

通常検査体制

四宮 博人, 調 恒明

今回のパンデミックで問題になったのは、流行の拡大により検査数が大幅に増大し、通常検査体制では対応が難しくなった点である。そのため、各地衛研では検査体制の強化を図った。著者らの全国調査では、検査従事者数が平時の従事者数の約 3 倍に増加し、増員の内訳としては、地衛研内での業務シフト、所属自治体職員の派遣、臨時雇用などによる増員が多かった。リアルタイム PCR 装置が約 2 倍に増加し、次世代シーケンサーも 6 倍に増加した。流行初期の 2020 年 3 月では、1 日あたり実施可能検査件数が 2724 件であったが、第 5 波の時点では、18201 件と約 7 倍に増加し、ゲノム解析によって地域の流行状況を的確に把握し、感染対策に還元した。

一方、パンデミックという地球規模の感染拡大であるため、検査に必要な試薬や消耗品の入手が国際的に競合し、確保が難しい状況となった(特に、検体輸送用培地、全自動機器用試薬、核酸抽出試薬、PCR 関連試薬、NGS 関連試薬、ピペットチップ、リアルタイム PCR プレート、唾液採取容器、スワブ、滅菌スポイト、グローブなど)。地衛研によっては、検体輸送用培地を自前で作成するなどの対応を行った。国内生産品の増産や平時における備蓄なども考慮すべきと思われる。

新型コロナウイルス感染症対応記録
日本公衆衛生協会 p.268-275, 2023

愛媛県におけるアワテコヌカアリの家屋侵入事例

原 有助, 村上 裕

アワテコヌカアリは外来種として知られ、原産地は不明であるが熱帯から温帯にかけて広域分布し、北半球では亜寒帯まで見られる。日本では南西諸島や小笠原諸島に分布し、本土では 1926 年に大阪府で確認以降、本州、四国、九州に広がっている。本種はまた、屋内に侵入し食料品を食害する家屋害虫としても知られている。今回、検視した標本に基づき愛媛県初となる家屋侵入事例を確認したため、ここに報告する。当該地域への侵入経路は不明であるが、聞き取りによればおよそ 3 年前から見られてい

Isolation of OXA-48-like carbapenemase-producing *Escherichia coli* susceptible to piperacillin/tazobactam in a Japanese patient without a history of travel abroad.

Kaneko M, Masuda Y, Sawachika H, Shikata H, Moriyama C, Miura M, Yamamoto H, Nakamura T, Fukumoto K, Utsunomiya Y, Sakai K, Ito Y, Ujike A, Asano Y, Shinomiya H.

Oxacillinase (OXA)-48-like β -lactamases are the most common carbapenemases in Enterobacterales in certain regions of the world and are being introduced on a regular basis into regions of non-endemicity. Japan has been characterized by low rates of carbapenemase-producing Enterobacterales, and among them, OXA-48-like carbapenemase-producing isolates are extremely rare. Here we describe a Japanese medical worker, without a history of travel abroad, who was diagnosed as having a community-acquired urinary tract infection, and whose urine sample was found to be positive for OXA-48-like carbapenemase-producing *Escherichia coli*. None of her close contacts had a history of foreign travel, and the same drug-resistant organism was not observed in other patients who had been hospitalized and undergone environmental culture tests in the same medical institution. This isolate was resistant to penicillins, narrow-spectrum cephalosporins, fluoroquinolones, and cefmetazole, but was susceptible to broad-spectrum cephalosporins, piperacillin/tazobactam, and meropenem and displayed reduced susceptibility to imipenem. The modified carbapenem inactivation test supported carbapenemase production, but inhibitor-based synergistic tests yielded negative results of carbapenemase production. Multiplex polymerase chain reaction revealed the presence of the carbapenemase gene (bla_{OXA-48}) bla_{TEM} and AmpC β -lactamase gene (bla_{DHA}). Singleplex polymerase chain reaction targeting the bla_{OXA-48} region amplified a product sequencing to nearly the full length (722 bp) and matching 100% with OXA-48. The present case highlights a new concern regarding OXA-48-like carbapenemase-producing Enterobacterales, which remain challenging to detect for clinical laboratories in regions of non-endemicity, and may already be latent in Japan.

Nationwide epidemiologic and genetic surveillance of hepatitis E in Japan, 2014–2021.

Sugiyama R, Takahara O, Yahata Y, Kanou K, Nagashima M, Kiyohara T, Li TC, Arima Y, Shinomiya H, Ishii K, Muramatsu M, Suzuki R.

Hepatitis E virus (HEV) is an emerging causative agent of acute hepatitis. To clarify the epidemiology of HEV and characterize the genetic diversity of the virus in Japan, nationwide enhanced surveillance and molecular characterization studies of HEV in Japan were undertaken from 2014 to 2021. In total, 2770 hepatitis E cases were reported, of which 88% were domestic cases, while only 4.1% represented cases following infection abroad. In addition, 57% of domestic infections occurred in males aged in their 40s-70s. For domestic cases, infection via pork meat consumption continued to be the most reported route. Analysis of the 324 sequences detected between 2016 and 2021 showed that the majority of domestic HEV strains belong to Genotype 3a (G3a) and G3b. In contrast, six of eight cases of G1 HEV reflected infection abroad. Our results suggest that HEV is circulating widely in Japan, with genotypes G3a and G3b being most prevalent. Continued surveillance is necessary to monitor future trends and changes in the epidemiology of HEV in Japan.

J Med Virol. 95(6): e28886 (2023)

Distribution of human sapovirus strain genotypes over the last four decades in Japan: a global perspective.

Doan YH, Yamashita Y, Shinomiya H, Motoya T, Sakon N, Suzuki R, Shimizu H, Shigemoto N, Harada S, Yahiro S, Tomioka K, Sakagami A, Ueki Y, Komagome R, Saka K, Okamoto-Nakagawa R, Shirabe K, Mizukoshi F, Arita Y, Haga K, Katayama K, Kimura H, Muramatsu M, Oka T.

Sapovirus (SaV) infections are a public health problem because they cause acute gastroenteritis in humans of all ages, both sporadically and as outbreaks. However, only a limited

amount of SaV sequence information, especially whole-genome sequences for all the SaV genotypes, is publicly available. Therefore, in this study, we determined the full/near-full-length genomic sequences of 138 SaVs from the 2001 to 2015 seasons in 13 prefectures across Japan. The genogroup GI was predominant (67%, n = 92), followed by genogroups GII (18%, n = 25), GIV (9%, n = 12), and GV (6%, n = 9). Within the GI genogroup, four different genotypes were identified: GI.1 (n = 44), GI.2 (n = 40), GI.3 (n = 7), and GI.5 (n = 1). We then compared these Japanese SaV sequences with 3,119 publicly available human SaV sequences collected from 49 countries over the last 46 years. The results indicated that GI.1, and GI.2 have been the predominant genotypes in Japan, as well as in other countries, over at least four decades. The 138 newly determined Japanese SaV sequences together with the currently available SaV sequences, could facilitate a better understanding of the evolutionary patterns of SaV genotypes.

Jpn J Infect Dis. 76(4):255-258 (2023)

象者が IPV 接種歴を持っており, 2020 年度以降経口生ポリオワクチン(OPV)接種者は確認されなかった. 抗体保有率は, 多少のばらつきはあるもののすべての型に対して高い値を示し, OPV 接種者と比較して 1, 2, 3 型間の抗体保有率の差はほとんどみとめられなかった.

感染症流行予測調査事業においては, 小児の調査対象者数が減少していることや, 自治体ごとの調査対象者選定時のバイアス等, 全年齢無作為抽出の全国調査としての課題があり, 本調査結果の一般化には注意が必要である.

病原微生物検出情報 44, No.8, 8 (2023)

近年(2018~2022 年度)のポリオの予防接種状況および抗体保有状況—感染症流行予測調査より

北海道立衛生研究所	櫻井敦子, 駒込理佳
山形県衛生研究所	池田陽子
千葉県衛生研究所	花田裕司, 吉住秀隆
東京都健康安全研究センター	長谷川道弥, 長島真美
富山県衛生研究所	板持雅恵, 谷 英樹
愛知県衛生研究所	廣瀬絵美, 安井善宏
愛媛県立衛生環境研究所	山下育孝, 大塚有加
国立感染症研究所 感染症疫学センター	ウイルス第二部 有田峰太郎

菊池風花, 林 愛, 新井 智, 神谷 元, 鈴木 基

不活化ポリオワクチン(IPV)導入後の 2018~2022 年度までに実施されたポリオ感受性調査の結果を用いた. 5 歳未満の調査対象者 995 名のうち, ポリオ含有ワクチンの接種の有無が不明の者を除いた計 905 名(2018 年度 289 名, 2019 年度 264 名, 2020 年度 100 名, 2021 年度 131 名, 2022 年度 121 名)に対して解析を行った.

本調査結果において, 2018~2022 年度のポリオ含有ワクチン接種率は 5 歳未満のすべての年齢で 95%以上であった. また, 2018 年度調査以降ではほとんどの調査対