

## 22. 薬剤耐性研究センター

センター長 菅井 基行

### 概要

薬剤耐性研究センターでは国内外の実態調査や、耐性メカニズム研究、市場で流通している抗生物質の品質管理、薬剤耐性対策に資する新技術開発、病院の感染症対策支援、薬剤耐性に関してのシンクタンク機能が求められている。センターは従来、第一室(抗生物質・分子疫学研究室)、第二室(院内感染・統計研究室)、第三室(ワンヘルス研究室)、第四室(疫学研究室)、第五室(市中感染症研究室)、第六室(寄生虫・媒介動物研究室)、および第七室(ゲノム疫学研究室)から構成されていたが、4月1日に第八室が真菌研究室として増設された。今年度には第一室、第二室に加え、第三室、第五室に職員を配置することができた。第一室では細菌学的な基礎、応用研究、行政検査業務、レファレンス業務、及び関連する抗生物質製剤の品質管理業務、研究を行っている。第二室では厚生労働省結核感染症課が実施する厚生労働省院内感染対策サーベイランス事業(JANIS 事業)の実務を担当している。第三室では医療、食品、環境など幅広い分野でワンヘルス(One Health)アプローチを通して薬剤耐性病原体の総合的な調査研究を行う。第五室ではメチシリン耐性黄色ブドウ球菌(MRSA)、バンコマイシン耐性腸球菌、ハンセン病等抗酸菌感染症、その他急性呼吸器感染症などの市中感染症に由来する薬剤耐性に関する調査研究を行う。

平成30年度は研究業務に関しては主として薬剤耐性菌の解析、耐性菌検出方法、プラスミドの解析、アウトブレイク検出法、JANIS 検査部門データを用いた研究、市中サーベイランスデータの解析を行った。第一室では秋から感染症疫学センターと協働で感染症発生動向調査の報告対象とされる薬剤耐性菌感染症(特にカルバペネム耐性腸内細菌科細菌感染症)について病原体サーベイランスデータと患者情報データを突合させ集積疑い事例について検討するリスクアセスメントを開始した。また二室・三室・五室が中心となり JANIS 参加機関に呼びかけて病原体(第3世代セファロスポリン耐性大腸菌、第3世代セファロスポリン耐性肺炎桿菌、カルバペネム低感受性腸内細菌科細菌、カルバペネム低感受性アシネトバクター属菌、黄色ブドウ球菌)の収集 Japan Antimicrobial Resistant Bacterial Surveillance (JARBS)を開始した。行政検査業務では保健所、地方衛生研究所と連携して所掌する病原体の検査を実施し、また地方衛生研究所担当者向けに研修を実施した。品質管理業務では抗生物質製剤の国家検定、収去試験、日本薬局方抗生物質標準品

の製造や交付を行なった。設備としてはハンセン病研究センター旧標本室(約110平米)を改修し、700L フリーザー20台が稼働できる電源、エアコンを整備し、薬剤耐性菌バンク棟として利用する準備を整えた。

人事では平成30年6月15日に于連升が、11月1日に平林亜希が研究員として、12月2日に久恒順三、鹿山鎮男が主任研究官として着任した。また平成30年9月30日に筒井敦子研究員が退職した。

### 業績

#### 調査・研究

##### I. 薬剤耐性菌に関する研究

###### 1. 薬剤耐性菌に関する菌株・検体等の解析依頼の概要

医療機関や地方衛生研究所等から解析依頼を受けた、菌株76株(菌種内訳: *Acinetobacter baumannii* 29株、*Acinetobacter* sp. 1株、*Citrobacter* sp. 1株、*Klebsiella aerogenes* 1株、*Enterobacter asburiae* 1株、*Enterobacter cloacae* 6株、*Enterococcus faecium* 24株、*Enterococcus raffinosus* 1株、*Escherichia coli* 5株、*Klebsiella pneumoniae* 2株、*Serratia marcescens* 5株)とDNA プラグ等の菌体DNA 168株(菌種内訳: *C. freundii* 8株、*Citrobacter* sp. 1株、*K. aerogenes* 9株、*E. cloacae* 46株、*Enterobacter* sp. 2株、*E. coli* 38株、*K. oxytoca* 4株、*K. pneumoniae* 47株、*Pantoea* spp. 2株、*Providencia rettgeri* 1株、*Salmonella* sp. 1株、*S. marcescens* 9株)について、耐性遺伝子検査、菌種同定及びプラスミド解析を含む菌株タイピング解析を実施し、それらの結果を依頼施設に報告した。なお、上記は行政検査として依頼を受けたものも含む。[松井真理、鈴木里和、久恒順三、甲斐久美子、鹿住裕子、菅井基行、(以下 病原体ゲノム解析研究センター)関塚剛史、黒田誠]

###### 2. 薬剤耐性菌のプラスミド解析とデータベース拡充

病原体ゲノム解析研究センターと共同で構築している薬剤耐性菌ゲノムデータベース(GenEpid-J)の拡充を目的に、418株に由来するプラスミドゲノム DNA(775 サンプル)及び全ゲノム DNA(418 サンプル)の配列解読及び解析を実施し、GenEpid-J に加えた。これらの解読株のうち、行政検査や依頼検査として地方衛生研究所等から送付された株に関しては、プラスミド配列比較等を行い、疫学調査や感染対策に必要な解析結果を依頼元に報告した。[松井真理、鈴木里和、

甲斐久美子、鹿住祐子、(以下 病原体ゲノム解析研究センター) 関塚剛史、黒田誠]

### 3. カルバペネム耐性腸内細菌科細菌サーベイランス集計・評価方法に関する研究

2017年3月の通知に基づき開始されたカルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)病原体サーベイランスデータをCRE感染症患者報告データと統合解析し、CREサーベイランス集計・評価方法の検討を行った。CREに占めるカルバペネマーゼ産生腸内細菌科細菌(CPE)の割合やCPEの菌種には地域差があることが明らかとなった。ただし、CRE病原体サーベイランスの実施状況には地域差があった。CPEの流行状況の把握には継続的かつ全国的サーベイランスが必要と考えられ、今後も情報還元や検査精度向上の取り組みをすすめることとした。[川上千晶(感染症疫学センターFETP)、松井真理、鈴木里和、菅井基行]

### 4. 台湾および日本で分離されたIMP型カルバペネマーゼ産生 *Enterobacter* 属の比較解析

*E. cloacae* complex におけるカルバペネマーゼは日本分離株ではIMP-1が、台湾分離株ではIMP-8が主流である。それぞれのIMP型カルバペネマーゼ遺伝子を保有する *E. cloacae* complex の日本と台湾由来株の比較を行ったところ、日本と台湾では *E. cloacae* complex の主要な菌種およびSTは異なっていた。また、*bla*<sub>IMP</sub> を保有する IncHI2 プラスミドが共通していたため、*bla*<sub>IMP</sub> の周辺構造とともに比較したところ、異なるインテグロン構造に担われており、またプラスミドの相同性も比較的低いことからそれぞれ独自に進化してきたものと推測された。[鈴木里和、松井真理、(以下、病原体ゲノム解析研究センター) 関塚剛史、黒田誠]

### 5. アシネトバクテリア属菌のカルバペネム耐性機構に関する研究

アシネトバクテリア属におけるカルバペネマーゼ遺伝子の伝播様式を検討するため、獲得型カルバペネマーゼ遺伝子(OXA-23型、OXA-58型、IMP型)保有カルバペネム耐性アシネトバクテリア属菌(菌種内訳: *Acinetobacter baumannii*, *Acinetobacter pittii*, *Acinetobacter nosocomialis*, *Acinetobacter ursingii*)計42株を対象に、S1-PFGEにて染色体DNAとプラスミドDNAを分離したのち、全塩基配列解読を実施した。IMP型カルバペネマーゼ遺伝子は、全ての解析対象株においてプラスミド上に存在することが示唆されたが、OXA-23型カルバペネマーゼ遺伝子は一部の株を除き解読したプラスミドDNA上に検出されず、染色体上に存在することが示唆された。詳細な比較解析を引き続き実施することとした。[松井真理、鈴木里和、甲斐久美子、鹿住祐子、

(以下 病原体ゲノム解析研究センター) 関塚剛史、黒田誠]

### 6. 薬剤耐性菌研究における海外研究拠点と連携

大阪大学・感染症研究国際展開戦略プログラム(J-GRID) タイ拠点、東京大学・J-GRID 中国拠点、長崎大学・J-GRID ベトナム拠点、ベトナム・国立衛生疫学研究所(NIHE)、ベトナム・軍医病院、カンボジア・国立公衆衛生研究所(NIPH)、中国・華南農業大学、中国・広東省疾病預防控制中心(広東省CDC)などと連携し、アジア諸国のヒト・動物・環境から分離されたカルバペネム耐性もしくはコリスチン耐性のグラム陰性細菌株のゲノム疫学解析と新規検査法の開発を行った。[鈴木仁人、平林亜希、于連升、柴山恵吾、菅井基行]

### 7. 多剤耐性菌に対する新規抗菌手法および抗菌化合物の開発

公益財団法人微生物化学研究所との共同研究で、アミノグリコシド高度耐性グラム陰性菌株にも有効な新規アミノグリコシド誘導体の開発を行なった。JSR株式会社との共同研究で、多剤耐性ESKAPE病原細菌株にも有用な新規抗菌ポリマーの開発と新規抗菌素材への応用を行なった。フロムシード株式会社および東北大学多元物質科学研究所との共同研究で、抗生物質ペンテノマイシンの機能解析と新規誘導体の開発を行なった。[鈴木仁人、成瀬秀則(協力研究員)、平林亜希、柴山恵吾]

### 8. 日本の下水における薬剤耐性菌サーベイランス調査

日本の下水処理場から採取した下水を用いたサーベイランス調査を行う。第一歩として、広島にある下水処理場から下水を収集し、薬剤耐性菌選択分離培地により基質特異性拡張型βラクタマーゼ(Extended spectrum β-lactamases: ESBLs)産生大腸菌、カルバペネム耐性菌、バンコマイシン耐性菌の分離を実施した。ESBL産生大腸菌のゲノム解析を行った。[鹿山鎮男、于連升、川上小夜子、島川宏一、菅井基行]

### 9. 市中薬剤耐性菌の研究

薬剤耐性菌ナショナル・サーベイランス(JANIS, Japan Antimicrobial Resistant Bacterial Surveillance)において、「血液由来黄色ブドウ球菌の病原性解析と臨床応用に関する研究」の医療機関からの収集の準備および公式ガイドブックの作成を遂行した。

国内の医療機関より解析依頼されたブドウ球菌および腸球菌の遺伝子解析を実施して報告した。

AMED-CREST 慶應大 天谷班との共同研究において、アトピー性皮膚炎由来の黄色ブドウ球菌のゲノム解析を継続し

て実施した。また、慶應大と JSR 株式会社と共同で特許申請の手続きを行った。

[久恒順三、鹿山鎮男、于連升、川上小夜子、島川宏一、菅井基行]

## II. 院内感染に関する研究

1. 国内の臨床検体より分離される *Bacillus* spp. の分子疫学解析

過去の国内の院内感染事例より分離された *B. cereus* の解析により、重篤な院内感染事例と ST1420 との関連が示唆された。2017 年から 2018 年度末にかけ、研究協力医療機関 3 施設の臨床検体から分離されるすべての *Bacillus* 属の解析を実施したところ *Bacillus* 属における *B. cereus* は、2017 年は 2 施設の 182 株中 31 株(17%)であったが、2018 年は 3 施設の 204 株中 14 株 (7%) と減少した。これらの医療機関では院内感染を疑わせる症例の集積はなく、*B. cereus* については全ゲノム解析を実施したが、ST1420 に該当する株はなかった。[鈴木里和]

## III. 抗生物質の品質管理に関する研究

日本薬局方抗生物質標準品の安定的供給体制を確立するため、異なる製造機関においても同等の品質の標準品を製造できるよう、品質評価法の標準化手法の検討を行った。抗生物質の力価制定に重要な影響がある水分含量については、その品目別の特性を体系的に計測し解析する一方で、長期保存時における品質の安定性については、NMR を用いた評価法の開発を実施した。微生物学的力価測定法を用いる品目についてはより高精度の機器を導入した阻止円径測定手法の日本薬局方収載に向けた基礎データを整備し、新規導入予定の機器では従来の機器に比べ 1-2%程度低く力価が算定される傾向が明らかとなった。[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、近田俊文]

## IV. サーベイランスデータを用いた研究

1. WHO サーベイランス(GLASS)に準拠した検体別集計プログラム開発

WHO の GLASS (The Global Antimicrobial Resistance Surveillance System) は、入院・外来および患者年齢で層別した主要な耐性菌の分離患者数の報告を各国に求めている。JANIS データベースから各菌種の薬剤感受性に関するデータを GLASS に準拠し集計するプログラムの開発を、昨年度に引き続き行った。特に、GLASS の求める、薬剤感受性未測定回数を各菌種・薬剤の組み合わせごとに算出する機能を開発した。このプログラムで集計したデータを初めて GLASS に提出し、受理させることが出来た。このプログラムをさらに改良し、同一患者から同一菌種が複数分離された場合の重複処理を、GLASS に準拠し、検体ごとに該当菌種の

最初の株を選択して実施する機能も開発した。また、このプログラムで 2011 年以降の年次集計を行い、その結果を国立国際医療研究センター AMR 臨床リファレンスセンターに提供することで、同センターの web サイト(ワンヘルスプラットフォーム)にて耐性菌の分離状況のグラフを掲載、公開できるよう環境整備を行った。[矢原耕史、柴山恵吾]

2. 市中耐性菌サーベイランスシステムの構築

JANIS 事業では医療機関をサーベイランス対象としているものの、市中の診療所のデータは対象となっていない。そこで、診療所等から細菌検査依頼を受けている衛生検査所のデータを収集、集計、解析するシステムの開発を、昨年度に引き続き行った。民間会社 2 社からサンプルデータの提供を受け、拡張 JANIS フォーマットへのデータ変換プログラムを開発した。また黄色ブドウ球菌他 5 菌種を対象に全国・地域別のアンチバイオグラムを作成する準備を進めた。[筒井敦子、矢原耕史、島川宏一、柴山恵吾]

3. 社会における薬剤耐性菌の伝搬様式の解明

イミペネムに感性、メロペネムに耐性を示すことの多いカルバペネマーゼ IMP-6 型耐性遺伝子をもつ腸内細菌科細菌の広がり問題となっている。JANIS に収集されたデータから大腸菌と肺炎桿菌について、イミペネムに感性かつメロペネムに耐性の株の割合を 2015-2017 年の各年で算出し、その分離頻度を都道府県レベルで明らかにした。今後は都道府県毎の JANIS 参加率や抗菌薬使用量等との関連を回帰モデルで探る予定である。[平林亜希、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行]

4. J-SIPHE と JANIS の連携ツール開発

厚生労働省委託事業 AMR 臨床リファレンスセンターが主体となり、医療機関での AMR 対策に活用できるシステム J-SIPHE (Japan Surveillance for Infection Prevention and Healthcare Epidemiology) が稼働、運用された。本システムは全国の医療機関から医療関連感染の発生状況や主要な細菌や薬剤耐性菌の発生状況などの情報を集約させ、活用することを目的としている。参加医療機関は、JANIS の還元情報を毎月 J-SIPHE に登録するが、利便性の向上のため J-SIPHE 側のシンプルな操作で JANIS から対象 CSV を J-SIPHE に登録できるプログラムを開発することを予定している。平成 30 年度はそのための技術上の課題を整理した。[矢原耕史、柴山恵吾]

5. 市中耐性菌サーベイランスデータの解析

薬剤耐性研究センター第5室・細菌第一部との連携により、淋菌のゲノム解読に基づくサーベイランスデータの解析に、

昨年度に引き続き取り組み、成果の論文および学会発表を行った。さらに、日本から世界に拡散したと考えられているセファロスポリン低感受性系統に注目し、日本で最初に分離された耐性株 3 株と、それと系統的に近い感受性株 1 株のゲノムを解読し、そのゲノム・耐性遺伝子の起源と進化・拡散に関する研究を進めた。[矢原耕史、平林亜希]

## 6. JANIS 検査部門データを活用したその他の研究

耐性菌の種内に占める割合の経時的変化(検査部門データのトレンド)に関する共同研究に貢献した(平成 29 年度厚生労働行政推進調査事業費補助金(新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業)薬剤耐性(AMR)アクションプランの実行に関する研究(H29-新興行政-指定-005:研究代表者 大曲貴夫)。[矢原耕史、柴山恵吾]

## レファレンス業務

### I. 薬剤耐性菌関係

1. 薬剤耐性菌解析のための陽性コントロール DNA 及び標準作業手順書の提供

地方衛生研究所等における薬剤耐性菌検査体制構築支援のため、各種  $\beta$ -ラクタマーゼ遺伝子、バンコマイシン耐性遺伝子の PCR 解析のための陽性コントロール DNA、陽性コントロール菌株及び試験手順書の分与を行った。[松井真理、甲斐久美子、鹿住祐子、鈴木里和]

### サーベイランス業務

#### I. 感染症発動向調査病原体サーベイランス

1. カルバペネム耐性腸内細菌科細菌病原体サーベイランス

感染症サーベイランスシステム(NESID)の病原体検出情報システムを通じて報告されたカルバペネム耐性腸内細菌科細菌の試験検査結果について、報告データを集計し、結果を病原微生物検出情報(IASR)で公開した。また、患者情報システムを取り扱う感染症疫学センターと毎週電話会議を行い、両サーベイランスデータのリスク評価及び活用方法の検討を行った。2018 年 10 月 30 日～2019 年 3 月 31 日の 19 回の会議で、95 事例のリスク評価を行い、うち 55 例(58%)はリスク評価後に自治体に対応を確認した。[松井真理、鈴木里和、菅井基行、(以下 感染症疫学センター)山岸拓也、島田智恵、(以下 感染症疫学センター-FETP)川上千晶、柿本健作]

#### II. 院内感染対策関係

厚生労働省院内感染対策サーベイランス(JANIS)事業は、新規参加医療機関が増加し続けており、平成 31 年 1 月時点で参加医療機関数は 2261 施設となった。検査部門の主

要菌の抗菌薬感受性について従来は入院検体のみであったが 2017 年度分から外来検体の集計、公開を開始した。また、JANIS 運営会議の審議結果に従い、呼吸器検体および尿検体での分離数割合の追加、*S. aureus* 全体のアンチバイオグラムの追加を行い、集計株数が 30 以下のアンチバイオグラムは公開情報で非表示に、「主要菌」から *S. marcescens* を削除し、*Enterobacteriaceae* を追加、MRSA の判定基準に CFX を追加、キノロン耐性判定基準から GFLX を削除、第三世代セファロスポリン耐性大腸菌及び肺炎桿菌の判定基準に CTRX を追加するよう改修を行った。検査部門公開情報については、2017 年年報の小冊子に都道府県別のページを増やし刷新した。一方で、年間 1700 件を超える医療機関からの問い合わせに対応した。また、JANIS のデータ提出・活用のための説明会を東京と大阪で計 2 回開催し、併せて外部講師により講演会を行った。また、ST 合剤について、医療機関からの報告パターンを精査した上で、トリメプリムの MIC 値のみ、スルファメトキサゾールの MIC 値のみの報告でも、JANIS サーバー内で合算値に変換してデータベースに取り込むよう改修を行った。また、「薬剤耐性(AMR)対策アクションプラン 2016-2020 の成果指標と JANIS データのみかた」に関するニュースレターを作成した。薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書 2018 では、JANIS 検査部門 2017 年年報のデータを提供した。[筒井敦子、平林亜希、矢原耕史、川上小夜子、大木留美、藤村詠美、安齋栄子、瀧世志江、菅井基行、柴山恵吾]

#### III. 厚生労働省院内感染対策サーベイランス(JANIS)の海外展開

WHO は薬剤耐性菌対策を重要視し各国にサーベイランスの強化を求めているが、アジア地域の多くの国では国レベルの薬剤耐性菌(AMR)サーベイランスが実施できていない。JANIS の海外展開は、厚生労働省の薬剤耐性(AMR)対策アクションプランが柱の一つとして掲げる「国際協力」に関し、これらの国の AMR サーベイランスを支援し、海外の AMR に関するデータベースを構築することが目的である。平成 30 年度は、タイの 74 病院、モンゴルの国立第一病院、国立小児病院、ベトナムの Military hospital の WHONET 出力データを基に入院、外来検体の還元情報の四半期報、六か月報、年報を作成した。還元情報の作成にあたり、各国の担当者からのフィードバックに基づき WHONET 及び JANIS 変換機能の改修や機能追加を WHONET 開発者と連携し行った。また参加医療機関サイト、管理者サイトのマニュアルを作成した。7 月にはベトナムの Military hospital を訪問し MOU を締結した。また国立衛生疫学研究所、USCDC ハノイ事務所を訪問し JANIS システムについての説明を行った。10 月にはモンゴルの厚生労働省、国立医科大学、国立第一病院、国立

小児病院を訪問し JANIS 導入について協議を行った。さらに、AMR Control 誌へ寄稿”Japan Nosocomial Infections Surveillance (JANIS) from a national antimicrobial resistance (AMR) surveillance system to an international collaboration”を行った。[筒井敦子、平林亜希、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行]

#### IV. 薬剤耐性研究センター耐性菌ナショナル・サーベイランス(JARBS)

薬剤耐性研究センターにおいて、日本全国を対象とした薬剤耐性菌ナショナル・サーベイランス(Japan Antimicrobial Resistant Bacterial Surveillance: JARBS)を開始する準備を進めた。このサーベイランスは「グラム陰性桿菌の薬剤耐性と病原性に関する研究(JARBS-GNR)」および「血液由来ブドウ球菌の病原性解析と臨床応用に関する研究(JARBS-SA)」で構成される。まず、薬剤耐性研究センター内で具体的な流れや必要物品を確認した。次に、医療機関に研究協力を依頼するために、研究内容を説明した依頼書を作成した。[鹿山鎮男、久恒順三、鈴木仁人、于連升、平林亜希、梶原俊毅、川上小夜子、島川宏一、笹田万友美、鹿住祐子、若井智世、菅井基行]

#### 品質管理に関する業務

##### I. 抗生物質の品質管理

1. 日本薬局方抗生物質標準品について、以下のロット更新を行った。

ロット更新(4品目):ホスホマイシンフェネチルアンモニウム標準品、セフトラムピボキシルメシチレンスルホン酸塩標準品、セフィキシム標準品、セフメノキシム塩酸塩標準品 [鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、近田俊文]

##### 2. 後発医薬品品質確保対策事業関連

平成30年度後発医薬品品質確保対策事業に基づく抗生物質の収去試験製剤担当室業務を実施した。試験は真菌部において実施された。試験品目:アジスロマイシン水和物錠21ロット、アジスロマイシン水和物細粒7ロット、アジスロマイシン水和物カプセル4ロット、注射用セフトリアキソンナトリウム18ロット、クリンダマイシンリン酸エステル注射液14ロット [鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、近田俊文]

##### 3. 日本薬局方抗生物質標準品業務移管

日本薬局方抗生物質標準品のうち、アンピシリン標準品、アジスロマイシン標準品、メロペネム標準品、セファゾリン標準品、セフメタゾール標準品、フラジオマイシン硫酸塩標準品の6品目について、一般財団法人医薬品医療機器レギュ

ラトリーサイエンス財団が頒布をする事となったため、品質管理試験法等の技術移転を行い保有在庫の売払手続きを完了させた。[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、近田俊文]

#### 国際協力関係業務

##### I. 抗生物質国際標準品制定のための共同研究

エリスロマイシン第3次国際標準品制定のための国際共同研究に参加し、Bioassay法で力価定量試験を実施した。[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、近田俊文]

##### II. 技術研修

日本臨床衛生検査技師会からの依頼を受け、2019年1月29日、カンボジアの臨床検査技師Thay kosal氏、Srey viso氏、Chung panha氏、Ket vanseng氏、Ket vansith氏を受け入れてPCR法、薬剤耐性菌の表現型の確認方法などに関する研修を実施した。[鹿山鎮男、于連升、川上小夜子、島川宏一、菅井基行]

#### 研修業務

##### I. 薬剤耐性菌に関する研修

地方衛生研究等の薬剤耐性菌検査担当者を対象に、薬剤耐性菌の検査に関する座学及び実習を行った。9月11日～13日の基本コースには31名、9月13日～14日の実践コースには21名、9月19日～20日のタイピングコースI(講師として感染症疫学センター参加)には15名、9月20日～21日のタイピングコースII(講師として病原体ゲノム解析研究センター参加)には11名が参加した。[松井真理、鈴木里和、鈴木仁人、甲斐久美子、鹿住祐子、菅井基行、(以下 感染症疫学センター)島田智恵、(以下 感染症疫学センターFETP)加賀優子、川上千晶、上月愛瑠、竹田飛鳥、(以下 病原体ゲノム研究センター)関塚剛史]

#### その他

##### I. 感染症等についての対応

1. 薬剤耐性菌等についての対応:薬剤耐性菌の検査診断等に関する相談窓口として taiseikin@nih.go.jp(メーリングリスト)を運用し、医療機関や地方衛生研究所等からの質問、相談、解析依頼に対応した。[鈴木里和、松井真理、甲斐久美子、鹿住裕子]

#### 発表業績一覧

##### I. 誌上発表

1. 欧文発表

1) Meier-Kolthoff JP, Uchiyama J, Yahara H, Paez-Espino D,

- Yahara K. Investigation of recombination-intense viral groups and their genes in the Earth's virome. *Sci Rep*. 2018 Jul 31;8(1):11496.
- 2) Yahara K, Nakayama SI, Shimuta K, Lee KI, Morita M, Kawahata T, Kuroki T, Watanabe Y, Ohya H, Yasuda M, Deguchi T, Didelot X, Ohnishi M. Genomic surveillance of *Neisseria gonorrhoeae* to investigate the distribution and evolution of antimicrobial-resistance determinants and lineages. *Microb Genom*. 2018 Aug;4(8).
- 3) Berthenet E, Yahara K, Thorell K, Pascoe B, Méric G, Mikhail JM, Engstrand L, Enroth H, Burette A, Megraud F, Varon C, Atherton JC, Smith S, Wilkinson TS, Hitchings MD, Falush D, Sheppard SK. A GWAS on *Helicobacter pylori* strains points to genetic variants associated with gastric cancer risk. *BMC Biol*. 2018 Aug 2;16(1):84.
- 4) Smet A\*, Yahara K\*, Rossi M, Tay A, Backert S, Armin E, Fox JG, Flahou B, Ducatelle R, Haesebrouck F, Corander J. Macroevolution of gastric *Helicobacter* species unveils interspecies admixture and time of divergence. *ISME J*. 2018 Oct;12(10):2518-2531.
- 5) Tsutsui A, Suzuki S. Japan nosocomial infections surveillance (JANIS): a model of sustainable national antimicrobial resistance surveillance based on hospital diagnostic microbiology laboratories. *BMC Health Serv Res*. 2018 Oct 20;18(1):799.
- 6) Hashi K, Imai C, Yahara K, Tahmina K, Hayashi T, Azuma T, Miyabe-Nishiwaki T, Sato H, Matsuoka M, Niimi S, Okamoto M, Hatakeyama M. Evaluating the origin and virulence of a *Helicobacter pylori cagA*-positive strain isolated from a non-human primate. *Sci Rep*. 2018 Oct 29;8(1):15981
- 7) Kubota H, Uwamino Y, Matsui M, Sekizuka T, Suzuki Y, Okuno R, Uchitani Y, Ariyoshi T, Aoki W, Suzuki S, Kuroda M, Shinkai T, Yokokawa K, Sadamasu K, Funakoshi T, Murata M, Hasegawa N, Iwata S. FRI-4 carbapenemase-producing *Enterobacter cloacae* complex isolated in Tokyo, Japan. *J Antimicrob Chemother* 2018 Nov 1;73(1):2969-2972
- 8) Sekizuka T, Matsui M, Takahashi T, Hayashi M, Suzuki S, Tokaji A, Kuroda M. Complete genome sequence of *bla*<sub>IMP-6</sub>-positive *Metakosakonia* sp. MRY16-398 isolate from the ascites of a diverticulitis patient. *Front. Microbiol*. 2018 Nov 22;9: 2853.
- 9) Méric G, Mageiros L, Pensar J, Laabei M, Yahara K, Pascoe B, Kittiwat N, Tadee P, Post V, Lambie S, Bowden R, Bray JE, Morgenstern M, Jolley KA, Maiden MCJ, Feil EJ, Didelot X, Miragaia M, de Lencastre H, Moriarty TF, Rohde H, Massey R, Mack D, Corander J, Sheppard SK. Disease-associated genotypes of the commensal skin bacterium *Staphylococcus epidermidis*. *Nat Commun*. 2018 Nov 28;9(1):5034.
- 10) Segawa T, Sekizuka T, Suzuki S, Shibayama K, Matsui M, Kuroda M. The plasmid-encoded transcription factor ArdK contributes to the repression of the IMP-6 metallo-β-lactamase gene *bla*<sub>IMP-6</sub>, leading to a carbapenem-susceptible phenotype in the *bla*<sub>IMP-6</sub>-positive *Escherichia coli* strain A56-1S. *PLoS One* 2018;13(12):e0208976.
- 11) Kaur J, Sharma A, Dhama AS, Buttolia H, Ohri VC, Walia K, Sharma AK, Yahara K, Ahmad R, Singh H. Developing a hybrid antimicrobial resistance surveillance system in India: Needs & challenges. *Indian J Med Res*. 2019 Feb;149(2):299-302.
- 12) Oinuma KI, Suzuki M, Nakaie K, Sato K, Saeki K, Sakiyama A, Takizawa E, Niki M, Niki M, Yamada K, Shibayama K, Kakeya H, Kaneko Y. Genome-based epidemiological analysis of 13 Acinetobacter strains isolated from blood cultures of hospitalized patients from a university hospital in Japan. *Jpn J Infect Dis*. 2019 Feb;72(4):274-280.
- 13) Lin YC, Kuroda M, Suzuki S, Mu JJ. Emergence of an *Escherichia coli* strain co-harboring *mcr-1* and *bla*<sub>NDM-9</sub> from a urinary tract infection in Taiwan. *J Glob Antimicrob Resist*. 2019 Mar;16:286-290.
- 14) Moriwaki M, Iwamoto K, Niitsu Y, Matsushima A, Yanase Y, Hisatsune J, Sugai M, Hide M. *Staphylococcus aureus* from atopic dermatitis skin accumulates in the lysosomes of keratinocytes with induction of IL-1α secretion via TLR9. *Allergy*. 2019 Mar;74(3):560-571.
- 15) Akamatsu R, Suzuki M, Okinaka K, Sasahara T, Yamane K, Suzuki S, Fujikura D, Furuta Y, Ohnishi N, Iwata S, Ezaki M, Shibayama K, Higashi H. Novel Sequence Type in *Bacillus*

*cereus* Strains Associated with Nosocomial Infections and Bacteremia, Japan. *Emerg Infect Dis.* 2019 May;25(5):883-890.

16) Kamishima T, Suzuki M, Aoyagi S, Watanabe T, Koseki Y, Kasai H. A facile synthesis of (+)/(-)-pentenomycin I and analogs, and their antimicrobial evaluation. *Tetrahedron Lett.* 2019 May 16;60(20):1375-1378.

## 2. 和文発表

1) 鈴木里和 【近年注目されている感染症】多剤耐性菌。感染制御と予防衛生 2019 3(1):23-28

2) 鈴木里和 わが国における薬剤耐性菌の現状と今後の展望(総説). 日本食品微生物学会雑誌 2018 35(2):69-80

3) 山形一行、鈴木仁人 「英語の壁の乗り越え方」第 41 回日本分子生物学会年会にて」実験医学.2019 37(4):551-552.

## II. 学会発表

### 1. 国際学会

1) Shibayama K. National Surveillance of Antimicrobial Resistance in Japan. The 15<sup>th</sup> National Conference of Clinical Pharmacology on Anti-infective Agents, NCCPAA, The Third National Conference on Antimicrobial Resistance Surveillance, The Second Peking University anti infection Forum, Beijing, China, June, 2018.

2) Suzuki M. MinION sequencing analysis on antimicrobial resistant bacteria. 3rd Technology Seminar on the MinION sequencing, Manado, Indonesia, July, 2018.

3) Koji Yahara\*, Kaisa Thorell\*, Elvire Berthenet, Daniel J. Lawson, Jane Mikhail, Ikuko Kato, Alfonso Mendez, Cosmeri Rizzato, María Mercedes Bravo, Rumiko Suzuki, Yoshio Yamaoka, Javier Torres, Samuel K. Sheppard, Daniel Falush. Rapid evolution of distinct *Helicobacter pylori* subpopulations in the Americas, SMBE 2018, Yokohama, Japan, July, 2018.

4) Jan P. Meier-Kolthoff, Jumpei Uchiyama, Hiroko Yahara, David Paez-Espino, and Koji Yahara. Investigation of Recombination-intense Viral Groups and Genes in Oral Microbiome, The 96th General Session of the IADR, London, UK, July, 2018.

5) Hayashi M, Suzuki S, Matsui M, Sekizuka T, Kuroda M. The maintenance of antimicrobial resistance genes by multireplicon IncF plasmid F1:A2:B20 in epidemic clone *Escherichia coli* ST131. International Society for Plasmid Biology, Seattle, USA, Aug., 2018.

6) Yamagishi T, Matsui M, Sekizuka T, Ito H, Fukusumi M, Uehira T, Tsubokura M, Miyamoto A, Yoshida H, Kuroda M, Suzuki S, Shibayama K, Matsui T, Oishi K. A prolonged multispecies outbreak of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae due to transmissible plasmid with carbapenemase gene. ID Week 2018, San Francisco, USA, Oct., 2018.

7) Koji Yahara, Shu-ichi Nakayama, Ken Shimuta, Ken-ichi Lee, Masatomo Morita, Takuya Kawahata, Toshiro Kuroki, Yuko Watanabe, Hitomi Ohya, Mitsuru Yasuda, Takashi Deguchi, Xavier Didelot, Makoto Ohnishi (on behalf of Antibiotic-Resistant Gonorrhoea Study Group), Keigo Sibayama, Motoyuki Sugai. Genomic surveillance of *Neisseria gonorrhoeae* and comprehensive surveillance of bacterial cultures and drug susceptibilities in Japan. Antimicrobial Resistance – Genomes, Big Data and Emerging Technologies, Hinxton, UK, Nov., 2018

8) Koji Yahara and John Stelling. Automated detection of outbreaks of antimicrobial-resistant bacteria in Japan. U.S.-Japan Cooperative Medical Sciences Program (USJCMSP) 21st International Conference on Emerging Infectious Diseases in the Pacific Rim, Hanoi, Vietnam, Feb., 2019.

9) LE Nguyen Tra Mi, Kayama S, Yoshikawa M, Hara T, Kashiyama S, Hisatsune J, Onodera M, Ohge H, Sugai M. Oral Colonization of AMR Bacteria in Long-Term Care Facility Residents in Japan. U.S.-Japan Cooperative Medical Sciences Program (USJCMSP) 21st International Conference on Emerging Infectious Diseases in the Pacific Rim, Hanoi, Vietnam, Feb., 2019.

10) Suzuki M. Plasmidome analysis of carbapenem-resistant Enterobacteriaceae isolated in Vietnam. U.S.-Japan Cooperative Medical Sciences Program (USJCMSP) 21st International Conference on Emerging Infectious Diseases in the Pacific Rim, Hanoi, Vietnam, Feb., 2019.

2. 国内学会

- 1) 松井英則、高橋哲史、村山琮明、林原絵美子、鈴木仁人、柴山恵吾、松本竹久、太田浩良、寺尾秀一、田邊聡、岩本淳一、下山克、間部克裕、中村正彦 ヘリコバクター・スイス感染の迅速検査法の開発. 第 24 回日本ヘリコバクター学会学術集会、大分、2018 年 6 月
- 2) 畦地拓哉、片山由紀、宮崎元康、矢原耕史、鈴木仁人、松井秀仁、岡村 圭祐、仲村佳彦、小宮ゆきえ、浦田秀則、笹野央、朝倉弘太、山口哲央、柴山恵吾、花木秀明、高田徹 ダプトマイシン治療後に再燃した slow-VISA 感染症の解析. MRSA2018 フォーラム、東京、2018 年 7 月
- 3) 片山由紀、畦地拓哉、宮崎元康、矢原耕史、鈴木仁人、仲村佳彦、笹野央、朝倉弘太、松井秀仁、高田徹、柴山恵吾、花木秀明 血液培養液由来 MRSA 株における slow-growth vancomycin non-susceptible *S. aureus* のバンコマイシン耐性化機構について. MRSA2018 フォーラム、東京、2018 年 7 月
- 4) 矢原耕史 種内・近縁種間での遺伝情報の水平移動 -ウイルスと薬剤耐性菌を例に-. 遺伝研・研究会「自然界の生物種間における遺伝情報の多様性をもたらす”DNA 水平伝播”の解析と活用法」、静岡、2018 年 8 月
- 5) Koji Yahara\*, Kaisa Thorell\*, Elvire Berthenet, Daniel J. Lawson, Jane Mikhail, Ikuko Kato, Alfonso Mendez, Cosmeri Rizzato, María Mercedes Bravo, Rumiko Suzuki, Yoshio Yamaoka, Javier Torres, Samuel K. Sheppard, Daniel Falush. Rapid evolution of distinct *Helicobacter pylori* subpopulations in the Americas. 日本進化学会第 20 回大会、東京、2018 年 8 月
- 6) Koji Yahara, Jan P. Meier-Kolthoff, Jumpei Uchiyama, Hiroko Yahara. ウイルスの系統とゲノム組換え - Earth's virome データの解析から-. 日本進化学会第 20 回大会、東京、2018 年 8 月
- 7) 久恒順三、川崎洋、于連升、増田加奈子、沓野祥子、荒井千夏、小幡祥子、福島彩乃、持丸奈央、関口文世、海老原全、天谷雅行、菅井基行. アトピー性皮膚炎患者と健康人の皮膚由来黄色ブドウ球菌株の解析. 第 63 回日本ブドウ球菌研究会、鹿児島、2018 年 8 月
- 8) Fatkhannudin Aziz, Junzo Hisatsune, Yu Liansheng, Kanako Masuda, Yusuke Sato'o, Hisaya K. Ono, Junko Kajimura, Yoichiro Kusunoki, and Motoyuki Sugai. A unique staphylococcal enterotoxin SEY : prevalence and it's characterization. The 63th Annual Meeting of the Japanese Symposium on Staphylococci and Staphylococcal Infections. Kagoshima, Aug., 2018.
- 9) 今岡浩一、谷川力、鈴木仁人、木村昌伸、朴ウンシル、鈴木道雄、森川茂 鼠咬症原因菌(*Streptobacillus* 属菌)の特異的検出法の開発. 第 161 回日本獣医学会学術集会、茨城、2018 年 9 月
- 10) Fatkhannudin Aziz, Junzo Hisatsune, Yu Liansheng, Kanako Masuda, Yusuke Sato'o, Hisaya K. Ono, Junko Kajimura, Yoichiro Kusunoki, and Motoyuki Sugai. A unique staphylococcal enterotoxin SEY : prevalence and it's characterization. The 71st Annual Meeting of the Japanese Bacteriological Society of Chugoku area · Shikoku Branch General Meeting, Ehime, Oct., 2018.
- 11) Jan P. Meier-Kolthoff, Jumpei Uchiyama, Hiroko Yahara, David Paez-Espino and Koji Yahara. Investigation of Recombination-intense Viral Groups and Genes in Oral Microbiome, 口腔感染症学会、広島、2018 年 10 月
- 12) 鈴木仁人 ポリミキシン耐性菌感染症の現状とその治療法の開発. 第 101 回日本細菌学会関東支部総会、東京、2018 年 11 月
- 13) 松井英則、林原絵美子、村山琮明、柴山恵吾、鈴木仁人 ヘリコバクター・ハイルマニイ感染症研究の現状. 第 101 回日本細菌学会関東支部総会、東京、2018 年 11 月
- 14) 松井真理、川上千晶、鈴木里和、松井珠乃、大石和徳、菅井基行 カルバペネム耐性腸内細菌科細菌病原体サーベイランス、2017 年. 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月
- 15) 成瀬秀則、一久和弘、井本裕顕、平林亜希、柴山恵吾、鈴木仁人 多剤耐性グラム陰性菌に有効な抗菌ポリマーの開発. 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月
- 16) 鹿山鎮男、森三郎、池田光泰、鈴木仁人、矢原耕史、柴山恵吾、大毛宏喜、菅井基行 広島県にて海外渡航者より分離された *bla*<sub>NDM-7</sub> 保有株および *bla*<sub>KPC-2</sub> 保有株の解析. 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月

- 17) 柴山恵吾 JANIS から見たわが国の薬剤耐性菌の現状. 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月
- 18) Koji Yahara, Shu-ichi Nakayama, Ken Shimuta, Ken-ichi Lee, Masatomo Morita, Takuya Kawahata, Toshiro Kuroki, Yuko Watanabe, Hitomi Ohya, Mitsuru Yasuda, Takashi Deguchi, Xavier Didelot, Makoto Ohnishi, on behalf of Antibiotic-Resistant Gonorrhoea Study Group. Genomic surveillance of *Neisseria gonorrhoeae* to investigate the distribution and evolution of antimicrobial resistance determinants and lineages. 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月
- 19) 川上小夜子、島川宏一、安齋栄子、平林亜希、筒井敦子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行 JANIS 公開情報における薬剤耐性菌の動向と地域別分布状況(2017 年). 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月
- 20) 島川宏一、川上小夜子、安齋栄子、平林亜希、筒井敦子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行 JANIS 検査部門における検査材料別薬剤感受性集計の検討. 第 47 回薬剤耐性菌研究会、長野、2018 年 11 月
- 21) 柴山恵吾 JANIS サーベイランスの概要. 第 31 回日本外科感染症学会総会、大阪、2018 年 11 月
- 22) 安澤洋子、佐々木国玄、窪村亜希子、阿部光一朗、小嶋由香、本間幸子、岡部信彦、長田加絵、松井真理、鈴木里和、菅井基行、関塚剛史、黒田誠 海外渡航歴のない患者から分離された NDM 型メタロ- $\beta$ -ラクタマーゼ産生菌の解析. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 23) 有吉司、久保田寛顕、内谷友美、奥野ルミ、松井真理、鈴木里和、菅井基行、関塚剛史、黒田誠、千葉隆司、横山敬子、貞升 健志 NDM-5 メタロ- $\beta$ -ラクタマーゼ産生腸内細菌科細菌の菌型およびプラスミドの解析. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 24) 木村恵梨子、塩本高之、児玉洋江、谷村睦美、松井真理、鈴木里和、菅井基行、関塚剛史、黒田誠 NDM-5 メタロ- $\beta$ -ラクタマーゼ産生 *Enterobacter aerogenes* が分離された 1 例について. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 25) 鹿山鎮男、鈴木仁人、矢原耕史、横田和久、柴山恵吾、大毛宏喜、菅井基行 広島県内の医療施設において分離された中国由来 string test 陽性 *blaKPC-2* 保有 *K. pneumoniae* の解析. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 26) 川上小夜子 JANIS データの賢い使い方. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 27) 川上小夜子、島川宏一、安齋栄子、平林亜希、筒井敦子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行 厚生労働省院内感染対策サーベイランス(JANIS) 検査部門報告 1 2008~2017 年公開情報を中心に. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 28) 川上小夜子、島川宏一、安齋栄子、平林亜希、筒井敦子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行 厚生労働省院内感染対策サーベイランス(JANIS) 検査部門報告 2 2017 年都道府県別薬剤耐性菌の分布状況. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 29) 島川宏一、川上小夜子、安齋栄子、平林亜希、筒井敦子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行 JANIS 検査部門における検査材料別薬剤感受性集計の検討. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 30) 原稔典、鹿山鎮男、木場由美子、田寺加代子、北野弘之、梶原俊毅、小野寺一、横崎典哉、大毛宏喜、菅井基行 AmpC  $\beta$ -lactamase (ABL) 産生菌のスクリーニング MIC 値の検討. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 31) 鹿山鎮男、Le Mi Nguyen Tra、鈴木仁人、矢原耕史、横田和久、柴山恵吾、大毛宏喜、菅井基行 広島県内の医療施設において分離された中国由来 string test 陽性 *blaKPC-2* 保有 *K. pneumoniae* の解析. 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 32) 池田光泰、桑原隆一、鹿山鎮男、大毛宏喜、菅井基行 広島県における ESBL 産生菌と CPE の検出状況(第 9 期調査). 第 30 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、2019 年 2 月
- 33) 池田光泰、鹿山鎮男、田寺加代子、黒尾優太、櫻山誠也、大毛宏喜、菅井基行 外部委託検査により CRE が検出された小規模長期療養型医療施設の耐性菌サーベイランス~NGSを用いた分子疫学解析~. 第 30 回日本臨床微生物

学会総会・学術集会、東京、2019年2月

年2月

34) 辻隆弘、池田光泰、鹿山鎮男、菅井基行、大毛宏喜  
血液培養から *Desulfovibrio desulfuricans* が分離された一  
例. 第30回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、  
2019年2月

43) Jan P. Meier-Kolthoff, Jumpei Uchiyama, Hiroko Yahara,  
David Paez-Espino and Koji Yahara. Investigation of  
recombination-intense viral groups and their genes in the  
Earth's virome. 第13回日本ゲノム微生物学会年会、東京、  
2019年3月

35) 田寺加代子、鹿山鎮男、原稔典、池田光泰、黒尾優太、  
宮本重彦、直原啓明、大毛宏喜、菅井基行 核酸クロマト法  
を用いた、5種類のカルバペネマーゼ遺伝子検出キットの検  
討. 第30回日本臨床微生物学会総会・学術集会、東京、  
2019年2月

44) 矢原耕史 Population genomic studies of microbial  
recombination, phylogeny, and population structure (研究奨  
励賞受賞講演). 第13回日本ゲノム微生物学会年会、東京、  
2019年3月

36) 田寺加代子、鹿山鎮男、池田光泰、黒尾優太、榎山誠  
也、大毛宏喜、菅井基行 外部委託検査によりCREが検出  
された小規模長期療養型医療施設の耐性菌サーベイランス  
～耐性菌株の検出～. 第30回日本臨床微生物学会総会・  
学術集会、東京、2019年2月

45) 鈴木仁人 国内外の緑膿菌分離株の薬剤耐性と病原  
性機構. 第53回緑膿菌感染症研究会、秋田、2019年3月

37) 増田加奈子、久恒順三、高橋伸、奥原俊彦、大毛宏喜、  
菅井基行 西日本における皮膚感染症由来 ST8 CA-  
MRSA/J の分子疫学調査. 第30回日本臨床微生物学会総  
会・学術集会、東京、2019年2月

46) 老沼研一、鈴木仁人、佐伯康匠、坪内泰志、仁木満美  
子、山田康一、柴山恵吾、掛屋弘、金子幸弘 当院で分離さ  
れたカルバペネム高度耐性 *Acinetobacter baumannii* 株のカ  
ルバペネマーゼ遺伝子の周辺構造と接合伝達性. 第53回  
緑膿菌感染症研究会、秋田、2019年3月

38) 柴山恵吾 National Surveillance of Antimicrobial  
Resistance in Japan. Tokyo AMR One-Health Conference、東  
京、2019年2月

39) 川上小夜子、島川宏一、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基  
行 JANIS 検査部門報告 1: JANIS データから見る薬剤耐  
性菌の動向. 第34回日本環境感染学会総会・学術集会、  
兵庫、2019年2月

40) 島川宏一、川上小夜子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基  
行 JANIS 検査部門報告 2: 病床数別耐性菌の分離状況.  
第34回日本環境感染学会総会・学術集会、兵庫、2019年  
2月

41) 島川宏一、川上小夜子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基  
行 JANIS 検査部門報告 3: 2017年都道府県別薬剤耐性  
菌の分布状況. 第34回日本環境感染学会総会・学術集会、  
兵庫、2019年2月

42) 川上小夜子、島川宏一、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基  
行 JANIS 全入院患者部門報告: 新規感染症患者数と罹患  
率. 第34回日本環境感染学会総会・学術集会、兵庫、2019