

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
平成 30—令和 2 年度総括研究報告書

「食品由来感染症の病原体の解析手法及び共有化システムの構築のための研究」

研究代表者 泉谷秀昌 国立感染症研究所細菌第一部第二室長

研究要旨：

食品由来感染症における病因物質である病原体に対し、分子疫学解析から得られる遺伝子情報（病原体情報）は、流行株を把握し、感染源を究明し、感染拡大を阻止する上で重要である。実際の感染症対策および施策にあたっては当該病原体情報を、疫学調査で得られた情報とともに、効率よく効果的に共有することが肝要である。腸管出血性大腸菌（EHEC）に対する主たる分子疫学解析手法としては、パルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）、IS-printing system (ISPS) および multilocus variable-number tandem repeat analysis (MLVA) がある。2018 年 6 月 29 日付で厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により MLVA に統一する方向性が示された。当該事務連絡に対応し、各ブロックにおいて、MLVA 法に関する研修会、各病原体解析手法に関する精度管理試験を実施した。また、MLVA 実施にあたってのデータ解析手法の検討、データベースの構築などを実施した。PFGE、ISPS についても同様に精度管理及びデータベースの構築を行った。アンケート調査の結果から、MLVA 実施率は 7 割近くに上昇した。EHEC 分離株の解析から、各地域もしくは全国における流行菌型の解析、広域株の探知が行われた。得られた情報を関係機関と共有、さらに必要に応じて研究班を通じて全国的に共有した。個々の集団事例及び広域集団事例への対応などに活用された。全ゲノム解析を使った MLVA 法の評価、事例対応にあたっての有用性等の評価を行った。収集した菌株の MLVA データ及び、地衛研から直接送付された MLVA データに関し、食中毒調査システム NESFD 掲示板への提供を行った。

研究分担者

岩渕香織（岩手県環境保健研究センター）
鈴木 淳（東京都健康安全研究センター）
松本昌門、山田和弘（愛知県衛生研究所）
河合高生（大阪健康安全基盤研究所）
狩屋英明（岡山県環境保健センター）

濱崎光宏（福岡県保健環境研究所）
伊豫田淳（国立感染症研究所）
研究協力者：大西 真、李謙一（国立感染症研究所）および各地方衛生研究所等関係者
（各研究分担報告書を参照）

A. 研究目的

食品由来感染症は病原体に汚染された食品を摂取することによって発生する。代表的な病原体で毎年流行を繰り返すものとして、腸管出血性大腸菌

(enterohemorrhagic *Escherichia coli*, EHEC) がある。EHEC 感染症は3類感染症の一つであり、年間3-4千名もの感染者を出す。溶血性尿毒症症候群などの合併症をおこし、10名程度の死者が出る年もある。当該病原体には多様なバリエーションが存在し、その流行型は毎年変化している。そのなかには複数の自治体をまたいで流行する広域株も存在し、その感染源を突き止めることは容易なことではない。本研究では分子疫学解析に関し、その開発・評価・精度管理、当該解析法に基づく病原体情報の収集およびデータベース化、ならびに当該病原体情報の効率的、効果的な共有化を行うためのシステムの構築を柱としている。本研究によって流行菌型の把握、ならびに広域事例における感染源の究明及び感染拡大の防止に貢献することを目指している。

B. 研究方法

1. 日本全国の地方衛生研究所（地衛研）を6ブロックに分け、各ブロック内の地衛研で分離菌株（腸管出血性大腸菌 0157 等）に対するパルスフィールドゲル電気泳動（PFGE）解析、IS-printing system（ISPS）、multilocus variable-number tandem repeat analysis（MLVA）の精度管理、研修会等を実施した。
2. 平成21年度に立ち上げた BioNumerics サーバの運用を見直した。一部機能を VPS サーバ上に移築し、MLVA シ

ステムの構築を行った。

3. 分担研究者及び研究代表者により、PFGE、ISPS 及び/もしくは MLVA によるデータベース構築を検討した。さらに、データベースを活用して集団発生事例等に対応した。

4. EHEC 0157、026、0111（主要3血清群）、0103、0121、0145、0165、091（追加5血清群）に関して MLVA を用いた病原体サーベイランスを検討した。

5. 2018年6月29日付の厚生労働省からの事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」に関連した MLVA データ授受に関する整備を行い、定期的に MLVA データを厚生労働省に提供、食中毒調査システム

（NESFD）上の掲示板に MLVA リストとして掲示された。

6. EHEC 0157 株を用いて全ゲノム配列（whole-genome sequence, WGS）を用いた解析を実施した。一塩基多型（single nucleotide polymorphism, SNP）を抽出し MLVA 法の結果と比較した。集団事例関連株について WGS 解析を行い、他の国内株と比較した。

7. EHEC 分子疫学解析の手法について、地衛研における実施状況を把握するためのアンケートを実施した。

C. 研究結果

1. 感染研における研究-1
2018-2020年に分離された EHEC について MLVA および PFGE 解析を行い、その型別結果に基づいて分離株の動向について調べた。PFGE を用いて 749 株の解析を行い、BioNumerics データベースに登録した。

MLVA を用いて EHEC 0157 4819 株、026 1624 株、0111 338 株、0103 516 株、0121 298 株、0145 158 株、0165 12 株、091 109 株、計 7874 株を解析し、それぞれ、1824、576、189、140、105、52、12、90 の型が同定された。シンプソンの多様性指数 (SDI) は 0.923-1.00 であった。5 機関以上で検出された広域 MLVA コンプレックスもしくは MLVA 型は 3 年間で 87 種類であった。2018 年 6 月 29 日に厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」に基づき地研から送付された MLVA データの解析を行い、3 年間で 32 機関からデータを受け、1636 株に型名を付与した。これらの送付データ並びに送付された菌株の解析結果と併せて情報還元・共有を行った。送付された MLVA データ処理のため、VPS サーバに MLVA システムの構築を行った。今後、MLVA をはじめとした分子疫学解析手法の手技的側面、データ解析、データの取り扱いといった側面における技術支援、並びに MLVA システムの運用検証など、共有に向け、さらにシステムの検討・改良の必要があると考えられた。

2. 北海道・東北・新潟ブロック

平成 30 年 6 月 29 日付け事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により遺伝子検査手法は MLVA に統一化するよう通知されたが、平成 30 年度当時、MLVA 導入は過渡期にあり、ブロック内の MLVA 実施の地衛研は 12 施設のうち 3 施設であった。ブロック内の地衛研の MLVA 導入に寄与すべく、平成 30 年度、令和元年度に MLVA 解析に必須のフラグメント解析用ソフトウェア

GeneMapper の操作に重点を置いた「腸管出血性大腸菌 MLVA 技術研修会」を開催した。令和 2 年 12 月現在、ブロック内地衛研では、導入予定の 3 施設を含めると 9 施設で MLVA 実施可能となっている。また、標記研修会では、PFGE、IPPS も含めた EHEC 解析データの運用方法や MLVA 実施に伴う疑問などについて情報共有を図っており、令和元年度には、トラブルシューティング集として「EHEC MLVA フラグメント解析判定事例集」を作成した。令和 2 年度については、感染症・食中毒事例や検査法等について情報を共有するため、新型コロナウイルス感染症に配慮して地方衛生研究所全国協議会 Webex 会議室を利用し研修会を 2 回開催した。

導入した分子疫学解析 MLVA について結果の信頼性を確保するため、ブロック内において精度管理を令和元年度から実施している。機器や試薬の安定した条件をみつけることが信頼性の確保された結果を得るために重要と言われている。増幅効率のよい PCR 試薬キットにより、多くの地衛研で判定に苦慮する「低いピーク」が改善されたと報告があり、PCR 試薬により安定した MLVA データが確保されるのであれば、安定した条件のひとつとして検討されると考えられた。

3. 関東・甲・信・静岡ブロック

異なる施設で解析した結果を相互に比較するためには、各施設の検査・解析レベルが一定以上であることが重要なことから、腸管出血性大腸菌 0157 共通菌株を用いた分子疫学解析法の精度管理を行い、各施設の技術レベルと信頼性向上を図った。PFGE、ISPS および MLVA について実施した結果、

すべての施設で良好な結果であった。

この3年間に11施設すべてでMLVAによる行政検査が実施可能となり、必要に応じて他の自治体間との情報共有と散发事例に対応してきたことがアンケート調査で明らかとなった。その一方で、現状ではMLVAは0157、026、0111の3血清型の解析方法であることから、これまで実施してきたPFGEによる精度管理も引き続き必要であるという意見がすべての施設から挙げられた。

3年間に東京都で検査を実施した腸管出血性大腸菌1131株の血清型において、0157が733株(64.8%)と最多で、次いで026が118株(10.4%)、0121が75株(6.6%)であった。MLVAが実施可能な主要3血清型の割合は76.7%(868株)で、今後0121および0103においてもMLVAが可能となれば、全体の約90%において効率的な情報の共有化が可能となると思われる。

4. 東海・北陸ブロック

東海・北陸地方11施設(地衛研、及び衛生試験所、以下各地研)において、EHECの分子疫学解析法の精度管理を実施した。平成30年度にはEHECのみならず全ての食中毒菌に適用可能で、最も汎用性に優れているPFGEの精度管理を、令和元年度には迅速・簡便な方法として各地衛研で汎用されているISPS)の精度管理を、令和2年度にはEHEC3血清型(0157、026、0111)に対する分子疫学解析法であるMLVA法についての精度管理を実施した。MLVA法の精度管理のみ、11施設のうち既にMLVA法が実施可能な8施設に対して実施した。また、令和2年度には愛知県内の中核市3市に対して、実習を交えたMLVA初期導入研修を実施した。愛知県内東海・北陸ブロックで分子疫

学手法を用いて解析した事例の報告を行った。

1) 平成30年度

1-1) PFGE 精度管理

11施設から送付された0145、0121計3株のPFGE泳動図について解析を行った結果、その相同性は菌株1は96.8%、菌株2は96.5%、菌株3は97.8%であった。過去に研究班活動として行ったPFGE精度管理では3年間の研究期間のうち特に1年目ではその相同性は低く80%を下回ることも多々あった。5年以上の間PFGE精度管理を行っておらず、かつ研究期間の1年目であることを考えると、今回は優れた結果が得られている。これは当研究班のこれまでの活動によるものと考えられるが、各施設で発生した食中毒事例の分子疫学解析にPFGEを使用していることも大きな要因であると思われる。

1-2) 分子疫学手法を用いて解析した事例の報告

平成30年度は2事例の報告があった。ひとつは腸管出血性大腸菌0157(VT1VT2)による事例で当該施設がMLVAによる遺伝子型別を実施した事例であった。もうひとつは腸管毒素原性大腸菌025による食中毒事例であった。地方衛生研究所でPFGEを実施し、解析結果を県内関係自治体に報告した。特に后者では東海・北陸ブロック内で連携して分子疫学解析を実施した好例となったと思われる。

2) 令和元年度

2-1) ISPS 精度管理

1st set: 検体No1では3施設が1-2と1-3の間のエキストラバンドを1-3と判定していた。また、1施設は1-14と1-15の間のエ

キストラバンドを 1-15 と判定していた。検体 No2, 3 に関しては全施設誤判定はなく一致していた。2nd set : 検体 No1 では 9 施設では正しく報告されたが、2 施設は不一致であった。1 施設は 2-2 と 2-3 の間の判定が誤っていた。また、1 施設は単純な入力ミスであった。検体 No2, 3 に関しても 9 施設では正しく報告されたが、2 施設が不一致であった。1 施設では 2-1 と 2-2 の間のエキストラバンドを 2-1 と判定していた。1 施設は単純な入力ミスであった。以上の結果から東海・北陸ブロック全 11 施設で概ね良好な結果が得られた。しかし、注意点として 1) よく確認されるエキストラバンドを認知していること。2) 高サイズ領域のバンドの判定を慎重に行うこと。3) エクセルシートへの入力の際は、複数人で結果の確認をおこなうことが重要である。

2-2) 腸管出血性大腸菌の MLVA 解析

118 株の 0157 は 106 MLVA 型に、42 株の 026 は 37 MLVA 型に型別することができた。

2-3) 東海・北陸ブロックで分子疫学解析を実施した事例

愛知県で患者が確認された 2 つの *Escherichia albertii* 食中毒等事例について PFGE 解析を行った。その結果、事例 1 は分離株全てにおいて 95%以上の相同性があった。事例 2 では分離 5 株のうち、4 株は遺伝子型が一致したが、1 株は大きく遺伝子型が異なっていた。

3) 令和 2 年度

3-1) MLVA 精度管理

各施設から提出された MLVA 実施結果の各領域のリポート数を比較したところ、概ね一致した成績が得られており、東海・北陸ブロックの MLVA の検査精度は良好であった。

しかし、各施設における MLVA で得られるピークの高さには大きな差がみられ、判定に苦慮すると考えられる程度にピークが低い検体もあった。ピークの高さの施設ごとの差は使用するシーケンサーの違いや PCR 酵素及びプライマー濃度等の反応時点での違い等が考えられ、各施設で安定した結果を得ることを可能にすることは今後の課題であると考えられた。また、出力したファイルの貼り付けと結果の確認のみで、入力ミスや転記ミスといった人的要因のミスをなくすることが可能な記入用紙の統一は非常に有用であると考えられた。

3-2) MLVA 導入研修の実施

MLVA 導入研修会は、参加者に全体的に好評であった。今後も MLVA に関して、担当者間での情報共有が重要であり、研修会等の開催も継続的に必要であると考えられた。

3-3) 東海・北陸ブロックで分子疫学的解析を実施した事例

愛知県で患者が確認された *Shigella sonnei* 集団感染事例について PFGE 解析を行った。その結果、分離株全てにおいて 95%程度の相同性があった。

5. 近畿ブロック

EHEC の分子疫学解析法の 1 つである MLVA の地衛研への導入促進を目的として、以下の①～④の研究を実施した。①回帰分析を利用した MLVA の新規リポート数決定法(新規解析法)を開発した。本方法は、従来法よりも汎用性が高く、従来法と同等以上の精度でリポート数を決定できると考えられた。②近畿ブロック内の地衛研を対象とした技術研修会を開催するとともに、MLVA 実施時に躓きやすいポイント等をまとめた Q&A を作成し、近畿ブロックの地衛研に配布した。

③検査結果の信頼性確保を目的とした MLVA 精度管理を実施した。その結果、施設間で MLVA の技術レベルに差があることが明らかになった。④MLVA 検査体制が整備されるまでの期間は、近畿 IS データベースを運用し、流行株の解析情報を近畿ブロック内の地衛研で共有した。データベース登録施設数が年々減少したこと等を考慮して、令和 2 年度に近畿 IS データベースの更新を停止した。EHEC の遺伝子型別法は MLVA に統一される予定であるが、その技術レベルには施設間で差があった。疫学解析精度の確保・向上のために、今後も継続して MLVA の精度管理を実施して技術レベルの底上げを図る必要がある。

6. 中国四国ブロック

食品由来感染症の広域事例発生時には、症例間の関連性を明らかにするため、各症例由来株の分子疫学解析結果等を各自治体が共有し、病原体分離株の比較・解析を行うことが有用である。地方衛生研究所(地衛研)が実施した分離菌株の分子疫学解析結果を用いて各自治体保健衛生部局が適正に解析等を行うには、地衛研における分離菌株の分子疫学解析手法の技術維持や解析精度・解析能力の向上による精度管理体制の強化が必要不可欠である。そこで、中四国ブロック内の施設を対象に、EHEC 0157 菌株を用いた ISPS、PFGE 法及び MLVA 法による精度管理を実施した。その結果、一部の施設を除いて、ほとんどの施設で良好な結果が得られたが、一部の施設では技術の習熟、改善及び工夫が必要と思われた。また、MLVA については、導入する地衛研は増加傾向にあり、更に全国的な普及が予想される。MLVA を導入する施設に対して、技術研修及び本

研究成果に基づく MLVA 導入に係る技術的支援並びに導入後の継続的な精度管理の実施が、中四国ブロックにおける検査精度管理体制の強化のためには必要と考えられた。

平成 30 年度から令和 2 年度に、中四国ブロックで発生した EHEC による感染事例について、分子疫学解析結果や疫学情報を収集し、厚生労働省健康局結核感染症課及び厚生労働省医薬・生活衛生局食品監視安全課から平成 30 年 6 月 29 日に発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」に基づいた食品保健総合情報処理システム (NESFD) の全国の MLVA 情報も参考としながら比較調査した。その結果、同一の MLVA 型や同一の IS コードの EHEC 菌株による感染事例が複数の自治体で確認されたが、中四国ブロック内では同一汚染源による広域的な腸管出血性大腸菌を原因とする食中毒は認められなかった。

3 年間にわたる本研究により、菌株解析を行う中四国ブロックの地衛研の解析技術の向上を図ることができたものとする。更には、IS-printing System、PFGE 法、MLVA 法による EHEC 分子疫学解析手法の精度管理実施により、サーベイランス技術水準の向上に貢献したものとする。

7. 九州ブロック

九州ブロックでは、①ISPS による IS 型別データベースの運用、②EHEC 検出状況の解析、③EHEC による集団発生事例の集約、④精度管理の 4 項目について取り組んだ。

九州ブロックにおける EHEC 0157 の IS 型別のデータベースへの登録数は令和 2 年 2 月 10 日現在で 2,157 件であり、毎年 200 件前後の登録で推移していたが、近年、減少傾

向にある。これは ISPS 型別のデータベースを活用する地衛研が減少していると考えられることから、その運用について見直す必要があると考えられる。九州ブロックで平成 30 から令和 2 年度に収集された EHEC は 1,182 株であった。その 0 群の内訳は、0157 が 540 株と最も多く、026 が 275 株、0111 が 78 株、0103 が 77 株、0121 が 75 株の順であった。例年収集される EHEC の 0 群血清型に大きな変化は認められなかった。平成 30 年度から令和 2 年度の 3 年間の EHEC による集団発生事例は 38 事例であった。発生場所は、保育所など従来から多発している施設での事例が多い傾向は変わらなかった。精度管理は PFGE、ISPS 及び MLVA について実施した。PFGE、ISPS 及び MLVA の精度管理において、一部誤判定がみられた。今後、EHEC の分子疫学解析手法が MLVA に移行すること、及び地衛研によっては人事異動等で職員の入れ替わりにより技術の継承が困難になっていることを考慮すると、MLVA の継続的な精度管理及び研修が必要と考えられる。

8. 感染研における研究—2

集団感染事例の調査における全ゲノム配列 (whole genome sequence : WGS) 解析の適応性評価と MLVA のゲノムレベルでの評価を目的に、WGS 解析環境の構築、および 2013 年から 2020 年に国内で分離された EHEC 0157 を対象とした WGS 解析を行った。WGS 解析の結果、疫学関連のある株間では 4 か所以内の SNP のみが認められた。この数を基準として MLVA を評価すると、同一 MLVA 型では SNP 解析とほぼ同一の型別能があったのに対して、1-3 か所以上の座位が異なる MLVA 型の株では、遺伝的に遠い株が含まれることが分かった。また、DNA 複製時のエラーを除去修復す

る蛋白質をコードする *mutS* に欠失がある場合は、SNP 数が過大に現れるために解析には注意を要することが確認された。以上の結果から、0157 の集団感染の検知能では、WGS と MLVA との間に大きな差は認められなかったものの、疫学関連が未知の菌株間など詳細な解析の際には、WGS がより高い型別能を有するため有用であることが明らかとなった。国内 0157 の網羅的 WGS 解析からは、解析した国内集団感染事例由来株の clade は 2, 3, 7, および 8 が大部分を占めた。このうち clade 7 においては、亜系統 (subclade) ごとに重症化率が異なっていたため、病原性の違いが示唆された。上記の解析結果をもとに、2019 年に報告された 2 件の国内集団感染事例について WGS 解析をおこなったところ、いずれの事例においても事例内での SNP は 5 か所以内となっていた。また、2020 年に菌株が多数分離された MLVA コМПレックス 3 件を詳細に解析したところ、そのうちの 1 種のコМПレックス (20c022) では、100 株以上の近縁株が抽出され、国内で近縁性の高い集団が流行型となっていることが判明した。

9. その他

1) ブロックアンケート結果

EHEC の分子疫学解析手法 PFGE、ISPS および MLVA について各地衛研での実施状況をアンケート形式で情報収集した。毎年 70 前後の地衛研から回答を得た。PFGE 実施率は 83%、ISPS 実施率は 56%、MLVA 実施率は 66%であった。2018 年と比較し PFGE はほぼ変わらず、ISPS で低下が、MLVA では増加が見られた(それぞれ 85→83%、84→56%、33→66%)。

2) MLVA 解析設定ファイルの配布

MLVA データ解析にあたり使用するソフト Genemapper の設定ファイルを 3 年間で延べ

63 機関に配布した。

3) MLVA 解説書の作成

MLVA に関して理解を広げるため、比較的平易な「MLVA 法解説」を作成し、ホームページ上に公開した。

D. 考察

食品由来感染症において、病因物質である細菌の分離株に対し分子疫学解析手法を駆使し、菌株間のつながりを明らかにすること、そしてその情報を関係機関と共有し、患者の疫学情報と関連させ、事例対応に活用していくことは、感染原因の究明や感染拡大の阻止などの感染症対策を講じるために重要な要素である。

EHEC 分離株の分子疫学解析の結果から、全国及び各ブロックにおいて流行菌型の調査がなされ、食中毒などの行政対応に結び付いた事例が報告された。毎年多くの広域株が検出された。中には広域食中毒事例に関する株も含まれた。こうした事例対応に病原体情報が活用された。

EHEC においてはこれまで PFGE、ISPS、MLVA が分子疫学解析手法として開発、検討、使用されてきた。2018 年 6 月 29 日付に厚生労働省より発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により、EHEC 病原体解析手法として MLVA に統一し、MLVA データの感染研への送付と型名付与を行う（または分離株を送付し MLVA 型を取得）という方向性が示された（0157、026、0111 が対象）。

本研究のアンケート結果から、地衛研では ISPS の実施率の減少、MLVA の実施率の上昇が観察された。これは上記事務連絡に

よる影響、本研究班及びさまざまな支援により、MLVA の普及に向けて地衛研が動いていることを示している。MLVA が各地衛研で導入され、病原体解析手法としてルーチ的に機能するには、一層の支援が必要と考えられる。また、データの解析システムの整備、情報共有に向けたシステム整備等も必要と考えられる。各試験法の実施状況はブロックごとに様々であり、また地衛研では毎年担当者の交代が少なからず発生する。本研究班による精度管理の実施、解析手法の検討、研修会等は、各ブロック及び地衛研における病原体解析の体制維持、MLVA 普及に向けた能力向上、問題点の共有などの観点から重要な位置を占めており、今後も継続して実施していく必要がある。

本研究班においては closed network 上に病原体情報のデータベースを利用するシステム、すなわちパルスネット、ISPS データベースの構築および運用を進めてきた。しかしながら、病原体解析手法の MLVA への移行が進みつつあり、MLVA のためのシステム構築が必要と考えられる。VPS サーバ上に MLVA システムを構築し、現在分担研究者を中心に運用を検討中である。今後ユーザーを増やしていくにあたり、運用面等での検討を重ねていく必要がある。各ブロックにおいても主たるデータベースを ISPS から MLVA に移行する検討が進められている。

わが国では上記のように MLVA が EHEC 分離株の第一の解析手法として、PFGE、ISPS が第二の選択肢として活用される方向になりつつある。分離菌株の全ゲノム解析を用い、MLVA の結果と比較することで、MLVA の評価を行った。ゲノム解析は最も信頼性の高い病原体解析手法であるが、かかる費用

と時間の関係からルーチン化することは難しい。しかしながら、蓋然性の高い解析が可能となり、今後もゲノム解析を使った検討を続けていくことは現行の病原体サーベイランスの性能を理解する点、流行中の病原体の系統を知る点において重要である。

E. 結論

病原体の分子疫学解析手法における技術開発、データの蓄積ならびに情報の共有は感染症対策において必須である。

EHEC 感染症においては、分子疫学解析手法として MLVA を導入したことでよりリアルタイムに近いサーベイランスが可能になりつつある。2018 年 6 月に厚生労働省から発出された事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」により病原体解析手法として MLVA にシフトする方向性が示された。いくつかの事例では MLVA データを直接地衛研と感染研とでやりとりすることで迅速な対応に結び付いた。本研究班並びに各地衛研における努力によって MLVA を実施する地衛研が増えつつある。しかしながら、病原体サーベイランス並びに情報共有システム構築には、病原体解析手法の普及、整備、精度管理、データ解析及び共有のためのシステム構築、技術的及びシステムの問題点の情報収集など多くの課題があり、今後も各工程において検討および改善を図っていくことが重要である。

F. 健康危険情報

特記事項なし

G. 研究発表

1) 誌上発表

1. 泉谷秀昌、李謙一、伊豫田淳、大西真：2017 年に分離された腸管出血性大腸菌の MLVA 法による解析。IASR、第 39 巻、81-82、2018 年 5 月
2. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の分子疫学解析について。獣医公衆衛生研究、第 20 巻、6-11、2018 年
3. 泉谷秀昌、李謙一、伊豫田淳、大西真：2018 年に分離された腸管出血性大腸菌の MLVA 法による解析。IASR、第 40 巻、81-82、2019 年 5 月
4. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の分子疫学解析 (MLVA 法) について。食品衛生学雑誌、第 60 号第 1 巻、J-7-8、2019 年 2 月。
5. 泉谷秀昌：広域散発事例探知に向けた取り組み。日本食品微生物学会雑誌、第 36 巻第 1 号、10-12、2019 年。
6. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌～分子疫学解析を利用した病原体サーベイランス。感染制御と予防衛生、第 3 巻第 2 号、75-80、2019 年。
7. 泉谷秀昌、李謙一、伊豫田淳、大西真：2019 年に分離された腸管出血性大腸菌の MLVA 法による解析。IASR、第 41 巻、71-72、2020 年 5 月
8. Izumiya H, Lee K, Ishijima N, Iyoda S, Ohnishi M. Multiple-Locus Variable-Number Tandem Repeat Analysis Scheme for Non-O157 Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli*: Focus on Serogroups O103, O121, O145, O165, and O91. Jpn J Infect Dis. 2020 Nov 24;73(6):481-490.
9. Lee K, Izumiya H, Iyoda S,

Ohnishi M. Effective surveillance using multilocus variable-number tandem-repeat analysis and whole-genome sequencing for enterohemorrhagic *Escherichia coli* O157. Appl Environ Microbiol. 2019 Sep 1;85(17).
10.

2) 学会発表等

1. 泉谷秀昌：広域散発事例探知に向けた取り組み。第39回日本食品微生物学会学術総会、2018年9月、大阪府大阪市。

2. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌 O157、O26、O111 株の MLVA 解析について。平成30年度 地域保健総合推進事業 腸管出血性大腸菌 MLVA 技術研修会、2018年10月、東京都。

3. 泉谷秀昌、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：腸管出血性大腸菌分離株の分子疫学解析状況について、2018年。第22回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2018年11月、東京都。

4. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の分子疫学。日本防菌防黴学会第45回年次大会、2018年11月、東京都。

5. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の MLVA について。平成30年度関東甲信静ブロック地域専門家会議、2018年12月、埼玉県。

6. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の MLVA 解析。平成30年度 希少感染症診断技術研修会、2019年2月、東京都

7. 泉谷秀昌：基礎から分かる MLVA について。平成30年度 杉並区「食品衛生監視員研修会」、2019年2月、東京都

8. 李謙一、泉谷秀昌、伊豫田淳、大西

真：WGS 解析による MLVA の評価と効率的腸管出血性大腸菌 O157 サーベイランス手法の確立。第92回日本細菌学会総会、2019年4月、北海道札幌市

9. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌の分子疫学解析について。衛生微生物技術協議会第40回研究会、2019年7月、熊本県熊本市。

11. 泉谷秀昌：MLVA 法の概要について。令和元年度特別区専門研修「検査技術」、2019年9月、東京都。

12. 泉谷秀昌：腸管出血性大腸菌 O157、O26、O111 株の MLVA 解析について。令和元年度 地域保健総合推進事業 腸管出血性大腸菌 MLVA 技術研修会、2019年11月、東京都。

13. 泉谷秀昌、李謙一、石嶋希、伊豫田淳、大西真：2018年における腸管出血性大腸菌の MLVA による分子疫学解析。第40回日本食品微生物学会学術総会、2019年11月、東京都。

14. 小西典子、原田幸子、尾畑浩魅、河村真保、鈴木淳、貞升健志：2017年に東京都で発生した Diffuse outbreak と分子疫学解析。第39回食品部生物学会、2018年9月、大阪府

15. 原田幸子、小西典子、尾畑浩魅、河村真保、鈴木康規、鈴木淳、貞升健志：2017年に発生した腸管出血性大腸菌による散発事例由来株の SNP 解析。第31回地方衛生研究所全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会、2019年2月、千葉市

16. 佐藤孝志、松下明子、塚本展子、砂押克彦、福島浩一、倉園貴至：埼玉県で分離された腸管出血性大腸菌の解析に

- ついて—MLVA 法を中心に—。第 31 回地方衛生研究所全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会、2019 年 2 月、千葉市
17. 小西典子、原田幸子、尾畑浩魅、河村真保、山梨敬子、小野明日香、齊木大、前田雅子、赤瀬悟、門間千枝、畠山薫、鈴木淳、貞升健志：2018 年に東京都で分離された腸管出血性大腸菌の特徴と食中毒事例。第 23 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2019 年 11 月、松山市
 18. 小西典子、河村真保、尾畑浩魅、山梨敬子、小野明日香、原田幸子、齊木大、前田雅子、赤瀬悟、門間千枝、畠山薫、鈴木淳、貞升健志：東京都内で発生した腸管出血性大腸菌 O121 による食中毒事例とその検査法。第 31 回日本臨床微生物学会総会学術集会、2020 年 2 月、金沢市
 19. 長岡宏美、大越魁、鈴木香菜、小川紋、水元嗣郎、森主博貴、神田隆、岩佐浩行、山田裕貴、中嶋郁子、岩佐裕子、久川祐稔：Diffuse outbreak が疑われた VT 産生 O145 による胃腸炎事例。第 32 回地方衛生研究所全国協議会関東甲信静支部細菌研究部会研究会、2020 年 2 月さいたま市
 20. 若林友騎、原田哲也、河合高生、高橋佑介、梅川奈央、泉谷秀昌、川津健太郎：単回帰分析を用いた EHEC MLVA のリピート数決定法の検討。第 23 回腸管出血性大腸菌感染症研究会、2019 年 11 月 愛媛県
 21. 若林友騎、高橋佑介、梅川奈央、原田哲也、河原隆二、余野木伸哉、河合高生、川津健太郎：EHEC MLVA 検査体制の確立と大阪府内分離株の解析。令和元年度地方衛生研究所全国協議会近畿支部細菌部会研究会、2019 年 11 月和歌山県
 22. 中山志幸、重村洋明、カール由起、江藤良樹、濱崎光宏、世良暢之：福岡県における愛玩動物の *Capnocytophaga* 属菌の保有状況調査。第 71 回日本細菌学会九州支部総会、2018 年 9 月福岡県
 23. 濱崎光宏：病原体検査における精度管理について。第 45 回九州衛生環境技術協議会特別講演、2019 年 10 月長崎県
 24. 杉岡由美子、濱崎光宏、吉田弘：九州ブロック内における遺伝子解析装置に関する技術管理研修について。第 78 回日本公衆衛生学会総会、2019 年 10 月高知県
 25. 濱崎光宏、杉岡由美子、近藤芳樹、吉田弘、調恒明：「検査プロセスの改善 (KAIZEN) に向けたワークショップ」の開催について。第 33 回公衆衛生情報研究協議会総会・研究会、2020 年 1 月埼玉県
- H. 知的財産権の出願・登録状況**
1. 特許取得
なし
 2. 実用新案登録
なし
 3. その他
なし