 13 (10) : 1024-1030, 2004.
- 2) 藤本修平, 富田治芳, 池康嘉：病院感染対策にかかわるサーベイランス「サーベイランスの電子化」。Medical Technology 35 (5) : 449-455, 2007.
- 3) 藤本修平：院内感染を防ぐ細菌院内拡散自動検出法。Medical Technology 36 : 682-683, 2008.
- 4) 藤本修平, 池康嘉, 酒巻哲夫ほか：国立大学医学部附属病院共通ソフト「感染症管理システム」の開発 (Universal Infection Control Computer System for National University Hospitals.)。医療情報学 22 : 546-547, 2002.
- 5) 八束眞一：中小規模病院で実施可能なサーベイランス。Medical Technology 35 (5) : 456-462, 2007.
- 6) 八束眞一, 高橋正樹, 阿久澤まさ子, 藤本修平：感染管理に役立つ基礎知識 今すぐできる検査室の貢献。外注検査を感染対策に効率的に取り入れる方法。Medical Technology (0389-1887) 37 : 362-366, 2009.
- 7) 藤本修平：「antibiogram の自動分類と二次元キャリアマップ (2DCM)」による院内感染対策。IASR 32 : 9-10, 2011.
- 8) Montesinos I, Salido E, Delgado T, et al : Epidemiologic genotyping of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* by pulsed-field gel electrophoresis at a university hospital and comparison with antibiotyping and protein A and coagulase gene polymorphisms. J Clin Microbiol 40 : 2119-2125, 2002.
- 9) Deplano A, Denis O, Nonhoff C, et al : Outbreak of hospital-adapted clonal complex-17 vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* strain in a haematology unit : role of rapid typing for early control. J Antimicrob Chemother 60 : 849-854, 2007.
- 10) Broschat SL, Call DR, Davis MA, et al : Improved identification of epidemiologically related strains of *Salmonella enterica* by use of a fusion algorithm based on pulsed-field gel electrophoresis and multiple-locus variable-number tandem-repeat analysis. J Clin Microbiol 48 : 4072-4082, 2010.
- 11) Galdbart JO, Morvan A, Solh N : Phenotypic and molecular typing of nosocomial methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains susceptible to gentamicin isolated in France from 1995 to 1997. J Clin Microbiol 38 : 185-190, 2000.

[総 説]

耐性菌と戦う臨床細菌検査の有効活用法—電子化による感染対策の高精度化—

藤本修平

東海大学医学部基礎医学系生体防御学（細菌学/感染症学）

（平成 26 年 11 月 10 日受付）

多剤耐性菌の蔓延は医療の安全な実施を脅かしている。これに対する有効な新規抗菌薬の開発は、きわめて不調であり、多剤耐性菌蔓延に対する対応策としては、サーベイランスの実施による科学的根拠の整備、抗菌薬の適正使用による選択圧の軽減、感染対策の強化による菌の施設内拡散の抑止が重要である。筆者らは耐性菌の蔓延と新規抗菌薬の開発不調について危惧し、対策として厚生労働省院内感染対策サーベイランス（JANIS）、標準化院内感染症監視システム（SHIPL）の開発維持、2DCM-web の JANIS 検査部門システムへの実装などを進めてきた。本稿では、これら臨床細菌検査の結果を自動的に施設内、および多施設サーベイランスデータとして整備する方法、菌の施設内拡散の自動検出と拡散状況の解析を行う方法、さらに、抗菌薬の適正使用の評価にも活用することによって耐性菌に対する対抗策とする方法について概説する。本稿に述べる成果は、志を同じくする多くの人々によって導かれたものである。

Key words: 感染対策, 電子化, JANIS, SHIPL, 2DCM-web

はじめに

今日の医療に於いて耐性菌が重大な問題であることは多くの人が認めるところである。医学、医療技術の進歩は著しく、その成果である高度先進医療は、多くの人の命を救っている。高度先進医療においては、血管内、気管内、尿道などへのカテーテル挿入、常在細菌叢の破壊、腸管運動、膀胱機能の障害など病原体に対する侵入門戸での防御機能を傷害する多くの操作や、貪食細胞、液性、細胞性の免疫を傷害する行為が多く行われる。そのような生体防御能を傷害された易感染患者は、非病原菌（弱毒菌）によって日和見感染症を発症する。このような入院患者の多くは、生命の維持、生活に人手を介した看護、介護、介助を必要とし、人手を介した感染のリスクが高くなる。このようにして、高度先進医療の結果として院内感染症としての日和見感染症が多く発生するようになる。

医療環境に多く存在する非病原菌は、常在菌や環境菌であるために日和見感染症の原因となる日和見感染菌は、常在菌や環境菌である。一方、高度先進医療はその結果として易感染患者を生む宿命にあるため、病院内では高度先進医療を安全に実施することを目的に抗菌薬が多用されている。常在菌や環境菌は患者、医療従事者を含む医療環境に常在するため、病院内に長時間存在し、繰り返し抗菌薬に曝露される中で、感性菌は淘汰され、耐性菌、中でも、多剤耐性菌、高度耐性菌が選択される。

病原菌（強毒菌）であっても非病原菌（弱毒菌）であっても、起因菌として感染症の原因となり、炎症を起こした場合、菌がその状態で患者の体の中に残ることはまれである。起因菌は免疫に認識されているため、その数が少なくなれば、免疫の力によって排除される可能性があり、さらに、もし、一旦、治療に失敗したとしても、治癒するか不幸な転帰をとるまで治療が繰り返されるからである。一方、常在菌や環境菌には免疫が作用しないため、たとえ 100 万個に 1 つ耐性菌が存在したとしても、その 1 つの耐性菌は選択され、一夜にして 100 万個に増殖する。つまり、非病原菌においては、病原菌においてよりも、遙かに、耐性菌の選択が起きやすいのである。

著者連絡先：〒259-1193 神奈川県伊勢原市下糟屋 143
東海大学医学部基礎医学系生体防御学（細菌学/感染症学）
藤本修平
TEL: 0463-93-1121 内線 2592
E-mail: sfujimot@tokai-u.jp

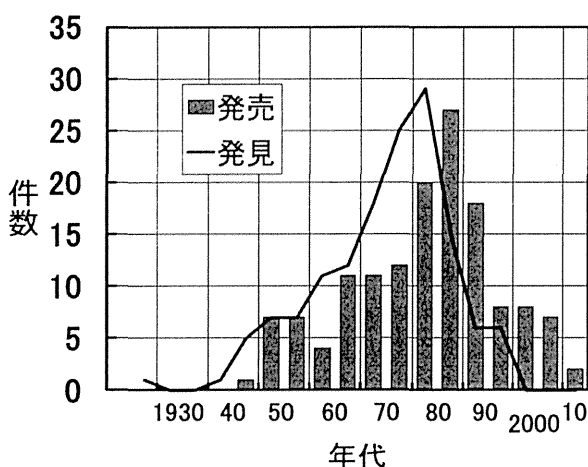


図1. 日本国内における新規抗菌薬の発見の報告と発売 (2014年8月現在)

最新「抗菌薬」一覧表 2004～2014年 (Medicament News (株) ライフ・サイエンス監修) と各製薬会社広報をもとに筆者作成。

発見の報告は発売の報告に平均で約7年先行している。発売のピークは1980年代の後半で、5年間で25件以上、1年間で5件以上の発売があった。

2000年以降、発売に結びつく発見の報告が無いままに10数件の発売があったため、現在発売を待っている抗菌薬は無い。

治療を目的に抗菌薬を投与すれば、常在細菌や環境菌にもその作用が及ぶ。起因菌の治療、予防のために抗菌薬を用いた場合、その背後で、100発100中で常在菌、環境菌において耐性菌の選択が生じる。

高度先進医療によって易感染患者が生まれ、同時に院内感染症が発生しやすい状況が作られ、その中で、日和見感染症が多発する。さらに、高度先進医療が実施されている環境においては、日和見感染菌が耐性菌に対する抗菌薬の選択圧を繰り返し受ける構造があるのである。つまり、高度先進医療の実施と多剤耐性菌、高度耐性菌による院内感染症の増加は必然性を持って結びついているのである。

一方、近年、抗菌薬の開発は著しく低調である (図1)。臨床分離される耐性菌の中には現存する全ての抗菌薬に耐性を示すものもあり、すでに有効な抗菌薬が枯渇し始めている。このような中で、現存する抗菌薬を有効に用いながら、安全な医療の実施を行うために、耐性菌の発生と伝播¹⁾について考慮し、耐性菌の発生、拡散の抑制を進めることが求められている。

WHOは2011年の世界保健デーのテーマに薬剤耐性を選んだ。このことを公表する文書 (http://www.who.int/mediacentre/news/releases/2010/amr_2010)

0820/en/)の中で、WHOは各国政府に、サーベイランスの実施、抗菌薬の適正使用とその医療従事者および一般市民への啓蒙、処方箋無しでの抗菌薬販売禁止のための法整備、感染対策の徹底の4点を勧告した。日本では処方箋無しでの抗菌薬販売は原則として禁じられているため、この勧告は、サーベイランスによる科学的根拠の整備、抗菌薬の適正使用による耐性菌選択圧の軽減、感染対策の徹底による菌の施設内(院内)拡散の抑制の3点を意味する。

抗菌薬の適正使用による選択圧の軽減は、耐性菌の発生、拡散の抑制に重要である¹⁾。菌の院内拡散は、耐性菌の拡散に必須のステップであり、抗菌薬による選択圧とともに重要な因子である。同時に、外因性院内感染症の最初のステップでもあり、また、内因性感染症の難治化にも寄与する²⁾。これを踏まえて、耐性菌に取り組むことになるが、その科学的根拠を与えるのがサーベイランスによるデータで、それは、現状の把握、問題の検出、対策立案の根拠、対策の効果判定の根拠として用いられる。

筆者らは、1990年代の後半から、耐性菌による院内感染症の問題を憂慮し、当時より、2010年にWHOが挙げた4点の内、日本に当てはまる3点について、その必要性を指摘し、それに対する対策を進めてきた。その中で、筆者が主に取り組んだ、電子化による感染対策の高精度化について述べる。

厚生労働省院内感染対策サーベイランス (JANIS) と電子化、標準化

JANISは平成9年(1997年)度より厚生科学研究費補助金(新興・再興感染症研究事業)「薬剤耐性菌による感染症のサーベイランスシステムの構築に関する研究」(主任研究者 荒川宜親、国立感染症研究所細菌・血液製剤部部長(当時)、現名古屋大学教授)によって、準備が行われ、平成12年度より事業化し、平成19年の更新を経て現在に至っている。

筆者は、平成10年度の途中より、当該の研究班に参加し、JANIS事業、特に検査部門の立ち上げに携わった。研究班では、東邦大学の山口恵三先生が検査部門の取りまとめをされており、その下で古谷信彦先生(現文京学院大学教授)が実務を支えられていた。40近い大学病院、公立病院の感染対策担当者を研究協力者として仕様の決定、試行を行っていた。

研究班では、早い時期から、検査システム、病院システムから自動的にデータを収集することを考えていた。筆者は、病原細菌学の研究者であったが、コンピューターを用いた社会調査、疫学調査のシステムを

開発した経験があり、さらに、臨床医でもあったことからデータの収集、集計、還元の方法について JANIS システムの立ち上げをお手伝いすることになった。

全国の施設にある検査システム、病院システムからデータを集める場合に、最も重要なのは、標準化である。コンピューターの間でやりとりするデータを、「メッセージ」と呼ぶことがある。標準化とは、「メッセージ」のルールを決めることで、どのようなデータを、どのような構文で、どのような単語を使って、さらに、いつ、どのような場合に、メッセージとするのかを、皆が使えるように決めて行くのである。

これは、言葉と同じで、使いやすい構文、単語で、間違いなく伝わるように工夫が必要になる。

当時は、検査結果を即時に送ることについて、様々な事情から困難と判断して、原則月一回、前月分をまとめて送ることにした。また、技術的な問題から、インターネットを用いた送信ではなく、フロッピーディスクを用い、郵送によってデータを集めることからスタートしたが、将来、インターネットを介して即時にデータを送ることを視野に入れて、標準化を行った。今日まで、完全な即時のデータ送信は実現していないが、2DCM-web を利用する場合などに月途中までのデータの送信によってその日までのデータを処理する、即時送信に準じた運用が始まっている。

メッセージの構文、つまり、何を送るかという点について、多くの議論があった。当時の開発会社からは、1レコードの含むデータ量を小さくすることを求められたが、当時の技術的水準ですでにその必要がないと判断し、コンセンサスを得やすいように、必要として上がった項目については、出来るだけ多く取り入れるようにした。

メッセージに用いる単語の定義はボキャブラリー(vocabulary)と呼ばれ、具体的には、コードと定義の集まりであるコード表(マスタ)として整備される。このいわゆるコードについても、多くの議論が研究協力者から上がった。コード保守(maintenance)が円滑に行われるように、当時、公的機関、学会、またそれに準ずる団体が公表し、管理しているものを出来るだけ利用するようにした。すでにコードが割り当てられているものについてはそのまま利用し、コードのないものであっても、表として定められているものについては、それにコードを与えるようにした。これらの表やコードの掘り起こし、整理については、古谷信彦先生の力によるところが大きい。

細菌コードは、日本臨床衛生検査技師会で精度管理用菌コードとしていたものをもとに研究協力者の意見

を入れて改変した。長沢光章先生(現東北大学病院)からの提案で「覚えやすい」ことに考慮して桁数を増やさずに4桁の数字コードを採用した。

コードが決定した後、メッセージの様式をフォーマットとして定義した。これらの決定については、出来るだけ、検査機器などからの出力を変換しやすいように配慮した。

保健医療福祉情報の標準化は、国際的にも HL7 (<http://www.hl7.org/>) などによって進められているが、細菌検査についてのコードの統一が実現していないことがデータ収集の大きな障害になっている。米国でも HL7 による地域ネットワークの試みが行われているが、菌名、薬剤名などがコード化されていないアルファベットの文字列として扱われていることが多く、ネットワークを構成する障害となっている³⁾。

JANIS のコードについては、検査機器メーカー、保健医療情報関連ベンダーのご協力によって、各メーカー、ベンダーの独自コード、施設の独自コードから JANIS のコードに変換する仕組みが、細菌検査機器、データ管理装置、細菌検査システム、感染対策システム、病院システムなどに整備されるようになった。さらに、外注検査会社(衛生検査所)の多くも、JANIS 検査部門提出データを生成できるようになった。

一般に、コードの変換には誤差が伴う。例えば、JANIS のコードに、4402 *Acinetobacter baumannii* があるが、*Acinetobacter baumannii* と言う同定結果が、自動検査機器による表現型による同定結果であるのか、塩基配列決定などによるより精度の高い同定結果であるのか、あるいはどのような機器、どのような方法によったかによって、そこに含まれる菌が異なってくる。JANIS の場合は、一般臨床検査で用いられる細菌検査の結果という制限の中でコードの定義をしているが、コードだけが一人歩きして、違った意味(命題)として用いられ、コード4402が、例えば、精度の高い同定検査の結果としての *Acinetobacter baumannii* として扱われると大きな誤差を生むことになる。同様の誤差は、用語の定義が複数ある場合には、常につきまとう。標準のコードを用いた場合も、同様の誤差は免れないが、1つの標準があれば、複数回の変換が避けられ、精度の低下は最小限に抑えられる。

標準化の恩恵は、同時代だけに止まらない。過去のデータも、全てを1つの標準に変換するのであれば、同様に、変換による精度の低下を最小限に出来る。

現在、JANIS 検査部門(JANIS Clinical Laboratory Division: JCLD)には、全国900を超える施設から、培養陰性を含む全ての細菌検査結果が送られており、

その数は年間約 800 万件になっている (<http://www.nih-janis.jp/>)。これらのデータは全て、JCLD 標準フォーマット、JCLD 標準コードで送られている。また、これらのデータは、検査機器、データ管理装置、細菌検査システム、感染対策システム、病院システム、あるいは、外注検査会社のシステムなどによって検査データから自動的に生成され、インターネットを介して厚生労働省に送られている。送られているデータが標準化されているために、データは自動的に集計され、各施設に月報データとして、原則 2 日以内、多くの場合 1 日以内に pdf で還元されている。

JANIS では JCLD の標準が病院システムの標準化などにおいても標準として利用されるように、メッセージ、コードに世界標準として利用できる OID (Object ID) を定義して、「細菌検査・細菌感染対策関連メッセージに関するオブジェクト識別子 (OID)」として管理、公開している (<http://www.nih-janis.jp/material/oid.html>)。

国立大学共通ソフトウェア感染症管理システム (NUICS) と標準化感染症監視システム (SHIPL)

JANIS 検査部門 (JCLD) によるデータの標準化が実現し始めたことを受けて、データをサーベイランスデータとして用いるだけでなく、病院内での感染対策に用いるためのシステムの開発を行った^{4)~6)}。NUICS (National University Infection Control System)、SHIPL (Standardized Hospital Infection Primary Lookout) とともに、JCLD のメッセージを包含し、それぞれの目的に合わせて拡張したメッセージを通信に用いた。NUICS ではさらに標準化を進めるために、HL7-ver2.4 メッセージによる通信を実現した。一方、SHIPL では、外注検査会社との通信を実現するために、ハードルの低い CSV ファイルでの通信とした。何れも、JCLD のメッセージを基本としているために、コード変換や、コード定義の違いによる誤差を最小限に抑えることが出来た。

NUICS は、平成 11 年 (1999 年) に提案を行い、平成 13 年度、国立大学共通ソフトウェアとして開発を行った。最終的に平成 15 年度に完成している。一方、SHIPL は、大病院で利用できる感染対策システムとして NUICS が稼働したことを受けて、当初、中小規模病院で利用できるシステム (Small and medium-size Hospital Infection Primary Lookout) として、厚生労働科学研究費補助金 (医薬安全総合研究事業) 「院内感染の防止のための監視体制の整備、細菌検査室の機能向上に関する研究」 (主任研究者 山口恵三 東

邦大学教授) によって開発をおこなった。研究班では複数の試行施設で研究班バージョンを稼働させたが、その後、大学病院などの大病院でも用いられるように、NUICS の機能を統合し、“Small and medium-size” の S を “Standardized” の S に改めた Standardized Hospital Infection Primary Lookout (SHIPL) として商品化され、NUICS の後継としての導入を含めて、現在全国 7 施設で稼働して成果を上げている。さらに、筆者の施設では、複数施設のデータを即時受信し解析できるシステムを開発し研究用に稼働させている⁷⁾。

アルゴリズム開発

標準化が進み、大量のデータが自動的に蓄積されるようになると、その利用が可能になるが、実際に、JANIS のデータあるいは NUICS、SHIPL のように、患者、診療科、病棟、検査時期、検査材料など、ある程度の背景情報と細菌検査の結果が標準化された形式で大量に蓄積された前例はなく、その有効利用についての方法は限られていた。筆者は、データを有効利用するための電算機手法 (アルゴリズム) の開発を行ってきた。

筆者は、耐性菌による院内感染には、抗菌薬による選択圧と菌の院内拡散が深く関わっていると考え²⁾、感染対策の強化を行い菌の院内拡散を抑止するために、菌の院内拡散を可視化する方法について検討した。それぞれの方法の詳細については、既刊の総説²⁾に譲りここでは概要について述べる。

1) 菌の異常集積の自動検出 (Probability-based Microbial Alert : PMA)

PMA は、何も起こってない時にその菌が分離される率である base-line rate、ある期間に細菌検査の対象となった患者数、そのうちその菌が検出された患者数を用いて、その菌の分離が、全く偶然だけに左右されて起きたものかどうかを、偶然に起きたという帰無仮説で確率を計算し、もしその確率が低ければ、そのような菌の分離が偶然だけによるものでないとする、統計学の基本的な考え方を応用したものである。考え方としては、特定のサイコロの目が続けて出た場合にそれが偶然によるものか、サイコロに仕掛けがあるために起こったものかを判断する方法と同じである。偶然によらない場合は、同じ菌が施設内で拡がったなどの人為的な介入があったと判断し、菌の異常集積は菌の院内拡散などを示唆すると考える。集計期間は、短期間、長期間、両方の変化を見落とすことがないように、7 日、14 日、30 日のように複数の期間で集計す

る。実際には、すべての菌種について、病棟などのユニットごとに、複数の期間についての集計を毎日行うことによって、菌の院内拡散を自動的に指摘する。

2) Σ -alert (シグマアラート) と Σ -alert matrix (シグマアラートマトリクス)

PMAによる警告を、月ごとに集計すると、その月に、その菌の院内拡散がどの程度起きていたかを知ることが出来る。これを時間を横軸として棒グラフにすると、特定の菌に対する院内感染対策が有効に行われているかどうかの動向を的確に知ることが出来る。alertを積算して得られることから、これを、 Σ -alertと名付けた。 Σ -alertは、過去の問題の解析にも有用であることが分かっている⁸⁾。一方、複数菌の Σ -alertから集積を繰り返している菌の共通点を見つけることによって感染対策の問題点を見出すことが出来ることも分かった⁹⁾。そこで、 Σ -alertの棒グラフの部分を、カラーコード化することによって、ある施設の全分離菌種の数年分の菌の異常集積(院内拡散)の様子を一枚の方眼状の図にまとめた Σ -alert matrixを開発した²⁾。これによって、長期間の院内感染対策の状況を、わずかな揺らぎも見逃すことなく俯瞰できるようになった。

3) 2DCM (ツーディーシーエム)

もう一方で、個々の菌の院内での拡散状況を菌株レベルで可視化する方法として、アンチバイオグラムの自動分類と2次元キャリアマップ技術(Two-dimensional Carrier Mapping: 2DCM)を開発した²⁾¹⁰⁾。この技術は、1) 感受性パターンを自動分類して菌株を判別するアルゴリズムと、2) 分離された株を場所と時間によって2次元平面に展開し、1)によって分類した菌株のグループに色コードを振り当て、菌株の院内拡散を画面上にわかりやすく表示する2つのアルゴリズムによって構成されている。1)の感受性パターンの分類は簡単そうに見えるが、臨床細菌検査の誤差を受け入れることが必要になるために実際には複雑である。

倍々希釈法で測定されるMIC値では、いわゆる1管の差、MIC値の2倍の差は誤差の範囲となる。倍々希釈系の隣り合った2つの薬剤濃度の間に真のMIC値を持つ菌株のMIC測定値の分布は、その真の値と測定に用いた薬剤濃度の隔たりを変数とする確率変数の分布となるため、どちらか一方の値を正しいとは出来ない。つまり、隣り合った2つの値のどちらを示しても検査の間違いではなく、誤差範囲としなくてはならない。

例えば、1回測定したMIC値が4であった場合、

その値は、真のMIC値の値が何であるかによって、別の測定では、2となる可能性もあるし、8となる場合もあると言うことを、受け入れる必要がある。CLSIのSIR判定では、SとI、IとRの間にはMIC値で2倍の違いしかないために、1回の測定でIと判定された菌株は、次に、S、I、Rの何れとしても判定される可能性がある。

臨床検査では、検体によって感受性検査を行う薬剤が異なることがあるが、検査されていない薬剤も検査をすれば、S、I、Rのいずれかに判定されることになるので、Iの株と同じように扱う必要がある。

MIC値を判定に用いる場合には、AというMIC値を示した株はA/2、A×2の何れのMIC値を示した株とも同じ株である可能性が否定出来ないと判断して処理を行う必要がある。

論理的に感受性パターンの分類を行おうとするとこの部分が大きな障害となる。実際に開発を始めるまでは、2DCMのようなシステムがこれまで存在しなかったことが不思議に思えたが、おそらくこの問題が障害となっていたのだと考えた。最終的に、この問題を解決する方法を見出し、数学的に論理性が失われていないことを証明した。現在、2DCMではMIC値によるグループ分け、SIRによるグループ分け両者が実用化されている。

2DCM-web

2DCMは、全く新しいアルゴリズムによって構成したため、概念さえも理解しづらい面があった。このため、最初の研究用システムは、筆者自身が設計からプログラムの制作までを行った¹¹⁾。有用性に理解が得られ、商品化されたSHIPLに実装された⁷⁾。

SHIPLにおいて2DCMの実用性が確認できたため、これを、Webアプリケーション化しJANIS検査部門参加施設が自由に利用出来るようにすることを計画した。

2009年(平成21年)当時、すでに、SHIPLなどを用いて細菌検査の結果を詳細に調べることによって、菌の院内拡散などの院内感染の予兆となる現象をとらえることが出来、それを利用することでより確度の高い感染対策が可能になること(筆者らは「感染対策の高精度化」と呼んだ)が明らかになって来ていたがそれを可能にするシステムの導入は不活発であった。

システムの導入を行えば、院内感染症のリスクが明らかになり、これによって「高精度化」が進むのだが、システムを導入しないと、リスクを認知できず、そのためにシステムを導入する必要性も理解されないとい

う悪循環が存在することが分かった。厚生労働省医政局指導課におられた清哲朗先生（現岡山大学）とこの問題を話し合う中で、悪循環を良循環にする方策として、感染対策の精度を上げる努力に対するインセンティブ（incentive ご褒美）とリスク認知の促進を図る必要があると言うことになり、2DCMのようなシステムを適当な方法で多くの施設が利用出来る様にすればリスク認知にもなり、無料で利用できれば、incentive にもなるだろうということになった。

何らかのシステムを無料で配付する場合には、バージョンの管理と著作権の問題を避けて通れない。さらに、国のシステムとして国民の血税で構築することを考えると、十分に低い経費で開発、維持を行えるようにする必要がある。SHIPLがMicrosoft Windows[®]上で動作するように作られていたことを勘案して、Microsoft ClickOnce[®]テクノロジーを用いてwebアプリケーション化を行い、これを2DCM-webと名付けた。

2DCM-webは、すでに還元情報としてCSVファイルで提供されていた、分離株ごとの検査情報を入力情報として利用することでシステムに新たな負担を掛けないようにした。2DCM-webの利用を希望する施設は、JANISにログインした後、還元情報のページから2DCM-webのボタンを押す。これによって、利用者のコンピューターに2DCM-webアプリケーション一式が一時的にインストールされる。起動した2DCM-webから解析対象とする期間を指定すると期間に応じてデータがJANISのシステムから2DCM-webに読み込まれる。その後の処理は、全て利用者のコンピューター上で行われ、JANISのサーバーには負担が掛からないようになっていた。利用者が2DCM-webを終了すると、プログラムは自動的にアンインストールされる。このような仕組みを用いることによって、すでに存在した2DCMのソフトウェア資産を最大限に利用し、webブラウザなどの制限を受けず、サーバーの負担を最小限に抑えながら、高度な処理を行うことが可能となり、さらに、著作権の問題もクリアしながら常に最新のバージョンを提供することが可能になった。

2DCM-webはSHIPL上の2DCMとは異なり、菌の異常集積の自動検出(PMA)、耐性菌の警告機能などのない環境で用いるために、エピカーブを表示する機能、特定の耐性菌が2DCM-web上ではっきりと分かるように表示する機能を加えた。2DCM-webはすでに500以上の医療機関が利用した。

電子化の将来

1) 耐性菌条件/警告・案内定義メッセージ

一部の機器は、特定の条件の耐性菌、例えば、届け出が必要な耐性菌やこれまでに国内で検出されたことがないか非常にまれな耐性菌が検出された時に、検査機器、データ管理装置のレベルで警告を出す仕組みをすでに持っている。これらの機器を含めて、検査機器、データ管理装置、検査システムなどが共通に読み込むことが出来る菌の条件やその菌が検出された時に表示すべきメッセージ（例えば、「届け出をしてください。」、「xxxに再検査を依頼してください、連絡先は、yyyです。」、「特殊な耐性菌です。再検査をしてください。菌の保存を準備してください。」など）の様式を定義して公開しそれらの機器が読み込めるようにしようというものである。

実現すると、例えばJANISのサイトなどから、耐性菌の定義ファイルをダウンロードして検査機器などに読み込ませるだけで、常に最新の情報にもとづいて、適時にそれらのメッセージが表示されるようになる。特定の菌について、菌の収集などサーベイランスを行う場合、定義ファイルを適当な方法で配付すれば、そのファイルを受け取った施設で菌が検出された場合、検査機器などから、即時にサーベイランス対象であることを示すメッセージが発生するようになる。検査機器メーカー、保健医療情報システムベンダー団体などのreviewを経て、現在、実装試験のためのシステムを開発中であり、今年度中に、最終版とインターフェイスのサンプルを公開する予定である。

2) 菌の異常集積の自動検出(PMA)の簡易版(PMA light ; PMAL)とPMALを用いたΣ-alert, Σ-alert matrixの開発。

PMAをJANISのようなシステムで利用しようとする内容は複雑ではないが各施設に対して相当量の計算が、全体としては膨大な計算が必要となるため、そのまま、実装をすることは出来ない。そこで、あまり精度を落とさずにその計算量を大幅に減らす方法を検討し、実用化の目処が立ったので、実装のための開発を行っている。研究用システムで実用性が確認できれば、JANISのようなシステムで自由に利用出来る仕組みを作り、地域連携などにおいて、自施設の状況、他の施設の状況を俯瞰し、感染対策の改善に結び付けられるように提案して行きたいと考えている。

3) 地域、全国、地球レベルでの菌の拡散の可視化

施設を超えたデータの解析に2DCMを用いる試みはすでに行っているが、データ数が大きくなった場合に適当な処理を行う方法が見つかっていない。JANIS

レベル（年間1千万件）あるいはその10倍のデータを数年にわたって検討できる方法について検討を行いたいと考えている。耐性菌の拡散は、すでに一地域、一国に止まるものでも医療現場に止まるものでもない¹²⁾¹³⁾。これらの関係については、今後、次世代シーケンサーなどによる塩基配列解析によって明らかにされて行くと考えが、一方で、拡がりの監視には、感受性パターンを用いた解析が威力を発揮すると考えている。JANISの調査を他の国に適用することも可能であり、国、環境を超えたデータ蓄積も可能性がある。データ蓄積を予測して適切な処理法を考えておきたい。

4) 「感染対策の地域連携支援システム (Regional Infection Control Support System ; RICSS)」構想

感染対策の地域連携において、連携病院間のデータ収集、集計還元によくの人手が掛かっていることを受けて、これを、自動化する方法について検討した。調査によって収集され還元されているデータは、感染対策の実施状況の指標とその成果 (outcome) の指標であることが分かった。全国の地域連携で用いることが出来るようにする場合、収集データの標準化が必要になるが、全国を一台のサーバーで支援するようなシステムを構成した場合、効率よく地域連携を支援できるだけでなく、感染対策の実施状況とその成果に関する全国データを収集できることになる。このようなデータはこれまでなく、また施策の策定、評価に有用である。

手掌消毒薬の使用状況などの情報は、今のところ手入力に頼らざるを得ないが、耐性菌の分離状況や血液培養の状況はJANIS検査部門に報告されているデータから得ることが出来る。抗菌薬の使用状況については、医事システムから実施情報、処方情報としてとることが可能であり、保健医療情報システムの標準化が進む中で、自動化が可能になると予測できる。

筆者らは、厚生労働科学研究費補助金新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業「医療機関における感染制御に関する研究」(八木班)において、RICSS構想を提案し、基本仕様の整備を行っている。また、厚生労働科学研究費補助金(新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業)「抗菌薬使用動向調査のWebシステムの構築および感染対策防止加算における客観的指標の探索に関する研究」(村木班)と連携し、抗菌薬使用情報を適切に収集する方法について検討している。

実現すれば、JANIS、さらにJANISにこれから加

えることを期待出来るPMAL、PMALを用いたΣ-alert matrix、あるいは、菌の地域、全国拡散を評価するシステムなどと有機的に結びつけた包囲的なシステムとなることが期待できる。

おわりに

細菌検査の結果は細菌感染症の診断、治療を行う上で重要な情報である。一方、本稿において細菌検査の結果を詳細に解析することで、院内感染の検出、感染対策の策定、評価に必要な情報が得られること、さらに、抗菌薬の適正使用の評価などを含めた耐性菌による院内感染に対する総合的対策において細菌検査が重要な役割を果たすであろうことを示した。

前世紀の後半、1980年代後半に抗菌薬の発売は年間5件を上回り、有効な抗菌薬が枯渇することはないと考える人が多かった。そんな中で、細菌検査の結果は感染症が治った頃に報告される、次々と抗菌薬が発売され検査項目にない抗菌薬についてどのように扱うのか分からない、細菌検査を行わなくても、抗菌スペクトラムが広く抗菌力が優れた「良い薬」を使えば感染症治療に困ることはないなどの理由から、細菌検査を軽んじる風潮があったように記憶している。

今日においても、感性菌が原因で合併症のない感染症では治療に難渋することが少ないために、感受性検査の結果が来た頃には、感染症が軽快しており、感受性検査の結果は確認されないままに終わる、あるいは細菌培養をしないで抗菌薬投与を行うことがしばしばあり、細菌検査技師さんから、「うちの先生たちは細菌検査の結果を見てくれない」と言う声を良く聞く。

本稿で示したように、耐性菌による院内感染症が先進医療の安全な実施を脅かしている今日、細菌検査の役割は、個々の患者の治療のみを目的とした検査から、個々の患者の治療と耐性菌による院内感染症対策を目的とした検査に変わりつつあると考える。このような状況を理解した上で、臨床細菌検査の将来像を描いて行くことが大切であると考えます。

個々の患者の治療を目的とした細菌検査では、迅速な同定と、迅速で臨床での抗菌薬使用に即した感受性検査が求められるであろう。耐性菌による院内感染対策のためには、精度と費用のバランスが取れた検査、疫学に適した感受性検査が必要になるであろう。

耐性菌時代に医療の安全を確保するために、臨床細菌検査の果たす役割を再認識し、検査に携わる臨床検査技師の皆さんが誇りを持って役割を全うされること、そして臨床細菌検査に適切な資源の配分が行われるように願う。

臨床細菌検査は、細菌感染症診断治療の礎であり、耐性菌と戦う戦士である。

謝辞：本稿の内容は、池康嘉（群馬大学）、山口恵三（東邦大学）、古谷信彦（文京学院大学）、松本哲哉（東京医科大学）、村上啓雄（岐阜大学）、荒川宜親（名古屋大学）、八木哲也（〃）、柴山恵吾（国立感染症研究所）、鈴木里和（〃）、八東眞一（日高病院）、本間操（都立松沢病院）各先生をはじめとする多くの志を同じくする方々のご努力のたまものです。ここに深謝致します。

利益相反：筆者は、JANISの受託、SHIPLの商品化を行っている（株）キーウェアソリューションズとコンサルティング契約を結び、それらの情報管理、情報処理、情報還元、システムの改良、普及などの指導、支援を行っている。

文 献

- 1) 日本環境感染学会 多剤耐性菌感染制御委員会編, 藤本修平. 2011. 「耐性メカニズムと耐性伝播」(「日本環境感染学会 多剤耐性アシネトバクター・パウマニ (multiple drug-resistant *Acinetobacter baumannii*) 等を中心とした多剤耐性グラム陰性菌感染制御のためのポジションペーパー」第1版). 環境感染誌 26: S2.
- 2) 藤本修平. 2014. 感染対策サーベイランスにおける新しい取り組み—耐性菌時代の院内感染対策と2DCM-web—. 化学療法の領域 30: 224 (1108)-238 (1122).
- 3) Rosenman, M, K Szucs, S.ME, Finnell, et al. 2014. Early Implementation of a Regional Electronic Infection Control Network Using Parsed Microbiology Culture Data. IDweek 330, abstract.
- 4) 藤本修平, 池 康嘉, 酒巻哲夫, 他. 2002. 国立大学医学部附属病院共通ソフト「感染症管理システム」の開発 (Universal Infection Control Computer System for National University Hospitals.). 医療情報学 22: 546-547.
- 5) 藤本修平, 富田治芳, 池 康嘉. 2007. (特集病院感染対策にかかわるサーベイランス)「サーベイランスの電子化」. Medical Technology 35 (5): 449-455.
- 6) 八東眞一, 高橋正樹, 阿久澤まさ子, 他. 2009. 【感染管理に役立つ基礎知識 今すぐできる検査室の貢献】外注検査を感染対策に効率的に取り入れる方法. Medical Technology (0389-1887) 37: 362-366.
- 7) 藤本修平. 2010. 分担研究「厚生省 JANIS 事業の安定運用と改善及び院内感染対策の高精度化を目的とした電子システムの研究」. 平成 21 年度 厚生労働科学研究費補助金 (新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業)「新型薬剤耐性菌等に関する研究」(H21-新興一般-008).
- 8) 藤本修平. 2006. 院内感染対策サーベイランスの効率化に関する研究. p. 129-208, 厚生科学研究費補助金 新興・再興感染症研究事業 薬剤耐性菌の発生動向のネットワークに関する研究 平成 17 年度 総括研究報告書.
- 9) 藤本修平. 2007. 薬剤耐性菌情報等に関する情報伝達・解析システムの改良・強化. p. 98-150, 厚生労働科学研究費補助金・新興・再興感染症研究事業平成 18 年度報告書.
- 10) 藤本修平. 2011. 「antibiogram の自動分類と二次元キャリアマップ(2DCM)」による院内感染対策. IASR 32: 9-10.
- 11) 藤本修平. 2009. 分担研究「薬剤耐性菌情報等に関する情報伝達・解析システムの改良・強化」. 厚生労働科学研究費補助金 (新興・再興感染症研究事業)「薬剤耐性菌等に関する研究」(H18-新興-11) 総括研究報告書.
- 12) Martinez, J.L.. 2008. Antibiotics and antibiotic resistance genes in natural environments. Science 321: 365-367.
- 13) Wright, G.D.. 2010. Antibiotic resistance in the environment: a link to the clinic? Curr Opin Microbiol 13: 589-594.

Clinical Laboratory Combats Multi-Drug-Resistant Bacteria; Converting Bacterial Test Results into Resources for High Precision Infection Control with Computer Systems

Shuhei Fujimoto

Department of Bacteriology and Bacterial Infection, Division of Host Defence Mechanism,
Tokai University School of Medicine

The emergence and spread of multi-drug-resistant bacteria puts hospital patients at risk. The development of new antimicrobials against drug resistant strains is lagging far behind. Collecting scientific data relating to drug-resistant bacteria by surveillance, the rational use of antimicrobials to reduce antimicrobial selective force, and the prevention of intra-hospital bacterial dissemination by strict adherence to infection prevention measures are of increasing importance. We (my collaborators and I) took the situation seriously and have prepared and successfully implemented the Japan Nosocomial Infection Surveillance (JANIS) System, Standardized Hospital Infection Look-out (SHIPL) System, and the 2DCM-web System on JANIS Clinical Laboratory Division. This manuscript outlines strategies to realize the automatic conversion of clinical bacterial test results into inter- and intra-hospital surveillance data, to detect and visualize intra-hospital bacterial dissemination, and to evaluate appropriateness of antimicrobial usage.

An Analysis on Risk of Influenza-Like Illness Infection in a Hospital Using Agent-Based Simulation

D. Minh Nguyen¹, Hiroshi Deguchi², Manabu Ichikawa³, Tomoya Saito⁴, and Shuhei Fujimoto⁵

^{1, 2, 3, 4}Department of Computational Intelligence and Systems Science,
Interdisciplinary Graduate School of Science and Engineering, Tokyo Institute of Technology, Japan
Suzukakedai Campus: 4259 Nagatsuta-cho, Midori-ku, Yokohama, Kanagawa, 226-8502 Japan

⁴Department of Health Crisis Management, National Institute of Public Health, Japan
2-3-6 Minami, Wako-Shi, Saitama, 351-0197 Japan

⁵Department of Bacteriology and Bacterial Infection, Division of Host Defense Mechanism,
Tokai University School of Medicine, Japan
143 Shimokasuya Isehara, Kanagawa, 259-1193 Japan

¹nguyen09@cs.dis.titech.ac.jp; ²deguchi@dis.titech.ac.jp;

³ichikawa@dis.titech.ac.jp; ⁴ts@biopreparedness.jp; ⁵sfujimot@tokai-u.jp

Abstract-The purpose of the research is to develop a framework to assess the risk of a highly contagious and mortal influenza-like illness infection to health care workers in a hospital under different scenarios of infection control. The method is to build an agent-based model for simulating infection of the virus in the hospital and use an open-source software to visualize a risk graph of infection. The simulation results show a high risk of infection among health care workers who directly take care of inpatients and the evidence of the risk is visualized in the form of graphs. The research contributes a novel risk assessment for hospital staff to prepare for an influenza pandemic in the future.

Keywords- Nosocomial Infection; Infection Control; Agent-Based Simulation; Risk Assessment

I. INTRODUCTION

Nosocomial infections, also known as hospital-acquired infections (HAI) occur worldwide which represent a major source of morbidity and mortality for hospitalized patients [1]. Influenza A virus is among the most severe and frequent causes of hospital-acquired viral respiratory illness and infects persons in all age groups, especially in patients older than 65 years old or children [2]. Influenza can be transmitted between patients and health care workers (HCW) in the hospital settings. Contact with high-risk patients is an important potential source of influenza exposure for HCW. The US Center for Diseases Control (CDC) recommends vaccination prophylaxis for HCW, with particular emphasis on patient-care staff. Quarantine measures, including isolating patients who have symptoms of influenza from the others, HCW washing hands and wearing mask and restricting hospital visitors are also recommended [3].

In recent years, with the worldwide spread of severe acute respiratory syndrome (SARS) and the 2009 influenza pandemic, research in infection prevention and control in hospitals become increasingly important. Computer simulation can be an experimental and educational tool for hospital administrators to test strategies for controlling nosocomial infections. A Monte Carlo simulation model was developed for the spread of antibiotic-resistant bacteria in hospital units [4]. Recently, several agent-based simulation models have been used to simulate nosocomial transmission in health care settings [5–8]. Agent-based simulation or agent-based modeling (ABM) is a system approach [9, 10], of which the bottom-up architecture can be used as an efficient tool to get macro-level statistical experiment results from micro-level evolution of agent interactions. These models have exploited the advantage of agent-based modeling to evaluate the efficiency of infection control measures against nosocomial infection. Although agent-based modeling is still a relatively new methodology and its application to infectious disease control is only introduced recently, it offers many advantages in integrating real data such as electronic medical record information or sensor information. An integration of these real data with ABM shows a high potential of a novel risk assessment for infectious disease control.

Another system approach that recently gains a lot of interest in epidemiology is social network analysis [11]. A social network for contacts sufficient to transmit influenza has been constructed and analyzed [12]. The usage of contact network analysis is to capture interactions that cause the spread of diseases [13, 14]. Contact network approach is relatively applied in large-scale model (countrywide or global) rather than small-scale model (community, hospital). Especially, relatively little work exists in applying contact network analysis to nosocomial infection. Since most of pathogen transmissions in healthcare settings occur via close contact, either between healthcare workers (HCW) or between HCW and patients, the aim of the research is

to visualize and detect those contacts.

II. SIMULATION FRAMEWORK

A. Simulation Model

Simulation model was built under several assumptions.

- An agent is autonomous individual which represents a patient or a visitor, a doctor, a nurse or a hospital staff. An agent has the following parameters: sex, age group, job, vaccination status, health condition, and infection status.
- An agent is goal-oriented, having a set of rules of behaviors to achieve its own goal. The rule of behavior depends on the own state. For example, a doctor agent commutes to the hospital at 8am, takes care of patients and then goes back home at 5pm. Another instance is that if a patient has a high fever and a cough, then he goes to hospital to search for consultation and medical care.
- An agent interacts with other agents in the environment when they are there. The environment is called a “spot”. Each spot in the model represents a room in the hospital. For example, a patient agent comes into a consultation room to meet a doctor. After examination, as prescribed by the doctor, the patient agent can be either hospitalized or advised to go home.
- Spot and agent can communicate and exchange information. For example, an agent can read the waiting list in the reception desk and wait for its own turn.
- An agent is accepted to interact freely with every spot, but direct interactions with other agents are prohibited. The interactions between agents are made indirectly via spots.
- Time of the simulation is modeled in discrete time steps. Each time step lasts for 10 minutes, which is considered to be appropriate for modeling human activities in the hospital. The simulation starts at time step zero and proceeds as long as desired, or until all the agents are out of action. The format of simulation time is dd/hh/mm (day/hour/minute).
- The simulation model contains some elements of randomness. For instance, the agents have initial physical condition that is assigned from a random distribution every day in the simulation.

The simulation model is developed with an agent-based simulation language called SOARS (Spot Oriented Agent Role Simulator) [15, 16]. The simulation engine and related built-in functional objects are implemented in Java language.

Figure 1 describes the organizational structure of a typical hospital. The hospital consists of a reception desk, a waiting room, a consultation room, a laboratory, a dispensary, a nurse station, a staff room, a doctor room, a locker room and 4 wards. It is assumed that there are 18 nurses working in 3 shifts a day, 7 doctors working in rotation, 1 clerk, 1 receptionist, 1 examiner, 1 dispenser, 1 cashier and 1 cleaner. Agents' activity pattern is described in Fig. 2.

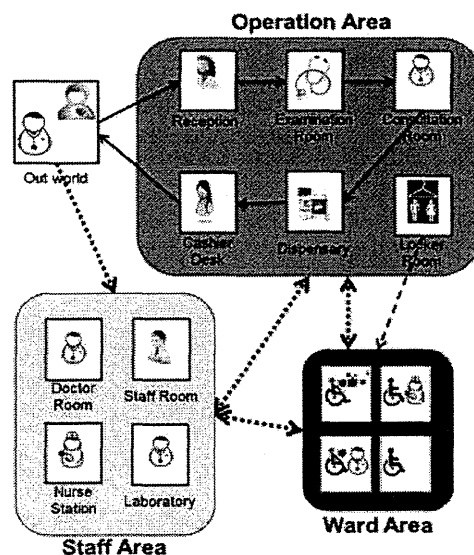


Fig. 1 Structure of an artificial hospital. Arrows illustrate movement directions of agents in hospital. Solid lines illustrate movement directions of patient and visitor agents, dot lines illustrate movement directions of health care worker agents

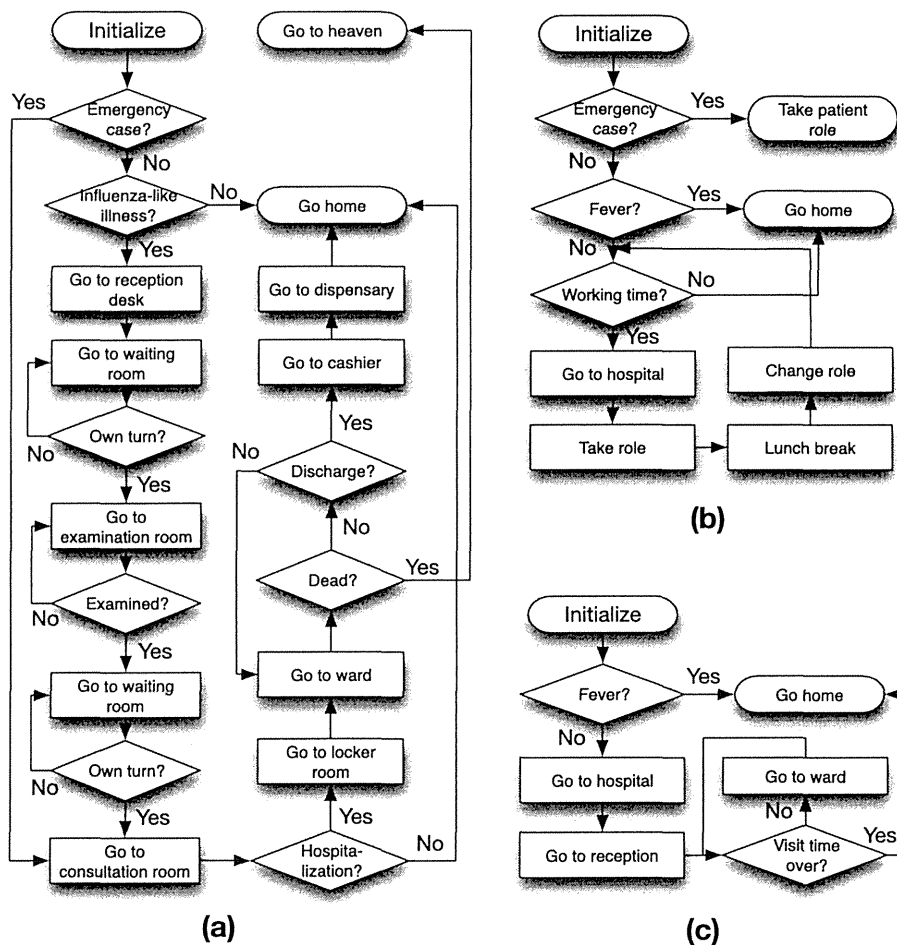


Fig. 2 Flowchart of movement of patients (a), healthcare workers (HCW) (b) and visitors (c) in the hospital

B. Infection Process Modeling

In this study, influenza-like illness (ILI) symptoms are defined as fever (>100° F) and cough or sore throat. There are three types of infection relevant to influenza are contact transmission, which are droplet transmission, and airborne transmission [17]. Traditionally, influenza viruses are believed to spread from person to person mostly through droplet transmission. These droplets travel only short distances (< 6 feet) and do not stay suspended in the air. Airborne transmission via small particle may also occur. Those particles, in contrast to droplets, can remain suspended in the air. Another indirect transmission involved with influenza infection is hand transfer from contaminated surfaces to mucous membrane of nose or mouth. However, the relative distribution of influenza transmission by these three types have not been established yet [18].

In this paper, infection process of the disease is modeled under the following assumptions. A novel contagious and deadly influenza-like illness emerges and spreads in a community. It causes an outbreak in the community hospital.

- Influenza-like illness symptoms are cough or sore throat, plus measured fever, shortness of breath and need for hospitalization.
- The virus is transferred via both droplet and airborne transmission.

The calculation of infection probability based on the interactions of agents within the environment is described below [20]. Let's have a set of agent *i* who exits in a set of location (we call "spot") *k*. Define Agent Virus Excretion Level (*AVEL*) of agent *i* at time *t* ($0 \leq AVEL[i](t) \leq 1$) as scale of virus excretion of the agent at the specific time. This parameter depends on the disease state of the agent (See TABLE I). Define Agent Hazard Level of an agent *i* at time *t* (*AHL*[*i*](*t*)) as the amount of virus excretion of the agent into the environment at the specific time. Then,

$$AHL[i](t) = AVEL[i](t) \times VEP[i](t) \tag{1}$$

, where Virus Excretion Protection ($0 \leq VEP [i](t) \leq 1$) represents the effects of protection measures (e.g., mask wearing) on virus excretion of the certain infected agent. The smaller *VEP*, the more effective the protection measure is (See TABLE III).