

鳥取県病原微生物検出情報

(令和5年12月検出分；検体採取 令和5年9月～12月)

令和6年1月19日
鳥取県衛生環境研究所

1 インフルエンザ

臨床診断名がインフルエンザの検体8件（検体採取11月下旬から12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2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1のとおり）

表1 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	
	11月24日	東部	1	0	1	0	0	今回報告分
	12月6日	西部	1	1	0	0	0	今回報告分
	12月8日	東部	1	0	1	0	0	今回報告分
	12月18日	西部	2	1	1	0	0	今回報告分
	12月20日	西部	1	0	1	0	0	今回報告分
	12月23日	西部	1	0	1	0	0	今回報告分
病原体定点PCR検査合計 (2023/9/4～現在)			18	4	14	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（1月12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1）

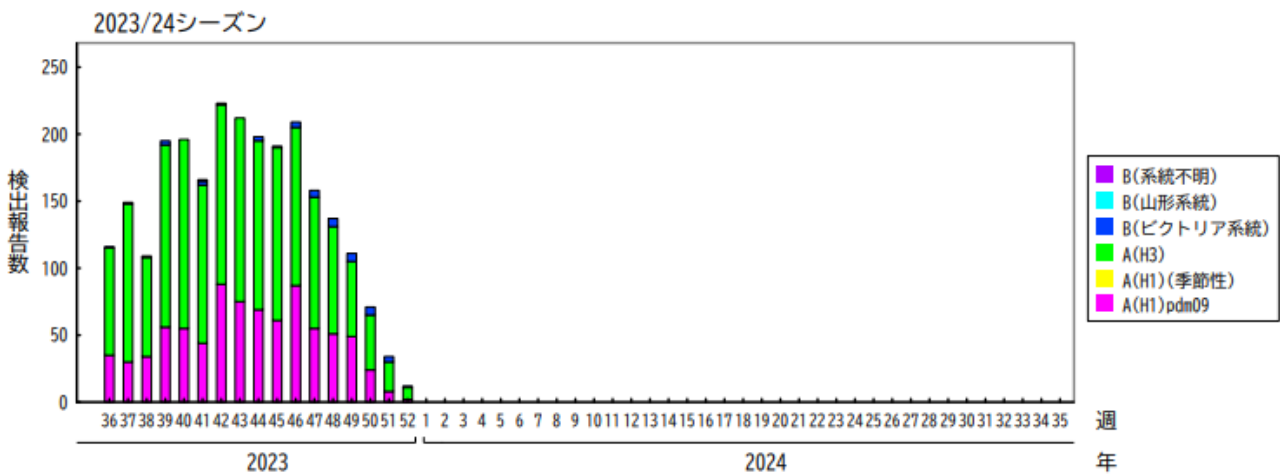


図1 週別インフルエンザウイルス分離・検出報告数 (2023/24シーズン)
出典：国立感染症研究所病原微生物検出情報 (2024年1月12日作成)

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、サポウイルスが2件（GI. 1型1件、GV. 1型1件）、アデノウイルス41型が2件、エンテロウイルスが2件（E3型1件、CV-A9型1件）検出された。（詳細は表2のとおり）

表2 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
230072	11月上旬	(-)	(-)	(-)	(-)	検出 (41型)	(-)	(-)
230074	11月上旬	(-)	検出 (GV. 1型)	(-)	(-)	(-)	(-)	検出 (E3型)
230075	11月中旬	(-)	(-)	(-)	(-)	検出 (41型)	(-)	(-)
230076	11月下旬	(-)	検出 (GI. 1型)	(-)	(-)	(-)	(-)	検出 (CV-A9型)
検出計		0件	2件	0件	0件	2件	0件	2件

(-) : 未検出

3 咽頭結膜熱

臨床診断名が咽頭結膜熱の検体1件（検体採取9月中旬（検体番号 230071））について検査を実施したところ、アデノウイルス2型が検出された。

国立感染症研究所の病原微生物検出情報（1月12日作成）によると、2023年における全国の咽頭結膜熱から分離・検出されたウイルスについては、アデノウイルス3型が最も多く、次いでアデノウイルス2型が報告されている。（図2）

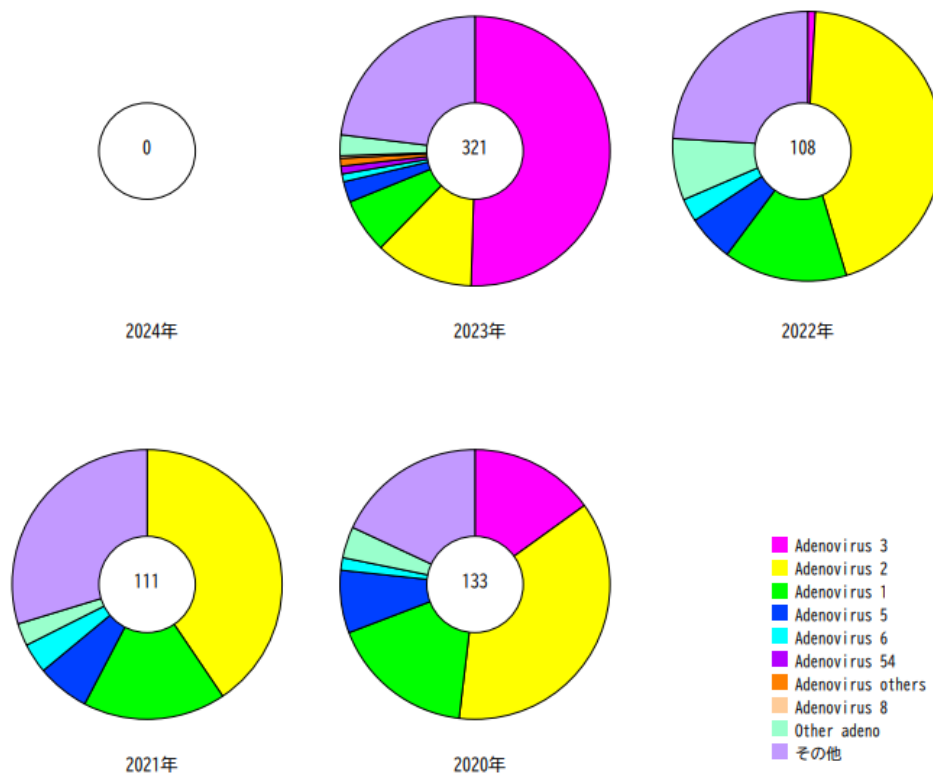


図2 咽頭結膜熱患者から分離・検出されたウイルス（2020年～2024年）

※円グラフの中の数字は年ごとの分離・検出報告の総数を示す

出典：国立感染症研究所病原微生物検出情報（2024年1月12日作成）

4 流行性角結膜炎

臨床診断名が流行性角結膜炎の検体1件（検体採取11月上旬（検体番号230073））について検査を実施したところ、アデノウイルス3型が検出された。

国立感染症研究所の病原微生物検出情報（1月12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54型が最も多く、次いでアデノウイルス3型が報告されている。（図3）

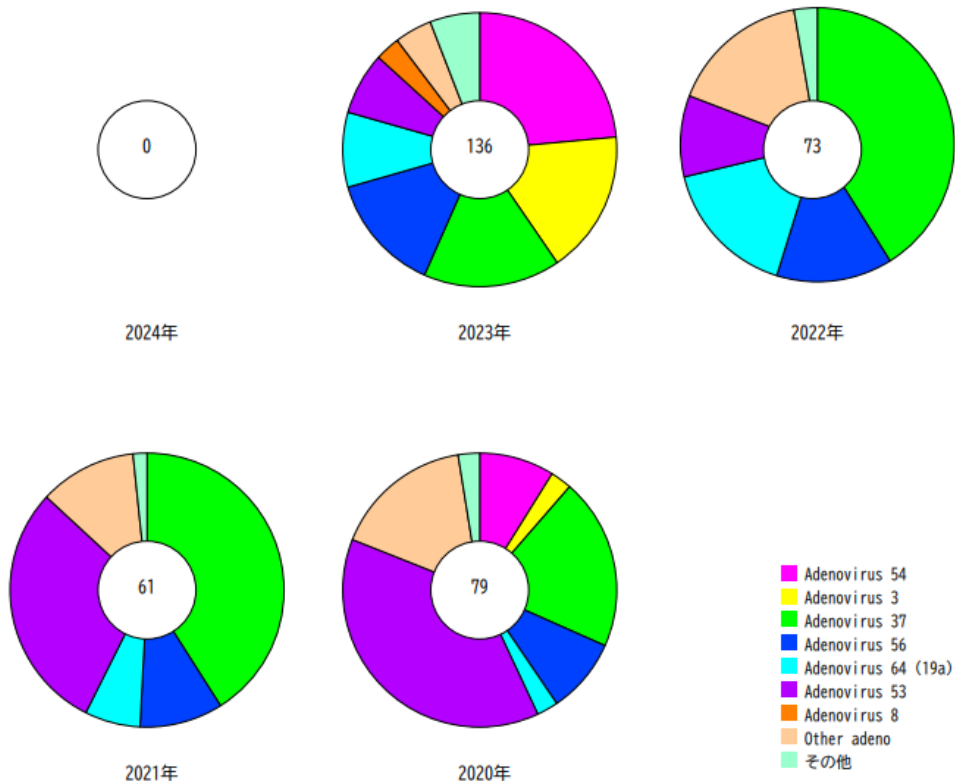


図3 流行性角結膜炎患者から分離・検出されたウイルス（2020年～2024年）
※円グラフの中の数字は年ごとの分離・検出報告の総数を示す

出典：国立感染症研究所病原微生物検出情報（2024年1月12日作成）

5 カルバペネム耐性腸内細菌目細菌感染症

2023年11月に同一医療機関から近接した時期に届出のあった4件について、院内感染の疑いがあったため、保健所からの依頼に基づき次世代シーケンサーを用いて株間の関連性の検討を行った。

検体1、2は *Serratia* 属、検体3は *Enterobacter* 属、検体4は *Klebsiella* 属と菌種は異なっていたが、プラスミド上の共通の耐性遺伝子が広がった可能性も考えられた。そこで次世代シーケンサーから得られたデータを耐性遺伝子検出サイトである ResFinder により耐性遺伝子の網羅的解析を行ったが、4検体共通の耐性遺伝子は検出されなかった（表3）。検体3、4は菌種が異なり共通の耐性遺伝子もないことから、それぞれ他の検体との関連性は乏しいものと考えられた。

検体1、2からは共通の耐性遺伝子が検出され、両菌株ともに PlasmidFinder にてプラスミドが検出されなかったためこれらの遺伝子は染色体上にあるものと推定された。菌種も同じであったことから、検体1、2については、同じ染色体を有する菌株が広がった可能性が考えられた。そこで、検体1、2の菌株の染色体の相同性について検討したが、PubMLST による解析では cgMLST*の結果が全く異なり（表4）、CSI phylogeny による系統樹解析では差異が大きいと推測された（図4）。

以上から検体1～4すべてが互いに関連性が乏しいと考えられた。

※cgMLST (core genome Multi-locus Sequence typing) : 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。

表3 薬剤耐性遺伝子の網羅的検出結果

検体番号	発生届年月日	菌種	検出された遺伝子
1	2023. 11. 22	<i>Serratia marcescens</i>	<i>aac(6')-Ic, tet(41)</i>
2	2023. 11. 22	<i>Serratia marcescens</i>	<i>aac(6')-Ic, bla_{SST-1}, tet(41)</i>
3	2023. 11. 28	<i>Enterobacter cloacae</i>	<i>bla_{ACT-9}, mcr-10, fosA</i>
4	2023. 11. 28	<i>Klebsiella aerogenes</i>	(-)

(-) : 未検出

表4 cgMLST 解析結果

領域名 検体番号	SERR 00005	SERR 00010	SERR 00015	SERR 00030	SERR 00035	SERR 00050	SERR 00055	SERR 00060	SERR 00065
検体 1	-	239	283	220	167	97	81	77	64
検体 2	199	154	130	16	81	135	136	141	1

※表中の数値は各領域における検体のアレール識別番号を示す。

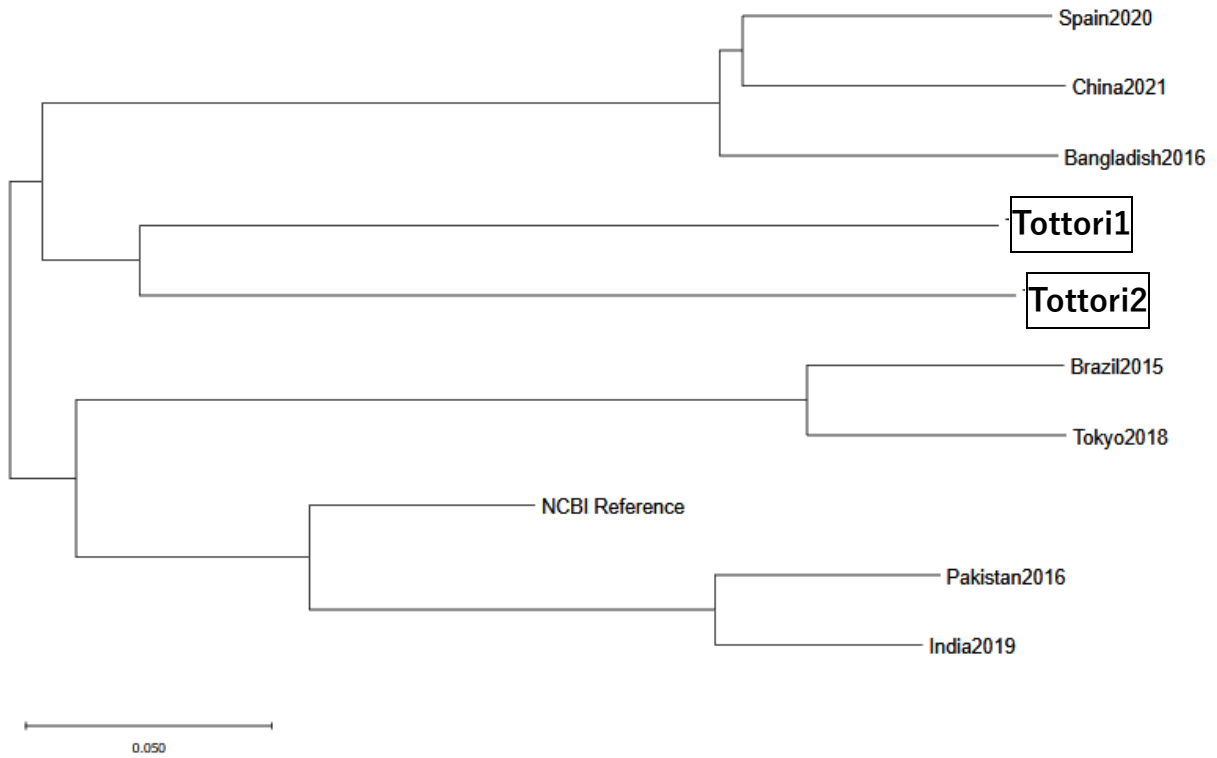


図4 同一菌種間 (*S. marcescens*) の系統樹