

2 1. 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、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)、第七室(ゲノム疫学研究室)、および第八室(真菌研究室)から構成されている。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。第四室では薬剤耐性菌感染症の集団発生への対応能力の強化に係るものをつかさどる。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(VRE)、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。第七室では薬剤耐性菌ゲノム情報の取得・情報解析ならびに薬剤耐性菌バンクの運営を行う。第八室では真菌に関する薬剤耐性感染症に係る調査研究、特に薬剤耐性真菌の疫学調査、検査・予防・治療薬の研究を行う。

令和3年度は調査研究としては薬剤耐性菌に関する研究、院内感染に関する研究、抗生物質の品質管理に関する研究、サーベイランスデータを用いた研究を実施した。また業務としてはレファレンス、サーベイランス、品質管理、国際協力、研修を実施した。一室は協力を得られた地方衛生研究所から感染症発生動向調査に報告された感染症由来のカルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)の収集を開始した。一室・四室は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(CRE 感染症、VRE 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継続した。二室では JANIS データを活用した研究、高齢者施設入所者の薬剤耐性菌保菌調査および予後調査を継続した。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)を継続した。また三室が中心となり WHO が実施するワンヘルスサーベイランス、三輪車サーベイランス(Tricycle Surveillance)プロジェクトを日本・ベトナムをフィールドとして開始し、菌株の分離や収集を行い、薬剤感受性の測定およびゲノム解析を実施した。七室では当センターにおけるサーベイランス収集菌株や外部機関から依頼のあった株のゲノム解析を一括して請け負い、本年度は約 10,000 検体の解析を実施した。薬剤耐性菌バンクでは、動物病院において収集された株や、当センター及び外部機関のサーベイランスにより収集された菌株等、合わせて約 39,000 株を収納した。行政検査業務では一室が保健所、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。品質管理業務では一室が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。

薬剤耐性研究センターは令和3年3月22日付で WHO Collaborating Centre for AMR Surveillance and Research (JPN-97)に認定された。

人事では令和3年4月1日に鹿山鎮男が第三室長に、久恒順三が第五室長に、加藤はる、岩尾泰久、黒木香澄、中野哲志が主任研究官に、近藤恒平が研究員に、10月1日に保阪由美子が主任研究官に、11月1日に平林亜希、瀬川孝耶が主任研究官に、12月1日に梶原俊毅が主任研究官(併任)に着任した。

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・検体等の解析依頼および共同研究の概要

医療機関や地方衛生研究所等から解析依頼もしくは共同研究として、菌株 544 株(菌種内訳: *Acinetobacter* sp. 1 株、*Citrobacter freundii* 1 株、*Enterobacter cloacae* complex 7 株、*Enterococcus* spp. 528 株、*Klebsiella aerogenes* 1 株、*Klebsiella oxytoca* 1 株、*Klebsiella pneumoniae* 5 株)について、耐性遺伝子検査、菌種同定および菌株タイピング解析

等を実施し、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、黒木香澄、中野哲志、甲斐久美子、村松茂、阿保均、稲嶺由羽、菅井基行]

3 医療機関から依頼を受け、以下の菌株の解析を実施した(*E. coli* 1株、*K. aerogenes* 1株、*Ralstonia mannitolilytica* 2株)。NGSを用いて保有薬剤耐性遺伝子の検索、タイピングを実施した。これらの薬剤耐性菌は、薬剤耐性菌バンク棟へ収容した。[鹿山鎮男、于連升、内野清香、森谷晃、奥田幹久、菅原庸、菅井基行]

11 医療機関、1 大学から依頼を受け、以下の菌株の解析を実施した(*S. aureus* 96株、腸球菌 240株、*C. perfringens* 25株、*C. difficile* 20株、*C. striatum* 3株)。NGSを用いてゲノムタイピング、保有する薬剤耐性遺伝子や病原因子関連遺伝子の検索を実施した。これらの薬剤耐性菌は、薬剤耐性菌バンク棟へ登録・保管した。[久恒順三、岩尾泰久、黒木香澄、瀬川孝耶、沓野祥子、菅原庸、菅井基行]

2. カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) の臨床疫学研究

2017年4月から2018年3月までに診断された1,681例のCRE感染症の届出例のうちCRE菌株が得られた740例(44.0%)について解析を行い、海外の同様の研究に比べ、カルバペネマーゼ遺伝子保有株の割合が低く、かつ死亡率も低いことが明らかとなった。その要因として、感染症法の診断基準の非特異性、およびその基準を満たすCRE菌株の多くが、アミノグリコシド系やフルオロキノロン系に対して感性であり、多剤耐性傾向が海外に比べて弱いことが考えられた。検証のため、本研究に参加している地方衛生研究所よりCRE菌株を収集し、薬剤感受性試験を実施し臨床予後との関連について解析を実施した。[池上千晶(感染症疫学研究センター)、松井真理、稲嶺由羽、阿保均、北村徳一、安齋栄子、甲斐久美子、村松茂、鈴木里和、菅井基行]

3. 国内医療機関で分離された *Acinetobacter baumannii* international clone II の比較解析

Acinetobacter baumannii international clone II 系統株は、カルバペネム耐性アシネトバクター属として世界的に最も多く報告されるクローンであり、国内でも複数の院内感染事例が報告されている。疫学関連のない株であっても Multilocus Sequence Typing でしばしば同一の Sequence Type (ST)を示し、PFGEでも類似のバンドパターンを示すことから、これらの手法では院内感染事例のタイピング解析結果の解釈が困難になることがある。より詳細な比較のため、単一医療機関分離株と、疫学関連のない異なる医療機関分離株の計48株の *A. baumannii* ST208株を対象に、疫学関連の有無とSNPs数

の関連性を検討した。[松井真理、稲嶺由羽、鈴木里和]

4. 国内の臨床検体より分離された *Enterobacter cloacae* complex の分子疫学解析

2015年～2016年に国立病院機構12施設より分離された *Enterobacter cloacae* complex 56株を対象に分子疫学解析を実施した。既報と同様、菌種と AmpC β -lactamase アミノ酸配列の分子系統樹は相関を示した。菌種間で阻害剤に対する効果や β -lactam 薬に対する感受性が異なり、産生する AmpC β -lactamase の違いによるものと推察された。また、同一医療機関で分離された *Enterobacter hormaechei* subsp. *steigerwaltii* 2株のゲノム解読を実施し、主要なカルバペネマーゼ遺伝子である *bla*_{IMP-1} を保有する約320 kbの IncHI2 プラスミドのドラフトゲノム配列を得た。さらに、公開データベースに登録された *bla*_{IMP} 保有 IncHI2 プラスミド配列との比較解析を実施し、疫学関連の有無とプラスミド配列の多様性を比較検討した。[稲嶺由羽、松井真理、阿保均、鈴木里和、甲斐久美子]

5. 薬剤耐性菌研究における海外研究拠点と連携

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、および AMED 新興・再興感染症研究基盤創生事業海外拠点である大阪大学・タイ拠点、東京大学・中国拠点、長崎大学・ベトナム拠点などと連携し、アジア諸国のヒト・動物・環境から分離された薬剤耐性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、菅原庸、坂本典子、于連升、菅井基行]

6. 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。株式会社コンボン研究所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。東京大学大学院薬学研究所および神戸大学大学院医学研究科との共同研究でコリスチンの作用を増強させる既承認薬の作用機序の解析を行った。[鈴木仁人、平林亜希、成瀬秀則(協力研究員)]

7. 野菜・市中下水から分離された薬剤耐性菌の解析

広島大学大学院 統合生命科学研究所 食品生命科学プログラム(食品衛生学)島本整教授との共同研究にて、市販

野菜および下水由来のβ-ラクタマーゼ遺伝子保有株、それぞれ6株と26株を全ゲノム解析に供し解析を行った。その結果、これまでに報告がなされていない *bla*_{CTX-M} の新たなバリエーションを複数の株から検出した。[于連升、鹿山鎮男、久恒順三、菅原庸、菅井基行]

8. 市中下水、河川水および病院下水から分離される薬剤耐性菌の解析

信州大学、埼玉県立大学から依頼を受け、869株の解析を行った。すべての菌株をMALDI-TOF MSによる菌種同定を実施した。うち614株は、NGSを用いてショートリード解析を行い、MLST (multi locus sequence typing) による菌株遺伝型の型別、ResFinderによる薬剤耐性遺伝子の検出、PlasmidFinderによる保有プラスミドの型別を行った。[于連升、鹿山鎮男、菅原庸、久恒順三、森谷晃、内野清香、瀧世志江、北村徳一、若井智世、安齋栄子、杳野祥子、左弁、菅井基行]

9. グラム陽性薬剤耐性菌の研究

薬剤耐性菌ナショナル・サーベイランス (JARBS, 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」について、最終的に62施設の国立病院から796株収集できた。このうち、黄色ブドウ球菌は751株収集され、ゲノム配列解析した。臨床データとの統合解析を行なった。

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。

慶應大皮膚科(天谷教授)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、論文投稿に向けてデータをまとめた。

黄色ブドウ球菌のスーパーバイオフィームについて、*ica* オペロンにより細胞外に分泌される脱アセチル化体のPIAの性状解析を継続して実施した。また、CA-MRSA/Jが保有する表層タンパク質 *SasL* についての性状解析を継続実施した。

バンコマイシン耐性腸球菌の各系統株において、消毒剤耐性、乾燥耐性、付着性試験を実施した。

臨床分離されたβラクタム耐性 *Corynebacterium striatum* の全ゲノム比較解析から新規 *bla* 遺伝子を見出し、機能解析を開始した。[久恒順三、岩尾泰久、杳野祥子、黒木香澄、瀬川孝耶、菅井基行]

10. 薬剤耐性菌感染症治療を目的としたファージの研究

薬剤耐性菌IMP-6産生 *Klebsiella pneumoniae* を殺菌するファージの採取及び宿主領域の決定、感染効率の解析を行った。[近藤恒平、菅井基行]

11. ベトナムにおける深在性真菌症原因菌の疫学研究とカンジダ属菌の抗真菌薬耐性発生状況調査

ベトナム国立衛生疫学研究所 (NIHE)、Vietnam Military Medical University (VMMU) と連携し、クリプトコックス症およびカンジダ症の診断法と疫学調査に関する共同研究を実施した。NIHEとVMMUを介して臨床サンプル(喀痰、VATS、BALF等)を収集し、クリプトコックス属菌およびカンジダ属菌の分離、収集を行った。カンジダ属菌に関しては菌種同定と抗真菌薬感受性試験を行い、ベトナム国内におけるカンジダ属菌の菌種傾向および耐性発生状況を調査した。真菌検査に関する技術講習会開催を計画したが、新型コロナウイルス感染症流行の影響から実施できなかった。[名木稔、宮崎義継(真菌部)]

12. 病原真菌 *Candida glabrata* の細胞外ステロール取り込みによる抗真菌薬耐性化に関する研究

C. glabrata のステロール取り込みと薬剤耐性との関連を調べるため、ステロール取り込み活性化変異株を用い、ステロール添加条件における薬剤感受性を調べた。ステロール合成阻害薬であるアズール系薬の場合、ステロール添加条件では感受性が低下し、ステロール取り込みのアズール耐性への関与が示唆された。真菌エルゴステロールに結合して膜を傷害するAMPH-Bの感受性は、コレステロール添加時に顕著に低下した。ステロール取り込み活性化変異株のエルゴステロール生合成遺伝子 *ERG7* にはミスセンス変異が生じており、エルゴステロール生合成が停止していることが明らかになった。ステロール生合成欠損によってステロール取り込みが活性化し、一部薬剤に耐性化していることが示唆された。[名木稔、田辺公一(龍谷大)、宮崎義継(真菌部)]

13. 静岡県東部富士地域におけるバンコマイシン耐性腸球菌(VRE)の発生状況と対策推進に関する研究

VREが蔓延している可能性がある静岡県東部富士地域で、20医療機関を対象に臨床検体又は無症状からの便・直腸スワブスクリーニング検体によるVRE検出状況及び感染管理対策実施状況を明らかにする研究を実施することとし、静岡県庁、静岡県環境衛生科学研究所、等と調整を行った。2022年4月以降の実施予定。[黒須一見、松井真理、鈴木里和、久恒順三、山岸拓也、菅井基行]

14. 広島市中下水、河川水および海水から分離される薬剤耐性菌の解析

広島の中下水、河川水および海水のサンプルを収集し、薬剤耐性菌512株を分離した。すべての菌株は、MALDI-TOF MSによる菌種同定、NGSを用いてショートリード解析を行い、MLST (multi locus sequence typing) による菌株遺伝

型の型別、ResFinder による薬剤耐性遺伝子の検出、PlasmidFinder による保有プラスミドの型別を行った。[于連升、鹿山鎮男、菅原庸、森谷晃、内野清香、瀧世志江、北村徳一、若井智世、安齋栄子、沓野祥子、左井、菅井基行]

15. 沖縄県を中心に検出される多剤耐性肺炎球菌クローン serotype 19A-ST320 の遺伝子学的背景および伝播経路に関する研究

結合型肺炎球菌ワクチンの定期接種開始後、沖縄県を中心にペニシリン、第3世代セファロスポリン、カルバペネム、マクロライド、テトラサイクリン、ST 合剤などに耐性を示す多剤耐性肺炎球菌 serotype 19A-ST320 クローン株の検出が増加した。本研究では 56 株の本邦で検出された同クローン株のドラフトゲノムデータを取得し、他国の同クローン株のゲノムデータとの比較ゲノム解析を行った。その結果、沖縄県の株は米国を由来としており、2000 年以前には沖縄県に流入してきていたと推測された。さらに解析結果より同クローンは初めて台湾で報告された 1997 年以前に既に米国で広く保菌されていたと考えられた。これらの解析結果を国際誌に発表した。[中野哲志、常彬(細菌第一部)、明田幸宏(細菌第一部)、大西真(細菌第一部)]

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. の疫学解析

日本国内医療機関の臨床検体の *Bacillus* spp. 分離率を、厚生労働省院内感染対策サーベイランス事業検査部門データを用いて解析を行った。我が国では *Bacillus* spp. の血液培養による検出数の中央値は 100 床あたり年間 0.85 血液検体(四分位範囲, 0.17~2.10)であった。また *Bacillus cereus* の検出率は、検体の種類や地理的分布によらず、夏季に顕著に増加した。一方、*Bacillus subtilis* の検出率は年間を通じて一定で、季節性を示さなかった。*Bacillus* spp. 検出率の夏季の上昇は、*B. cereus* 血流感染のリスクであり、夏季以降の *Bacillus* 属菌検出率の減少は自然経過と考えられ、介入の効果と解釈すべきではないと考えられた。[小林彩子、島田智恵(以上実地疫学研究センター)、鈴木里和]

2. 新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の医療関連感染の疫学と対応に関する研究

厚生労働省クラスター対策班として支援に入った自治体で対応した事例に関し、感染性、感染源、感染経路、リスク因子等を検討し、報告した。[黒須一見、山岸拓也]

- SARS-CoV-2 の接触感染リスクの評価
- コールセンターでの SARS-CoV-2 感染リスクの評価
- アイスホッケーにおける SARS-CoV-2 感染リスクの評価とリスク因子の検討

- オミクロン株のエアロゾル感染の可能性
- 教育現場での感染伝播リスクの評価

III. 抗生物質の品質管理に関する研究

1. 微生物学的力価測定法に関する検討

日本薬局方(日局)微生物学的力価測定法試験法において、標準溶液と試料溶液の注入順については明確な記載がなく、その力価に及ぼす影響を検討した。ゲンタマイシン硫酸塩、フラジオマイシン硫酸塩、バンコマイシン塩酸塩について、標準溶液と試料溶液ともに同じ日局標準品を用いて、注入順のみ入れ替えて比較した。先に注入した検体の阻止円直径が大きくなる傾向があり、同一検体を用いても、注入順を入れ替えることでバンコマイシン塩酸塩では最大約5%の力価差が生じることが明らかとなった。注入順の影響を最小化する試験法の開発が必要と考えられた。[鈴木里和、松井真理、加藤はる、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文、菅井基行]

IV. サーベイランスデータを用いた研究

1. 新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) のパンデミックが薬剤耐性サーベイランスに及ぼす影響の分析

COVID-19 のパンデミックは、医療現場に大きな変化をもたらし、薬剤耐性に与える影響が注目されている。本研究では、JANIS で収集された 1,300 以上の医療機関の延べ 590 万人の入院患者から得られた 1,670 万検体を含むデータを利用し、パンデミック開始前後の 2019 年と 2020 年で、黄色ブドウ球菌、肺炎球菌、大腸菌、肺炎桿菌、緑膿菌の 5 菌種の感性菌と耐性菌の分離患者数と分離率を比較分析した。2020 年は 2019 年と比較し、分離患者数および分離率は MSSA および MRSA でわずかに減少し、PSSP および PRSP では約 60%と大幅に減少し、第3世代セファロスポリン耐性肺炎桿菌では増加していた。残りの菌種については、分離患者数は減少したが、分離率の増加をみとめた。この分離率の見かけの上昇は検体提出患者数(分離率の分母)が分離患者数(分離率の分子)よりも減少したためであると考えられた。パンデミック時の薬剤耐性サーベイランスデータを確認する際には、分離率の年次変化のみならず、分子、分母、さらに分母に影響を与える因子を十分に検討した上で、慎重に解釈する必要があることが明らかになった。この成果は、第15 回日中韓感染症フォーラムで口頭発表され、*J. Hosp. Infection* 誌に刊行された (most read (last 30 days) article に選ばれた)。[平林亜希、梶原俊毅、矢原耕史、菅井基行]

2. 全国診療所の細菌検査(外注)データの集計

診療所等から細菌検査依頼を受けている衛生検査所・検査センターのデータを収集、集計、解析するプログラムの開

発・改良を、昨年度に引き続き行った。民間会社 2 社からデータの提供を受け、黄色ブドウ球菌他 5 菌種を対象に、都道府県別、年齢区分別、さらに衛生検査所の実態に即した検査材料別での集計を行い、集計データを、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し、2021 年末にワンヘルスプラットフォームで公開された。[矢原耕史、梶原俊毅、安斎栄子、柴山恵吾(以下 細菌第二部)]

3. 薬剤耐性プロファイルに注目した研究

MRSA を含めた薬剤耐性黄色ブドウ球菌は WHO AMR report でも最も重要な耐性菌の一つに挙げられているが、日常診療でのルーチンの耐性に関する分子タイピングは非現実的である。そこで薬剤耐性プロファイルに注目し JANIS に収集されたデータを基に、治療に利用される主要な 5 つの抗菌薬(ゲンタマイシン、レボフロキサシン、エリスロマイシン、ミノマイシン、クリンダマイシン)とオキサシリンに対する黄色ブドウ球菌の薬剤耐性プロファイルが 2011-2019 年の間に統計的に優位な変化を示した表現型のトレンドを探索し、更に特徴的な耐性を示した注目株について以前に分離された菌株コレクションを用いた whole genome sequencing(WGS)による分析を行った。結果としては注目株全てが MRSA であり、その内 9 年間で 6 剤全てに耐性を示した株が著明に減少した一方、レボフロキサシン、エリスロマイシン、オキサシリン 3 剤耐性株は増加していた。3 剤耐性株は WGS でほぼ全例 CC8、かつ市中獲得型 MRSA として典型的な SCCmecIV を保有していた。この結果を国際誌に発表した。[保阪由美子、矢原耕史、久恒順三、菅井基行]

4. 市中耐性菌サーベイランスデータの解析

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んだ。令和 2 年度末に国際誌に発表した、日本で生じて世界に拡散していったセファロスポリン低感受性を司る遺伝子の起源と進化に関する国際共同研究の成果を、国内外の学会で発表した。一方、日本で最近生じた新たなタイプの耐性遺伝子を、民間検査センターの日常検査の中でスクリーニングする新たなプロジェクトを開始した[矢原耕史、平林亜希]

5. JANIS の海外展開 (ASIARS-Net)

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、アジア地域では国レベルの薬剤耐性菌 (AMR) サーベイランスが十分に実施できていない国が多い。これらの国の AMR サーベイランスを、JANIS に基づいて構築したシステムを活用して支援するのが、JANIS の海外展開・ASIARS-Net プロジェクト (<https://janis.mhlw.go.jp/english/asiars-net/>) である。2016 年

の G7 神戸サミットにて日本が提案したワンヘルスの概念に基づいた AMR 対策の枠組み (Asia-Pacific One Health Initiative on AMR (ASPIRE)) について関係各国を交えて年會議が行われているが、その中の working group での連携と政策推進を目的として、2022 年の年會議に併せてホームページを開設した。特に AMR サーベイランスの構築と強化を目的とした working group1 については、各国の AMR data や action plan の紹介と共に、各国の有する任意の Excel 形式のデータを JANIS・ASIARS-Net 形式でテキストデータに変換する(できる限り自動変換する)汎用データ変換ツールの開発・改良を行った上で、ASIARS-Net マニュアルの全面改定を行った後に ASIARS-Net を活用したサーベイランスデータ構築についての仕様書や WHONET(WHO 認定の微生物データ収集ツール)と ASIARS-Net を組み合わせた使用法の仕様書などを掲載し、年會議で紹介した。更に ASPIRE 参加国でもあり環太平洋地域の WHO collaborating center for AMR Surveillance and Research でもあるメルボルン大学チームと協力し、共に ASIARS-Net の trial への参加を呼び掛ける事で、ASIARS-Net 普及を図っている。[矢原耕史、保阪由美子、菅井基行]

VietNam においての ASIARS-Net 普及を図るため、2019 年に MOU を締結後 COVID-19 によって中断していたベトナム保健省との連絡を再開する一方、主な援助団体である PATH 主導の會議でゲストスピーカーとして参加し、ASIARS-Net の紹介、並びに trial への参加病院の募集を行っている。[矢原耕史、保阪由美子、ミン・レットニャン]

6. JANIS 検査部門データ、全入院患者部門データと DPC データの結合による薬剤耐性菌の疾病負荷と医療経済の分析

名古屋大学医学部附属病院の 2015 年から 2020 年までの JANIS の全入院患者部門と検査部門のデータ、DPC データを収集し、データを統合した。統合したデータを用いて(感染症病名でマッチさせた)MRSA 感染症 vs MSSA 感染症、CRE 感染症 vs CSE 感染症、また MRSA、CRE それぞれの感染症 vs 保菌の予後、入院日数、医療費の比較検討を行った。MRSA、CRE 感染症群では MSSA、CSE 感染症群よりも入院日数が長く、医療費が高額であった。MRSA では感染症が保菌よりも入院日数が長く、医療費が高額であるが、CRE では感染症と保菌では入院日数、医療費に差がなかった。今後は多施設での解析を検討している。[平林亜希、矢原耕史、梶原俊毅、保阪由美子、菅井基行]

7. JANIS データを活用したその他の研究

2015 年から 2018 年までの JANIS データを用い、日本で薬剤耐性菌による菌血症がもたらした疾病負荷を推定する

(アジア圏で初めて DALYs という指標として推定する)、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との共同研究に参加した。この研究により、MRSA による社会の負担はヨーロッパの 3.6 倍であることや、薬剤耐性大腸菌による社会の負担は年々増加していることなどが明らかになった。その成果は国際誌に発表され、プレスリリースも行われた。[矢原耕史、菅井基行]

8. 高齢者施設における薬剤耐性菌の保菌調査および感染症の予後に関する研究

高齢者施設における耐性菌保菌状況と、薬剤耐性菌が入所者の予後に与える影響解析を行うために、倫理委員会の承認に基づき、特別養護老人ホーム(介護老人福祉施設)3施設、介護老人保健施設 3 施設の同意取得が得られた 178 名の入所者に対し、口腔検体、便検体から保菌調査を実施した。口腔及び便検体の解析により、特別養護老人ホーム入所者の 56.8%から何らかの薬剤耐性菌が検出され、51.4%から ESBL 産生腸内細菌目細菌が検出された。一方、老人介護保健施設では ESBL 産生腸内細菌目細菌は 28.4%の入所者からの検出であった。胃腸腸と経鼻胃管を含む経管栄養を施されている入所者は耐性菌の保菌と強い相関を認めた($p<0.001$)。経過を追うことの出来た 146 例について予後の解析も行い、口腔もしくは便から緑膿菌が検出された入所者は検出されない入所者と比較し、有意差に死亡率が高いことが示された($p=0.002$)。[梶原俊毅、矢原耕史、北村徳一、菅井基行]

9. 薬剤耐性菌医療関連感染アウトブレイクのリスク評価手法に関する研究

2022 年 2 月 17 日に厚生労働省が主催した Tokyo AMR One-Health Conference に出席し、Working Group 2 (Health-care management) の座長を務め、アジア太平洋地域での AMR アウトブレイクに対する対応方法を検討した。[山岸拓也]

レファレンス業務

I. 薬剤耐性菌関係

1. 薬剤耐性菌検査のための陽性コントロール DNA 等の提供

地方衛生研究所等における薬剤耐性菌検査支援のため、全国 74 施設に、各種 β -ラクタマーゼ遺伝子、バンコマイシン耐性遺伝子の PCR 検出のための陽性コントロール DNA を動画資料及び参考資料とともに送付した。[松井真理、村松茂、甲斐久美子、稲嶺由羽、阿保均、鈴木里和]

サーベイランス業務

I. 感染症発生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うち、検査結果の矛盾がある検体について問い合わせと修正依頼を毎週実施した。さらに 2020 年検体採取分の試験検査結果について、2019 年に比べて報告率が 20%以上低下した自治体に検査実施状況等を問い合わせたうち、1,380 株の報告データを公開のため集計した。[松井真理、鈴木里和]

2. 薬剤耐性菌感染症リスク評価の試み

感染症サーベイランスシステム(NESID)の感染症発生動向調査システムに報告される患者情報を取り扱う感染症疫学センター及び実地疫学研究センター、病原体検出情報システムに報告される病原体情報を取り扱う薬剤耐性研究センターの 3 センター協働で毎週 Web 会議を行い、両サーベイランスデータに基づく薬剤耐性菌感染症のリスク評価を行った。2021 年 4 月 1 日～2022 年 3 月 31 日の計 29 回の会議で、48 事例のリスク評価等を行い、うち 34 事例(71%)は管轄自治体に対して対応状況の問合せや検査支援等を行った。なお、2021 年 7 月～9 月は、COVID-19 対応や東京オリンピック・パラリンピックに関連して自治体や実地疫学研究センターの業務過多となったため、リスク評価会議を中止し、各部署でのサーベイランスデータ確認のみ実施した。[松井真理、鈴木里和、山岸拓也、黒須一見、保阪由美子、菅井基行、(以下 実地疫学研究センター)島田智恵、(以下 実地疫学研究センターFETP)笠松亜由、中下愛美、黒澤克樹、井上英耶、浦川美穂、小林美保、塚田敬子、高橋賢亮、田畑早季子、大森俊、(以下 感染症疫学センター)有馬雄三、大塚美耶子、土橋西紀、高橋琢理、新城雄士、小林祐介]

II. 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)

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)にて「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)」を実施した。グラム陰性桿菌を対象とする JARBS-GNR では、耐性菌を 25,043 株収集し、PCR を実施すると共に 6,617 株の short read NGS およびこれらの中から選抜した株に対して、マイクロスキャンを用いた薬剤感受性試験を実施した。栄研化学フローズプレートを用いた薬剤感受性試験も実施した。現在も 435 株の long read NGS および塩野義製薬パネルを使用した薬剤感受性試験を継続して実施している。「皮膚科由来

ブドウ球菌の全国サーベイランスに関する研究(JARBS-SA-Skin)」では、全国の皮膚科クリニックまたは病院にご協力いただき、皮膚および鼻腔スワブの検体収集を開始した。[鹿山鎮男、久恒順三、矢原耕史、川上小夜子、若井智世、青木貞男、菅原庸、平林亜希、梶原俊毅、瀧世志江、石塚貴久、安齋栄子、北村徳一、于連升、森谷晃、奥田幹久、内野清香、沓野祥子、岩尾泰久、黒木香澄、瀬川孝耶、坂本典子、エラヒ・シャヒーム、左弁、荒井千夏、中野哲志、近藤恒平、菅井基行]

III. 薬剤耐性菌バンク

株式会社 VDT より、全国の動物病院において分離された菌株 32,295 株の譲渡を受けた。日本化学療法学会、日本感染症学会、日本臨床微生物学会による三学会合同抗菌薬感受性サーベイランスにより収集された菌株 5,680 株の譲渡を受けた。また、厚労省科学研究費・食品班により収集された食品及び家畜由来の薬剤耐性菌 479 株について、大学・地方衛生研究所より譲渡を受けた。さらに当センターが行っているサーベイランスにより収集した菌株についても、引き続き薬剤耐性菌バンクへの収納を行った。[菅原庸、荒井千夏、菅井基行]

ワンヘルスサーベイランス関連で環境由来株として大腸菌を含むグラム陰性菌を 7,203 株、MRSA を 65 株、患者血液培養由来大腸菌 111 株を保存した。[于連升、鹿山鎮男、菅原庸、久恒順三、沓野祥子、左弁、菅井基行]

IV. WHO サーベイランスと協調したワンヘルス薬剤耐性菌動向調査に係る研究(三輪車プロジェクト)

ESBL 産生大腸菌を用いた WHO サーベイランス Tricycle Surveillance のプロトコルに基づき、日本国内では、ヒト由来株として広島大学病院血液由来大腸菌を 111 株、食鳥盲腸由来大腸菌 146 株の DNA サンプルを収集した。環境由来の検体として河川水、下水、と畜場排水、食鳥処理場排水、海水を収集し(協力施設:北海道大学、信州大学、埼玉県立大学、岐阜大学、広島大学、広島県立総合技術研究所)、2022 年 3 月までに大腸菌を 5,887 株分離した。また、国際比較のためにベトナム水環境由来大腸菌 355 株および食鳥盲腸由来大腸菌 132 株をベトナムから輸入した。すべての菌株を MALDI-TOF MS による菌種同定を実施した。うち 4,136 株のショートリード NGS 解析、697 株の薬剤感受性試験を行った。[于連升、鹿山鎮男、菅原庸、森谷晃、内野清香、若井智世、瀧世志江、安齋栄子、北村徳一、矢原耕史、坂本典子、左弁、沓野祥子、久恒順三、菅井基行、増田加奈子(協力研究員)]

品質管理に関する業務

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(2 品目): コリスチン硫酸塩標準品、コリスチンメタンスルホン酸ナトリウム標準品

[鈴木里和、松井真理、加藤はる、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文]

2. 試験検査依頼に基づき、抗生物質医薬品の生物学的的方法による力価試験を 1 件実施した。[鈴木里和、松井真理、加藤はる、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文]

3. 後発医薬品品質確保対策事業関連

2021 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および試験担当室業務を実施した。試験品目: エリスロマイシン腸溶錠 1 ロット、エリスロマイシンステアリン酸塩錠 1 ロット、(以下試験担当真菌部) セフカペンピボキシル塩酸塩錠 15 ロット、シロップ用クラリスロマイシン 6 ロット [鈴木里和、松井真理、加藤はる、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文]

国際協力関係業務

I. JICA 関連

2021 年 9 月にタイ国バンコク市で開催されたタイ国内 8 サイト(保健省、保健センター、高齢者施設)での第 1 回感染管理担当者研修での講演を実施した。[黒須一見]

II. その他

1. Focus Group Discussion for the preparation of issue and concept note for Health Working Group at G20 Indonesia Presidency 2022(令和 3 年 10 月 29 日オンライン開催)において、「Our challenges to stop AMR from becoming a silent pandemic in Japan」について発表した。[菅井基行]

2. Webinar World's Top Scientists, Universitas Sumatera Utara(令和 3 年 11 月 18 日オンライン開催)において「Our challenges to stop AMR in Japan」について講義を行った。[菅井基行]

3. Preparation for AMR Side Event at G20 Indonesia(令和 3 年 12 月 30 日オンライン開催)において、「AMR surveillance in JANIS & JARBS」について発表した。[菅井基行]

研修業務

I. 薬剤耐性菌に関する研修

1. 広島大学の依頼を受け、2021 年 4 月～7 月、広島大学医学科の大迫えれな氏を受け入れて、ESBL 産生大腸菌の分

離方法、MALDI-TOF MS による菌種同定、MLST (multi locus sequence typing) による菌株遺伝型の型別や薬剤耐性遺伝子の検出等のゲノム解析方法などに関する研修を実施した。[于連升、鹿山鎮男、若井智世、内野清香、森谷晃、菅井基行]

2. 令和3年度衛生微生物技術協議会第41回研究会(令和3年6月9日～10日、オンライン開催)シンポジウム I AMR において、「薬剤耐性菌病原体サーベイランスの現状と課題」について発表した。[松井真理]

3. 令和3年度感染制御専門薬剤師講習会(令和3年7月3日オンライン開催)にて「薬剤耐性菌について-院内感染症に関連する耐性菌-」について発表した。[菅井基行]

4. 国立保健医療科学院令和3年度医師卒後臨床研修(令和3年10月14日オンライン開催)にて「薬剤耐性菌について-院内感染症に関連する耐性菌-」について発表した。[菅井基行]

5. 地方衛生研究等の薬剤耐性菌検査担当者を対象に、Zoom ウェビナーと自施設での実技を併用したハイブリッド型薬剤耐性菌検査研修を10月20日～21日に実施した。受講者は、Web 参加43施設53名、現地参加2施設2名、Web 聴講を含めると計62施設112名であった。[松井真理、鈴木里和、甲斐久美子、村松茂、稲嶺由羽、阿保均]

6. パルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)法の実技動画を作成し、作業手順書などの関連資料とともに地方衛生研究所等の薬剤耐性菌検査担当者向けの自己学習用DVDを作成し、希望した74施設に配布した。[稲嶺由羽、鈴木里和、松井真理、甲斐久美子、村松茂、阿保均]

7. 令和3年度感染症市民公開講座(令和3年11月22日、オンライン開催)において、「薬剤耐性と院内感染」について発表した。[菅井基行]。

8. 令和3年度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(令和4年2月9日～10日、オンライン開催)において、「薬剤耐性菌(CRE, VRE)の疫学と検査」に関する講演を行った[松井真理]。

9. 令和3年度希少感染症診断技術研修会(令和4年2月17日～18日、オンライン開催)において、「薬剤耐性菌の分子疫学解析」について発表した[松井真理]。

10. 岐阜大学大学院連合獣医学研究科市民公開講座(令和4年3月2日ハイブリッド開催)において、「人-動物-環境における薬剤耐性菌」について発表した。[菅井基行]

11. 広島大学の依頼を受け、2021年4月～7月、広島大学医学部の坂東卓史氏を受け入れて、ゲノム解析を行った *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* の菌株を用い、薬剤耐性を早期に検出する迅速検査キットであるシカベータテストの有用性を評価する研修を実施した。[梶原俊毅、矢原耕史、菅井基行]

II. COVID-19 に関する研修

1. 茨城県保健福祉部. 高齢者・障害者施設新型コロナウイルス感染対策研修会. 2021年5月26日[山岸拓也]

2. 広島県健康福祉局. 新型コロナウイルス感染症対策. 2021年4月14日[山岸拓也]

3. 東京都福祉保健局. 新型コロナウイルス感染症対策. 2021年4月12日、19日[山岸拓也]

4. 三重県健康福祉部. 新型コロナウイルス感染症対策. 2021年4月23日[山岸拓也]

5. 厚生労働省「院内感染対策講習会事業」に係る講習会「④新型コロナウイルスについて」:2021年7月～2022年3月. YouTube 配信[黒須一見]

6. 国立国際医療研究センター国立感染症研究所共催. 第9回医療疫学講習会. 2021年7月3日[山岸拓也]

7. 東京検疫所. 令和2年度検疫感染症措置訓練の評価. 2021年10月15日[山岸拓也]

8. 東京都北区. 令和3年度医療安全研修会. 新型コロナウイルス感染症対策. 2021年11月29日[山岸拓也]

9. 東京都文京区. 介護職員研修. 2021年12月21日【[山岸拓也]

10. 日本病院会「感染対策担当者のためのセミナー」. 2022年1月15日[山岸拓也]

11. 日本公衆衛生協会. Infectious disease Health Emergency Assistance Team (IHEAT) 講習. 第2回2021年10月21日、第3回12月2日[山岸拓也]

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、村松茂、阿保均、稲嶺由羽、菅井基行]

2. バンコマイシン耐性腸球菌 (VRE) アウトブレイク事例対応

2021年3月以降、5都道府県(山形、静岡、和歌山、大分)の薬剤耐性菌アウトブレイクが発生した医療機関において疫学調査支援(感染症法上の活動または研究班・事業としての活動)と職員への感染対策支援、地方衛生研究所及び保健所の検査体制支援、当該保健所と医療機関、薬剤耐性研究センターとの合同会議の開催、等を実施した。[黒須一見、山岸拓也、松井真理、鈴木里和、沓野祥子、黒木香澄、菅井基行、(以下実地疫学研究センター)小林美保、田畑早季子、笠松垂由]

3. 新型コロナウイルス感染症のクラスター対応

厚生労働省新型コロナウイルス感染症クラスター対策班として11都道府県からの16の依頼を受けて、本庁や保健所の対応支援を行った。[黒須一見、山岸拓也]

4. 東京オリンピック・パラリンピックでの国立感染症研究所 Emergency Operating Center の運営

2021年7月から9月まで運営に関わり、日々の日報作成、オリンピックパラリンピック関連感染症事例への対応、オリンピック組織委員会からの感染管理上の質問への対応等を行った[黒須一見、山岸拓也]

II. 国のガイドライン、ガイダンス、マニュアルの作成

国立感染症研究所・国立国際医療研究センター。「新型コロナウイルス感染症の感染管理」の当所ホームページ上での改定を実施した(2021年8月6日改訂版)。2021年8月6日[黒須一見、山岸拓也]

III. 自治体等への助言、等

1. 群馬県感染症健康危機管理チーム

計3回会議に参加し、方針へ助言した。[山岸拓也]

2. 神奈川県感染症対策協議会

計12回会議に参加し、方針へ助言した。[山岸拓也]

3. 茨城県感染症対策委員会

計7回会議に参加し、方針へ助言した。[山岸拓也]

4. 東京都 iCDC 感染症対策支援チーム

計5回会議に参加し、方針へ助言した。[山岸拓也]

5. 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運営委員会に委員として参加した[山岸拓也、菅井基行]

6. 国際緊急援助隊感染症対策チーム作業部会員(疫学班副班長、導入研修班)として、検討会に参加した[山岸拓也]

7. 日本環境感染学会 ISO/TC304 国内審議委員会委員 [山岸拓也]

IV. 感染管理等に関する国立感染症研究所 HP 上での情報発信

1. 新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)の感染経路について。

2022年3月28日 <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2484-idsc/11053-covid19-78.html> [黒須一見、山岸拓也]

2. SARS-CoV-2 の変異株 B.1.1.529 系統(オミクロン株)の発症間隔の推定: 暫定報告。

2022年1月31日 <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2551-cepr/10952-b11529-si.html> [黒須一見、山岸拓也]

3. 実地疫学調査により得られた情報に基づいた国内のオミクロン株感染症例に関する暫定的な潜伏期間、家庭内二次感染率、感染経路に関する疫学情報(2022年1月10日現在)。

2022年1月13日 <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2559-cfeir/10901-covid19-04.html> [黒須一見、山岸拓也]

4. ブレイクスルー感染者を含む医療機関、福祉施設等でのクラスター調査から得られた知見(簡略版)

2021年12月8日 <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/10834-covid19-22.html> [黒須一見、山岸拓也]

5. 高齢者の会合等、人が集う場面での新型コロナウイルス感染症に関する感染事例の所見と公民館や体育館等を利用する際の感染対策についての提案。

2021年9月21日 <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/10686-covid19-21.html> [山岸拓也]

6. 高校生のスポーツ大会における新型コロナウイルス感染

症のクラスター発生防止に関する提案.

2021年9月3日 <https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/10626-covid19-20.html>[山岸拓也]

発表業績一覧

I. 誌上発表

1. 欧文発表

1) Osnes MN, Dorp LV, Brynildsrud OB, Alfsnes K, Schneiders T, Templeton KE, Yahara K, Balloux F, Caugant DA, Eldholm V. Antibiotic treatment regimes as a driver of the global population dynamics of a major gonorrhea lineage. *Mol Biol Evol*. 2021 Apr;38(4):1249-1261.

2) Soliman AM, Nariya H, Tanaka D, Yu L, Hisatsune J, Kayama S, Kondo K, Sugai M, Shimamoto T, Shimamoto T. Vegetable-derived carbapenemase-producing high-risk *Klebsiella pneumoniae* ST15 and *Acinetobacter baumannii* ST2 clones in Japan: coexistence of *bla*_{NDM-1}, *bla*_{OXA-66}, *bla*_{OXA-72}, and an Abar4-like resistance island in the same sample. *Appl Environ Microbiol*. 2021 Apr;87(9):e02166-20.

3) Kajihara T, Yahara K, Hirabayashi A, Kurosu H, Sugai M, Shibayama K. Association between the frequency of surgeries for video-assisted thoracic surgery and the incidence of consequent surgical site infections: a retrospective observational study based on national surveillance data. *BMC Infect Dis*. 2021 Apr;21(1):363.

4) Ito Y, Sasaki T, Li Y, Tanoue T, Sugiura Y, Skelly AN, Suda W, Kawashima Y, Okahashi N, Watanabe E, Horikawa H, Shiohama A, Kurokawa R, Kawakami E, Iseki H, Kawasaki H, Iwakura Y, Shiota A, Yu L, Hisatsune J, Koseki H, Sugai M, et al. *Staphylococcus cohnii* is a potentially biotherapeutic skin commensal alleviating skin inflammation. *Cell Reports*. 2021 Apr;35(4):109052.

5) Maehana S, Eda R, Hirabayashi A, Niida N, Nakamura M, Furukawa T, Ikeda S, Kojima F, Sakai K, Sei K, Kitasato H, Suzuki M. Natural factories that manufacture antimicrobial resistance genes: quadruple *bla*_{GES}-containing plasmids in *Aeromonas* and *Pseudomonas* species. *Int J Antimicrob Agents*. 2021 May;57(5):106327.

6) Hirabayashi A, Yanagisawa H, Takahashi H, Yahara K, Boeing P, Wolfenden B, Nov V, Lorn V, Veng M, Ann V, Darapheak C, Shibayama K, Suzuki M. On-Site Genomic

Epidemiological Analysis of Antimicrobial-Resistant Bacteria in Cambodia With Portable Laboratory Equipment. *Front Microbiol*. 2021 May 13;12:675463.

7) Yamagishi T, Doi Y. Insights on COVID-19 epidemiology from a historic cruise ship quarantine. *Clin Infect Dis*. 2021 May 18;72(10):e458-e459.

8) Soliman AM, Ramadan H, Zarad H, Sugawara Y, Yu L, Sugai M, Shimamoto T, Hiott LM, Frye JG, Jackson CR, Shimamoto T. Coproduction of Tet(X7) Conferring High-Level Tigecycline Resistance, Fosfomycin FosA4, and Colistin Mcr-1.1 in *Escherichia coli* Strains from Chickens in Egypt. *Antimicrob Agents Chemother*. 2021 May 18;65(6):e02084-20.

9) Kanai M, Arima Y, Shimada T, Hori N, Yamagishi T, Sunagawa T, Tada Y, Takahashi T, Ohnishi M, Matsui T, Oishi K. Increase in congenital syphilis cases and challenges in prevention in Japan, 2016-2017. *Sex Health*. 2021 May;18(2):197-199.

10) Sugawara Y, Akeda Y, Hagiya H, Zin KN, Aye MM, Takeuchi D, Matsumoto Y, Motooka D, Nishi I, Tomono K, Hamada S. Characterization of *bla*_{NDM-5}-harbouring *Klebsiella pneumoniae* sequence type 11 international high-risk clones isolated from clinical samples in Yangon General Hospital, a tertiary-care hospital in Myanmar. *J Med Microbiol*. 2021 May;70(5).

11) Sugawara Y, Hagiya H, Akeda Y, Takeuchi D, Sakamoto N, Matsumoto Y, Motooka D, Nishi I, Tomono K, Hamada S. Community spread and acquisition of clinically relevant *Escherichia coli* harbouring *bla*_{NDM} among healthy Japanese residents of Yangon, Myanmar. *J Antimicrob Chemother*. 2021 May 12;76(6):1448-1454.

12) Sato'o Y, Omoe K, Aikawa Y, Kano M, Ono H, Hu DL, Nakane A, Sugai M. Investigation of *Staphylococcus aureus* positive for Staphylococcal enterotoxin S and T genes. *J Vet Med Sci*. 2021;83(7):1120-1127.

13) Kurosu H, Watanabe K, Kurosawa K, Nakashita M, Kasamatsu A, Nakamura H, Yamagishi T, Mitsuhashi Y, Yano K, Hachiya Y, Odani T, Amishima M, Nekomiya Y, Matsui T, Yamada M, Kamiyama K, Kikuchi T, Takadate K, Watanabe C,

- Furusawa Y, Kase K, Hyodo Y, Suzuki H, Matsunaga T, Hori H, Kanoh M, Miyake Y, Yamada M, Kobayashi Y, Sugai M, Suzuki M, Sunagawa T. Possible contact transmission of SARS-CoV-2 in healthcare settings in Japan, 2020-2021. *Infect Control Hosp Epidemiol*. 2021 May 27;1-12.
- 14) Modupe SL, Yaa NB, Henaku OE, Ohya K, Suzuki M, Opare OJ, Baboreka KB. Protected but not from Contamination: Antimicrobial Resistance Profiles of Bacteria from Birds in a Ghanaian Forest Protected Area. *Environ Health Insights*. 2021 Jun 1;15:11786302211017687.
- 15) Watanabe A, Kawada-Matsuo M, Le MN, Hisatsune J, Oogai Y, Nakano Y, Nakata M, Miyawaki S, Sugai M, Komatsuzawa H. Comprehensive analysis of bacteriocins in *Streptococcus mutans*. *Sci Rep*. 2021 Jun 21;11(1):12963.
- 16) Abe R, Akeda Y, Sugawara Y, Matsumoto Y, Motooka D, Kawahara R, Yamamoto N, Tomono K, Iida T, Hamada S. Enhanced Carbapenem Resistance through Multimerization of Plasmids Carrying Carbapenemase Genes. *mBio*. 2021 Jun 29;12(3):e0018621.
- 17) Tsuzuki S, Matsunaga N, Yahara K, Shibayama K, Sugai M, Ohmagari N. Disease burden of bloodstream infections caused by antimicrobial-resistant bacteria: A population-level study, Japan, 2015-2018. *Int J Infect Dis*. 2021 Jul;108:119-124.
- 18) Kondo K, Kawano M, Sugai M. Distribution of antimicrobial resistance and virulence genes within the prophage-associated regions in nosocomial pathogens. *mSphere*. 2021 Jul;6(4):e00452-21.
- 19) Tohya M, Dozaki S, Ishida-Kuroki K, Watanabe T, Sekizaki T. Basis of the persistence of capsule-negative *Streptococcus suis* in porcine endocarditis inferred from comparative genomics. *FEMS Microbiol Lett*. 2021 Jul 9;368(13):fnab083.
- 20) Kitagawa H, Hisatsune J, Ohge H, Kutsuno S, Hara T, Masuda K, Aziz F, Sugai M. Implanted Port Catheter System Infection Caused by Methicillin-resistant *Staphylococcus pseudintermedius* ST71-SCCmec type III. *Intern Med*. 2021 Jul 15;60(14):2337-2340.
- 21) Denmongkholchai S, Tsuruda K, Sugai M, Mongkolsuk S, Matangkasombut O. Host chromatin regulators required for *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* cytolethal distending toxin activity in *Saccharomyces cerevisiae* model. *Infect Immun*. 2021 Jul 15;89(8):e0003621.
- 22) Fujiya Y, Harada T, Sugawara Y, Akeda Y, Yasuda M, Masumi A, Hayashi J, Tanimura N, Tsujimoto Y, Shibata W, Yamaguchi T, Kawahara R, Nishi I, Hamada S, Tomono K, Kakeya H. Transmission dynamics of a linear *vanA*-plasmid during a nosocomial multiclonal outbreak of vancomycin-resistant enterococci in a non-endemic area, Japan. *Sci Rep*. 2021 Jul 20;11(1):14780. doi: 10.1038/s41598-021-94213-5. PMID: 34285270; PMCID: PMC8292306.
- 23) Tran HA, Vu TNB, Trinh ST, Tran DL, Pham HM, Ngo THH, Nguyen MT, Tran ND, Pham DT, Dang DA, Shibayama K, Suzuki M, Yoshida LM, Trinh HS, Le VT, Vu PT, Luu TVN, Bañuls AL, Trinh KL, Tran VA, Tran HH, van Doorn HR. Resistance mechanisms and genetic relatedness among carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* isolates from three major hospitals in Hanoi, Vietnam (2010-2015). *JAC Antimicrob Resist*. 2021 Jul 27;3(3):dlab103.
- 24) Hirabayashi A, Yahara K, Mitsuhashi S, Nakagawa S, Imanishi T, Ha VTT, Nguyen AV, Nguyen ST, Shibayama K, Suzuki M. Plasmid analysis of NDM metallo- β -lactamase-producing Enterobacterales isolated in Vietnam. *PLoS One*. 2021 Jul 28;16(7):e0231119.
- 25) Segawa T, Johnson CM, Berntsson RP, Dunny GM. Two ABC transport systems carry out peptide uptake in *Enterococcus faecalis*: Their roles in growth and in uptake of sex pheromones. *Mol Microbiol*. 2021 Aug;116(2):459-469.
- 26) Hirabayashi A, Dao TD, Takemura T, Hasebe F, Trang LT, Thanh NH, Tran HH, Shibayama K, Kasuga I, Suzuki M. A transferable IncC-IncX3 hybrid plasmid cocarrying *bla*_{NDM-4}, *tet(X)*, and *tmexCD3-toprJ3* confers resistance to carbapenem and tigecycline. *mSphere*. 2021 Aug 25;6(4):e00592-21.
- 27) Kenzaka T, Shinkura Y, Kayama S, Yu L, Kawakami S, Sugai M, Kawasaki S. Infective endocarditis caused by extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli*: A case report. *Infection and Drug Resistance*. 2021 Aug 25;14:3357-3362.

- 28) Morioka H, Iguchi M, Tetsuka N, Kinoshita F, Tomita Y, Kato D, [Hirabayashi A](#), Matsumoto A, Oka K, Kato H, Inagaki T, Kato Y, Kitagawa K, Ichikawa K, Kouyama Y, Kawamura N, Toyodome Y, Adachi N, Ito Y, Yagi T. Five-year point prevalence survey of healthcare-associated infections and antimicrobial use in a Japanese university hospital. *Infect Prev Pract*. 2021 Sep;3(3):100151.
- 29) Maehana S, Kitasato H, [Suzuki M](#). Genome sequence of *Acinetobacter towneri* strain DSM 16313, previously known as the proposed type strain of *Acinetobacter seohaensis*. *Microbiol Resour Announc*. 2021 Sep 2;10(35):e0069021.
- 30) [Iwao Y](#), Mori S, Ato M, Nakata N. Simultaneous Determination of *Mycobacterium leprae* Drug Resistance and Single-Nucleotide Polymorphism Genotype by Use of Nested Multiplex PCR with Amplicon Sequencing. *J Clin Microbiol*. 2021 Sep 20;59(10):e0081421.
- 31) [Hirabayashi A](#), [Kajihara T](#), [Yahara K](#), Shibayama K, [Sugai M](#). Impact of the COVID-19 pandemic on the surveillance of antimicrobial resistance. *J Hosp Infect*. 2021 Nov;117:147-156.
- 32) Matsumoto Y, Sakiyama A, Tsubouchi T, [Suzuki M](#), Niki M, Niki M, Kakeya H, Kaneko Y. Complete Genome Sequence of *Acinetobacter pittii* OCU_Ac17, Isolated from Human Venous Blood. *Microbiol Resour Announc*. 2021 Sep 30;10(39):e0069621.
- 33) Sakiyama A, Matsumoto Y, Tsubouchi T, [Suzuki M](#), Niki M, Niki M, Oinuma KI, Kakeya H, Kaneko Y. Complete Genome Sequence of a Clinical Isolate of *Acinetobacter baumannii* Harboring 11 Plasmids. *Microbiol Resour Announc*. 2021 Sep 30;10(39):e0069521.
- 34) [Suzuki S](#). A View on 20 Years of Antimicrobial Resistance in Japan by Two National Surveillance Systems: The National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases and Japan Nosocomial Infections Surveillance. *Antibiotics (Basel)*. 2021 Sep 30;10(10):1189
- 35) Ide S, Kutsuna S, Yamada G, Hashimoto K, Abe M, [Nagi M](#), Ujiie M, Hayakawa K, Ohmagari N. Pulmonary histoplasmosis diagnosed in a Japanese woman after traveling to central and South America: A case report. *J Infect Chemother*. 2021 Nov;27(11):1658-1661.
- 36) Tuan VP, [Yahara K](#), Dung HDQ, Binh TT, Huu Tung P, Tri TD, Thuan NPM, Khien VV, Trang TTH, Phuc BH, et al. Genome-wide association study of gastric cancer- and duodenal ulcer-derived *Helicobacter pylori* strains reveals discriminatory genetic variations and novel oncoprotein candidates. *Microb Genom*. 2021 Nov;7(11):000680.
- 37) Abe M, Kinjo Y, Sadamoto S, Shinozaki M, [Nagi M](#), Shibuya K, Miyazaki Y. α -galactosylceramide-stimulated invariant natural killer T-cells play a protective role in murine vulvovaginal candidiasis by *Candida albicans*. *PLoS One*. 2021 Nov 16;16(11):e0259306.
- 38) Fukano H, Terazono T, [Hirabayashi A](#), Yoshida M, [Suzuki M](#), Wada S, Ishii N, Hoshino Y. Human pathogenic *Mycobacterium kansasii* (former subtype I) with zoonotic potential isolated from a diseased indoor pet cat, Japan. *Emerg Microbes Infect*. 2021 Dec;10(1):220-222.
- 39) Ha VTT, Tran LD, Mai NTT, [Hirabayashi A](#), Nguyen ST, Tran HH, Shibayama K, [Suzuki M](#). Potential spread of *mcr-9*-carrying IncHI2 plasmids in *Enterobacter hormaechei* in Vietnam. *J Glob Antimicrob Resist*. 2021 Dec;27:332-334.
- 40) Linh TD, Thu NH, Shibayama K, [Suzuki M](#), Yoshida L, Thai PD, Anh DD, Duong TN, Trinh HS, Thom VP, Nga LTV, Phuong NTK, Thuyet BT, Walsh TR, Thanh LV, Bañuls AL, van Doorn HR, Van Anh T, Hoang TH. Expansion of KPC-producing Enterobacterales in four large hospitals in Hanoi, Vietnam. *J Glob Antimicrob Resist*. 2021 Dec;27:200-211.
- 41) Oinuma KI, [Suzuki M](#), Sakiyama A, Tsubouchi T, Saeki K, Sato K, Niki M, Yamada K, Shibayama K, Kakeya H, Kaneko Y. Genomic characterization of triple-carbapenemase-producing *Acinetobacter baumannii*. *JAC Antimicrob Resist*. 2021 Dec 18;3(4):dlab191.
- 42) Kasamatsu A, Ota M, Shimada T, Fukusumi M, [Yamagishi T](#), Samuel A, Nakashita M, Ukai T, Kurosawa K, Urakawa M, Takahashi K, Tsukada K, Futami A, Inoue H, Omori S, Kobayashi M, Komiya H, Shimada T, Tabata S, Yahata Y, Kamiya H, Yoshimatsu F, Sunagawa T, Saito T. Enhanced event-based surveillance for imported diseases during the Tokyo 2020 Olympic and Paralympic Games. *Western Pac*

Surveill Response J. 2021 Dec 22;12(4):1-7.

43) Tsuchihashi Y, Yamagishi T, Suzuki M, Sekizuka T, Kuroda M, Itoi T, Matsumura A, Yamada N, Ishii Y, Kawamura N, Hitomi Y, Hiroshima T, Azuma K, Saito K, Kawanishi N, Tanaka S, Yamaguchi R, Yano K, Sunagawa T. High attack rate of SARS-CoV-2 infections during a bus tour in Japan. J Travel Med. 2021 Dec 29;28(8):taab111.

44) Nomoto H, Ishikane M, Lee S, Komiya N, Maeki T, Matsui T, Morita K, Oshitani H, Saijo M, Yamagishi T, Yamamoto T, Ohmagari N. Facilitating the deployment of Japanese human resources for responding global outbreaks of emerging and Re-emerging infectious diseases: A cross-sectional study. J Infect Chemother. 2022 Jan;28(1):41-46.

45) Hashimoto Y, Hisatsune J, Suzuki M, Kurushima J, Nomura T, Hirakawa H, Kojima N, Ono Y, Hasegawa Y, Tanimoto K, Sugai M, Tomita H. Elucidation of host diversity of the VanD-carrying genomic islands in enterococci and anaerobes. JAC Antimicrob Resist. 2022 Jan 4;4(1):dlab189.

46) Nakazono K, Le MN, Kawada-Matsuo M, Kimheang N, Hisatsune J, Oogai Y, Nakata M, Nakamura N, Sugai M, Komatsuzawa H. Complete sequences of epidermin and nukacin encoding plasmids from oral-derived *Staphylococcus epidermidis* and their antibacterial activity. PLoS One. 2022;17(1):e0258283.

47) Kasuga I, Nagasawa K, Suzuki M, Kurisu F, Furumai H. High-throughput screening of antimicrobial resistance genes and their associations with class 1 integrons in urban rivers in Japan. Front Environ Sci. 2022 Feb 4;10:825372.

48) Khalifa HO, Hubka V, Watanabe A, Nagi M, Miyazaki Y, Yaguchi T, Kamei K. Prevalence of Antifungal Resistance, Genetic Basis of Acquired Azole and Echinocandin Resistance, and Genotyping of *Candida krusei* Recovered from an International Collection. Antimicrob Agents Chemother. 2022 Feb 15;66(2):e0185621.

49) Nakano S, Fujisawa T, Chang B, Ito Y, Akeda H, Fujita J, Matsumura Y, Yamamoto M, Suga S, Oishi K, Nagao M, Ohnishi M. Whole-Genome Analysis-Based Phylogeographic Investigation of *Streptococcus pneumoniae* Serotype 19A Sequence Type 320 Isolates in Japan. Antimicrob Agents

Chemother. 2022 Feb 15;66(2):e0139521.

50) Nomoto R, Ishida-Kuroki K, Nakagawa I, Sekizaki T. Complete Genome Sequences of Four *Streptococcus parasuis* Strains Obtained from Saliva of Domestic Pigs in Japan. Microbiol Resour Announc. 2022 Feb 17;11(2):e0124521.

51) You Y, Thorell K, He L, Yahara K, Yamaoka Y, Cha JH, Murakami K, Katsura Y, Teamhp, Kobayashi I, et al. Genomic differentiation within East Asian *Helicobacter pylori*. Microb Genom. 2022 Feb;8(2).

52) Mourkas E, Yahara K, Bayliss SC, Calland JK, Johansson H, Mageiros L, Munoz-Ramirez ZY, Fitcher G, Meric G, Hitchings MD, et al. Host ecology regulates interspecies recombination in bacteria of the genus *Campylobacter*. Elife. 2022 Feb 22;11.

53) Dao TD, Kasuga I, Hirabayashi A, Nguyen DT, Tran HT, Vu H, Pham LTN, Vu TMH, Hasebe F, Nguyen HT, Thi TL, Tran HH, Shibayama K, Takemura T, Suzuki M. Emergence of mobile tetracycline resistance gene *tet(X4)*-harboring *Shewanella xiamenensis* in a water environment. J Glob Antimicrob Resist. 2022 Mar;28:140-142.

54) Nagi M, Tanabe K, Tanaka K, Ueno K, Nakayama H, Ishikawa J, Abe M, Yamagoe S, Umeyama T, Nakamura S, Sugai M, Hazen KC, Miyazaki Y. Exhibition of antifungal resistance by sterol-auxotrophic strains of *Candida glabrata* with intact virulence. JAC Antimicrob Resist. 2022 Mar 7;4(1):dlac018.

55) Nakashita M, Takagi Y, Tanaka H, Nakamura H, Serizawa Y, Ukai T, Azuma K, Chiba H, Terada K, Nakanishi K, Fujikawa T, Saito K, Yamaguchi Y, Mitsuhashi Y, Yano K, Shibuma T, Kuzuma A, Tsuda S, Sadamoto T, Ishii Y, Ohara T, Hitomi Y, Hiroshima T, Yamagishi T, Kamiya H, Samuel A, Yahata Y, Shimada T, Arima Y, Suzuki M, Sekizuka T, Kuroda M, and Sunagawa T. Singing is a risk factor for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 Infection: A Case-Control study of Karaoke-related Coronavirus Disease 2019 outbreaks in 2 cities in Hokkaido, Japan, linked by Whole Genome Analysis. Open Forum Infect Dis. 2022 Mar 23;9(5):ofac158.

56) Kitahara M, Yamagishi T, Tsukada S, Sudo Y, Yoshida T,

Sunagawa T, Suzuki M. Transmission risk of SARS-CoV-2 Before and after symptom onset of the infector. *Jpn J Infect Dis.* 2022 Mar 24;75(2):192-194.

57) Nakanishi T, Inose R, Kusama Y, Ishikane M, Kajihara T, Yahara K, Sugai M, Ohge H, Ohmagari N, Muraki Y. The Use of Topical Antibiotics Based on the National Database of Health Insurance Claims and Specific Health Checkups of Japan (NDB) Open Data in 2017. *Jpn J Infect Dis.* 2022 Mar 24;75(2):177-182.

58) Okamoto M, Takahashi-Nakaguchi A, Tejima K, Sasamoto K, Yamaguchi M, Aoyama T, Nagi M, Tanabe K, Miyazaki Y, Nakayama H, Sasakawa C, Kajiwara S, Brown AJP, Teixeira MC, Chibana H. Erg25 Controls Host-Cholesterol Uptake Mediated by Aus1p-Associated Sterol-Rich Membrane Domains in *Candida glabrata*. *Front Cell Dev Biol.* 2022 Mar 24;10:820675.

59) Shintani M, Suzuki H, Nojiri H, Suzuki M. Precise classification of antimicrobial resistance-associated IncP-2 megaplasmids for molecular epidemiological studies on *Pseudomonas* species. *J Antimicrob Chemother.* 2022 Mar 31;77(4):1203-1205.

60) Furuta Y, Tsujinouchi M, Shawa M, Zorigt T, Miyajima Y, Paudel A, Suzuki S, Higashi H. Complete Genome Sequences of 24 Strains of *Bacillus cereus* Isolated from Nosocomial Infection and Bacteremia Cases in Japan. *Microbiol Resour Announc.* 2022 in press.

61) Hosaka Y, Yahara K, Clark A, Kitagawa H, Hisatsune J, Sugai M, Shibayama K, Stelling J. Surveillance of multi-drug resistance phenotypes in *Staphylococcus aureus* in Japan and correlation with whole-genome sequence findings. *J Hosp Infect.* 2022 in press.

62) Nguyen-Tra ML, Kayama S, Wyres KL, Yu L, Hisatsune J, Suzuki M, Yahara K, Terachi T, Sawa K, Takahashi S, Okuhara T, Kohama K, Holt KE, Mizutani T, Ohge H, Sugai M. Genomic epidemiology and temperature dependency of hypermucoviscous *Klebsiella pneumoniae* in Japan. *Microb Genom.* 2022 in press.

2. 和文発表

1) 鈴木里和. サーベイランス視点からの院内感染対策. 日

本防菌防黴学会誌.2021年;49(9):459-465

2) 黒須一見、山岸拓也、菅井基行、渡邊佳奈、中村晴奈、黒澤克樹、中下愛実、笠松亜由、三觜雄、矢野公一、八谷有香、小谷俊雄、網島優、猫宮由美子、松居剛志、高館久美子、菊地剛史、山田真弓、上山憲司、渡邊千鶴子、古沢祐真、加瀬勝一、兵頭裕子、鈴木裕美、松永保、堀裕行、加納美緒、三宅有希子、山田実貴人、小林祐介、砂川富正、鈴木基. 廃棄物を扱う際に接触感染が疑われた清掃員や医療従事者の SARS-CoV-2 感染. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(6):119-121.

3) 山岸拓也、黒須一見、花木賢一、法月正太郎、藤田烈、大石貴幸. 新型コロナウイルス感染症患者が使用したリネン類等を扱う時の感染リスクと安全かつ効果的なクリーニング方法. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(6):121-123.

4) 鈴木里和. 海外におけるバンコマイシン耐性腸球菌 (VRE) の分離状況と新たな流行株の出現. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(8):165-166.

5) 山口亮、細海伸仁、石田睦、南晴仁、石川珠美、白水彩、西條政幸、館石宗隆、山岸拓也. 疫学的なつながりが全ゲノム解析で補足できた SARS-CoV-2 デルタ株感染事例 (2021年7月) — 札幌市. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(9):205-206.

6) 中西香織、熊谷優子、小池典久、大久保卓磨、白水彩、西條政幸、山口亮、館石宗隆、高橋賢亮、黒須一見、山岸拓也、菊田弘輝、林基哉. 高い累積罹患率を認めた札幌市内コールセンターでの新型コロナウイルス感染症アウトブレイク (2021年5月) — 健康管理, 感染管理, 換気を確認する重要性について. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(9):206-207.

7) 儀同咲千江、橋本明樹、西本綾香、若森吉広、石井安彦、立花八寿子、大久保和洋、大野祐太、藤谷好弘、菊田弘輝、林基哉、大森俊、山岸拓也、砂川富正. 全国高等学校選抜アイスホッケー大会における新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 事例. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(10):227-228.

8) 神奈川県厚木保健福祉事務所、国立感染症研究所 (山岸拓也、黒須一見、等). 事例探知当初の情報からは濃厚接触者を選定することが困難であった 2 事例に関する検討. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年;42(11):263-265.

9) 大久保卓磨、白水彩、中西香織、西條政幸、館石宗隆、中村陽一、山岸拓也。札幌市立小中学校における新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 流行状況とその拡大因子の解析。病原微生物検出情報 IASR。2022 年;43(2):35-37。

10) 高橋愛貴、池戸啓子、寺西新、村井やす子、カエベタ 亜矢、杉下由行、右谷幸子、山内幸織、國吉裕子、吉田英樹、田畑早季子、浦川美穂、田淵文子、山岸拓也、福住宗久、土橋西紀、八幡裕一郎、砂川富正。百貨店従業員において発生した新型コロナウイルス感染症クラスター事例, 2021 年 7 月。病原微生物検出情報 IASR。2022 年;43(2):43-45。

11) 黒須一見、山岸拓也、仲居亮、石川健史郎、笠松美恵、柏樹悦郎、齋藤智也、砂川富正。新型コロナウイルス感染症陽性者宿泊療養施設職員におけるオミクロン株感染。病原微生物検出情報 IASR。2022 年;43(3):72-74。

II. 学会発表

1. 国際学会

1) Sugai M. AMR Issue in Long-Term Care Facility. The Global Coalition on Aging (GCOA) and Health and Global Policy Institute (HGPI) the 2nd Joint Roundtable, May, 2021, online.

2) Sugai M. National Surveillance for Infection Control. CIDRAP-ASP. May, 2021, online.

3) Yamagishi T. Responses to COVID-19 Outbreaks in Healthcare Setting in Japan, January 2020-September 2021. The Asia Pacific Association for the Study of the Liver Oncology 2021, October, 2021, online.

4) Kasamatsu A, Shimada T, Ota M, Nakashita M, Kobayashi M, Fukusumi M, Yamagishi T. Samuel A, Ukai T, Kurosawa K, Urakawa M, Takahashi K, Tsukada K, Futami A, Inoue H, Omori S, Komiya H, Shimada T, Tabata S, Yahata Y, Kamiya H, Yoshimatsu F, Sunagawa T, Saito T. Enhanced Event-Based Surveillance for Infectious Diseases during the Tokyo 2020 Olympic and Paralympic Summer Games in Japan, 2021. 10th TEPHINET, November, 2021, online.

5) Ukai T, Yamagishi T. Kanou K, Takahashi T, Arima Y, Sunagawa T, Suzuki M. Recent Surge of Genital Chlamydia Disease among Young Male and Female in Japan. 10th TEPHINET, November, 2021, online.

6) Sugai M. AMR surveillance in policy decisions at the national and hospital level in Japan. WPRO AMR CC Panel Discussion, November, 2021, online.

7) Sugai M. WHO CC for AMR surveillance and research -Our collaboration with WHO-. WPRO AMR CC Panel Discussion, November, 2021, online.

8) Nakano S. Molecular epidemiology of pneumococcal isolates in Japan. The 3rd Asian Pneumococcal Symposium, Karuizawa, Japan, December, 2021, oral.

9) Yahara K. Ma KC, Mortimer TD, Shimuta K, Nakayama SI, Hirabayashi A. Suzuki M. Jinnai M, Ohya H, Kuroki T, Watanabe Y, Yasuda M, Deguchi T, Eldholm V, Harrison OB, Maiden MCJ, Grad YH, Ohnishi M. Emergence and evolution of antimicrobial resistance genes in *Neisseria gonorrhoeae*. The 2nd *Neisseria gonorrhoeae* Research Society Conference (NgoRS), January, 2022, online.

10) Yamagishi T. WG2 Short Presentation, Chair. Tokyo AMR One-Health Conference 2022, February, 2022, online.

11) Sugai M. National One-Health Genomic-based Surveillance in Japan. Tokyo AMR One-Health Conference 2022, February, 2022, online.

1. 国内学会

1) 菅井基行. 薬剤耐性菌サーベイランスと薬剤耐性菌バンク。第 44 回 SCANIC 学術研究会、東京、2021 年 4 月オンライン発表

2) 鈴木里和、池上千晶、松井真理、菅井基行、薬剤耐性菌サーベイランスグループ。感染症発生動向調査 (NESID) から見た我が国におけるカルバペネム耐性腸内細菌科細菌感染症の臨床疫学。第 95 回日本感染症学会学術講演会・第 69 回日本化学療法学会総会合同学会、横浜、2021 年 5 月オンライン発表

3) 菅井基行. 長期療養型施設における薬剤耐性菌サーベイランスを通して見た疾病負荷評価の試み。第 95 回日本感染症学会学術講演会・第 69 回日本化学療法学会総会合同学会、横浜、2021 年 5 月オンライン発表

4) 菅井基行. JARBS - JANIS とリンクした薬剤耐性菌サー

ベイランス。第 95 回日本感染症学会学術講演会・第 69 回日本化学療法学会総会合同学会、横浜、2021 年 5 月オンライン発表

5) 宮本友司、前田百美、吉田光範、鈴木仁人、阿戸学。Rifampicin 存在下におけるらい菌の遺伝子発現動態解析。第 94 回日本ハンセン病学会総会・学術大会、東京、2021 年 5 月オンライン発表

6) 山岸拓也。教育講演「性感染症の動向(梅毒を中心に)」。第 120 回日本皮膚科学会、東京、2021 年 6 月オンライン発表

7) 新井田風、江田諒太郎、鈴木仁人、中村正樹、北里英郎、前花祥太郎。病院排水内における薬剤耐性 *Aeromonas* 属の存在実態。第 15 回日本臨床検査学教育学会学術大会、2021 年 8 月オンライン発表

8) 名木稔。病原酵母 *Candida glabrata* のマイトファジーの役割と *ATG32* 転写調節機構。第 23 回酵母合同シンポジウム、2021 年 9 月オンライン発表

9) 福田昭、臼井優、鈴木仁人、蒔田浩平。畜産廃棄物の散布による土壌、作物への薬剤耐性菌/耐性遺伝子の伝播量の解明。第 164 回日本獣医学会学術集会、北海道江別市、2021 年 9 月オンライン発表

10) 黒須一見。COVID-19 クラスターからの職員の守り方。第 36 回日本環境感染学会総会・学術集会。2021 年 9 月、名古屋、2021 年 9 月オンライン発表

11) Ahmed M. Soliman、成谷宏文、田中大貴、于連升、久恒順三、鹿山鎮男、近藤恒平、菅井基行、島本敏、島本整。国産野菜より単離したカルバペネマーゼ産生 *Klebsiella pneumoniae* と *Acinetobacter baumannii* の解析。第 42 回日本食品微生物学会学術総会、2021 年 9 月オンライン発表

12) 青木沙恵、鈴木仁人、森茂太郎、柴山恵吾、大野耕一、見理剛、林原絵美子。イヌおよびネコの胃生検組織から分離された 2 つの新種 *Helicobacter* 属菌。第 27 回日本ヘリコバクター学会学術集会、2021 年 9 月オンライン発表

13) 林原絵美子、鈴木仁人、徳永健吾、間部克裕、南條宗八、松井英則、青木沙恵、森茂太郎、大野耕一、柴山恵吾、見理剛、*Helicobacter suis* などの Non-*Helicobacter pylori* *Helicobacter* の細菌学的特徴およびゲノム比較。第 27 回日

本ヘリコバクター学会学術集会、2021 年 9 月オンライン発表

14) 鈴木仁人、林原絵美子、松井英則、徳永健吾、柴山恵吾。*Helicobacter suis* 胃粘膜感染と病態発症。第 27 回日本ヘリコバクター学会学術集会、2021 年 9 月オンライン発表

15) 青木沙恵、鈴木仁人、森茂太郎、柴山恵吾、大野耕一、見理剛、林原絵美子、イヌおよびネコの胃生検組織から分離された 2 つの新種 *Helicobacter* 属菌。第 104 回日本細菌学会関東支部総会、2021 年 10 月オンライン発表

16) 橋本佑輔、久恒順三、鈴木仁人、野村隆浩、久留島潤、平川秀忠、谷本弘一、菅井基行、富田治芳。VanD 型バンコマイシン耐性遺伝子群保有 genomic island に関する分子疫学解析。第 104 回日本細菌学会関東支部総会、2021 年 10 月オンライン発表

17) 菅井基行。JARBS-SA 菌血症由来黄色ブドウ球菌サーベイランス。令和 3 年度全国国立病院院長協議会・感染対策委員会、熊本、2021 年 10 月オンライン発表

18) 鈴木仁人。ナノポアシーケンスを用いた薬剤耐性菌のゲノム疫学研究。Virtual Nanopore Day, Japan, 2021 年 10 月オンライン発表

19) 門倉圭佑、山岸拓也、松井真理、菅井基行、柴田幸治、村田正太、猪狩英俊。千葉県におけるカルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)感染症患者数の推計。第 70 回日本感染症学会東日本地方会学術集会・第 68 回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会、2021 年 10 月、2021 年 10 月オンライン発表

20) 鈴木仁人。薬剤耐性菌のゲノム疫学研究の基礎と応用。第 70 回日本感染症学会東日本地方会学術集会・第 68 回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会、2021 年 10 月、2021 年 10 月オンライン発表

21) 名木稔。カンジダ属における薬剤耐性の現状と新規薬剤耐性機構に関する研究。第 70 回日本感染症学会東日本地方会学術集会・第 68 回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会、2021 年 10 月オンライン発表

22) 菅井基行。薬剤耐性菌の疫学動向。第 70 回日本感染症学会東日本地方会学術集会・第 68 回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会、2021 年 10 月オンライン発表

- 23) 名木稔、東祥嗣、鈴木健裕、知花博治、田辺公一、阿部雅広、堂前直、山越智、宮崎義継. *Candida glabrata* におけるマイトファジー遺伝子 *ATG32* の転写調節因子の探索. 第 65 回日本医真菌学会総会・学術集会、2021 年 10 月オンライン発表
- 24) 藤本凜太郎、坪内泰志、鈴木仁人、仁木誠、仁木満美子、老沼研一、山田康一、掛屋弘、金子幸弘. 当院で分離された多剤耐性 *Acinetobacter baumannii* 株の完全長ゲノム解析から見出した知見. 第 91 回日本感染症学会西日本地方会学術集会、第 64 回日本感染症学会中日本地方会学術集会、第 69 回日本化学療法学会西日本支部総会、岐阜、2021 年 11 月オンライン発表
- 25) 老沼研一、柴山新、鈴木仁人、佐伯康匠、仁木満美子、山田康一、柴山恵吾、掛屋弘、金子幸弘. 厚莢膜形成 *Acinetobacter baumannii* 株の発見と解析. 第 91 回日本感染症学会西日本地方会学術集会、第 64 回日本感染症学会中日本地方会学術集会、第 69 回日本化学療法学会西日本支部総会、岐阜、2021 年 11 月オンライン発表
- 26) 坂口かなえ、加地大樹、瀧澤志野、林航、泉克俊、吉田論史、于連升、鹿山鎮男、菅原庸、菅井基行、長野由紀子、長野則之. 医療施設下水における ESBL 産生 *Escherichia coli* およびカルバペネマーゼ産生グラム陰性桿菌の経時的変遷. 第 50 回 薬剤耐性菌研究会、静岡県伊豆の国市、2021 年 11 月口頭発表
- 27) 林航、瀧澤志野、坂口かなえ、泉克俊、吉田論史、于連升、鹿山鎮男、菅原庸、菅井基行、長野由紀子、長野則之. 市中下水におけるカルバペネマーゼ産生グラム陰性桿菌の経時的疫学調査; *bla*_{GESs} 遺伝子及び保有菌種の多様性. 第 50 回 薬剤耐性菌研究会、静岡県伊豆の国市、2021 年 11 月口頭発表
- 28) 山岸拓也. わが国の新型コロナウイルス感染症対策について～これまでとこれから～. 第 73 回北海道公衆衛生学会、札幌、2021 年 11 月オンライン発表
- 29) 菅井基行. 日本の薬剤耐性菌の動向. 日本ファージセラピー研究会大 1 回研究集会、2021 年 11 月オンライン発表
- 30) Yahara K. Big data analysis of bacteriophages: focusing on long-read metagenomics and genomic recombination. 第 68 回日本ウイルス学会、神戸、2021 年 11 月オンライン発表
- 31) 橋本翼、高田希美、千足啄馬、深野華子、山本健太郎、鈴木仁人、星野仁彦、横山武司、田中良和. 薬剤耐性機構の解明に向けた、クライオ電子顕微鏡解析による NTM リボソームへのマクロライド結合様式の解明. 第 59 回日本生物物理学会年会、2021 年 11 月オンライン発表
- 32) 鶴飼友彦、山岸拓也、有馬雄三、高橋豚理、加納和彦、砂川富正、鈴木基、大西真. 若者における性器クラミジア感染症の急増. 第 34 回日本性感染症学会、2021 年 11 月オンライン発表
- 33) 橋本翼、高田希美、千足啄馬、深野華子、山本健太郎、鈴木仁人、星野仁彦、横山武司、田中良和. 薬剤耐性獲得機構の解明に向けた、クライオ電子顕微鏡単粒子解析による非結核性抗酸菌 *Mycobacterium abscessus* リボソームへのマクロライド結合様式の解明. 第 44 回日本分子生物学会年会、横浜、2021 年 12 月オンライン発表
- 34) 伴野詢太、浅野航佑、鈴木仁人、横山武司、田中良和. クライオ電子顕微鏡単粒子解析によるリボソームを標的としたアミノ配糖体抗菌薬の新規作用機序の解明. 第 44 回日本分子生物学会年会、横浜、2021 年 12 月オンライン発表
- 35) 菅井基行. 日本が支援する継続的な国際協力を目指して -AMR サーベイランス-. AMR アライアンスジャパン、東京、2022 年 1 月オンライン発表
- 36) 松本裕子、小泉充正、松井真理、鈴木里和、菅井基行. カルバペネマーゼ産生性試験で偽陽性を示す *Enterobacter cloacae* complex 2 株の解析. 第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022 年 1 月口頭発表
- 37) 稲嶺由羽、鈴木里和、松井真理、菅井基行. 国内分離 *Enterobacter cloacae* complex の染色体性 AmpC β -lactamase アミノ酸配列と菌種の関連性. 第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022 年 1 月口頭発表
- 38) 鹿山鎮男. JARBS-GNR を通して明らかになる日本国内のカルバペネマーゼ産生菌の分布とその特徴. 第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022 年 1 月口頭発表
- 39) 林航、曾我英司、瀧澤志野、坂口かなえ、泉克俊、吉田論史、小出将太、于連升、鹿山鎮男、菅井基行、長野由紀子、長野則之. 医療施設の下水が *bla*_{GES-24, -5} を担うインテグロンの環境リザーバーとなり得る危険性. 第 33 回日本臨床

微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

40) 曾我英司、林航、泉克俊、吉田諭史、瀧澤志野、坂口かなえ、小出将太、于連升、鹿山鎮男、菅井基行、長野由紀子、長野則之。病院下水由来複数菌種に潜在する GES-24-5 カルバペネマーゼ産生菌及び国内で初めての GES-24-VEB-1 ESBL 同時産生菌の出現。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

41) 瀧澤志野、加地大樹、坂口かなえ、林航、吉田諭史、泉克俊、于連升、鹿山鎮男、菅井基行、長野由紀子、長野則之。病院下水調査で認められた CTX-M-14 ESBL 産生 *Escherichia coli* B2-O25b:H4-ST131 の優位性。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

42) 新井田風、江田諒太郎、鈴木仁人、中村正樹、北里英郎、前花祥太郎。病院排水より分離された *bla*_{IMP-1} 保有 *Aeromonas* 属のプラスミド伝達解析。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月オンライン発表

43) 坂口かなえ、瀧澤志野、林航、加地大樹、泉克俊、吉田諭史、于連升、鹿山鎮男、菅原庸、菅井基行、長野由紀子、長野則之。市中・医療機関の水系環境におけるカルバペネマーゼ産生菌の長期分子疫学調査。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

44) 菅井基行。AMR アクションプランー2020年までの振り返り、反省、次に向けての課題一。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

45) 菅井基行。JANIS にリンクした薬剤耐性菌サーベイランス一JARBS 結果報告一。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

46) 菅井基行。コロナの陰で拡がる薬剤耐性菌感染症 - VRE 感染症-。第 33 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、仙台、2022年1月口頭発表

47) 鈴木仁人。ブドウ糖非発酵グラム陰性桿菌における薬剤耐性とプラスミド。第 56 回緑膿菌感染症研究会、京都、2022年2月オンライン発表

48) Yahara K, Ma KC, Mortimer TD, Shimuta K, Nakayama SI, Hirabayashi A, Suzuki M, Jinnai M, Ohya H, Kuroki T, Watanabe Y, Yasuda M, Deguchi T, Eldholm V, Harrison OB,

Maiden MCJ, Grad YH, Ohnishi M. Emergence and evolution of antimicrobial resistance genes in *Neisseria gonorrhoeae*. The 2nd *Neisseria gonorrhoeae* Research Society Conference (NgoRS). 第 16 回日本ゲノム微生物学会年会、2022年3月オンライン発表

49) 新谷政己、鈴木治夫、野尻秀昭、鈴木仁人。巨大プラスミドグループ IncP-2 群における誤分類の是正。第 16 回日本ゲノム微生物学会年会、2022年3月オンライン発表

50) 徳永健吾、林原絵美子、鈴木仁人、柴山恵吾、松井英則。 *H. pylori* と胃がん以外の疾患 ここまで解明された - *Helicobacter suis* を中心に -。第 94 回日本胃癌学会総会、横浜、2022年3月口頭発表

51) 鈴木仁人。自然環境中における細菌-プラスミド相互作用の網羅的解析。日本農芸化学会 2022 年度大会、2022年3月オンライン発表

52) 江田諒太郎、新井田風、鈴木仁人、石村菜穂子、古川隼士、清和成、北里英郎、前花祥太郎。病院排水中に存在する広域スペクトラムセファロスポリン耐性菌の耐性遺伝子解析(2018~2020年度)。第 56 回日本水環境学会年会、2022年3月オンライン発表

53) 新井田風、江田諒太郎、鈴木仁人、古川隼士、清和成、北里英郎、前花祥太郎。病院排水より分離されたカルバペネマーゼ産生菌の存在実態と耐性遺伝子解析。第 56 回日本水環境学会年会、2022年3月オンライン発表

54) 片山順子、井戸真知子、上永哲史、米田幸世、近田俊文、松井真理、鈴木里和、中川ゆかり。クリンダマイシンリン酸エステル結晶形とその品質管理。日本薬学会第 142 年会、名古屋、2022年3月オンライン発表

55) 北村灯、福田菜南子、高橋知里、松井真理、鈴木里和、前川京子。紫外可視吸光度法及び HPLC 法を用いたアムホテリシン B 標準品の品質評価法の検討。日本薬学会第 142 年会、名古屋、2022年3月オンライン発表

56) 鈴木里和。COVID-19 流行下の AMR 対策 日本の課題。第 95 回日本細菌学会総会、2022年3月オンライン発表

57) Yahara K, Ma KC, Mortimer TD, Shimuta K, Nakayama SI, Hirabayashi A, Suzuki M, Jinnai M, Ohya H, Kuroki T,

Watanabe Y, Yasuda M, Deguchi T, Eldholm V, Harrison OB, Maiden MCJ, Grad YH, Ohnishi M. Emergence and evolution of antimicrobial resistance genes in *Neisseria gonorrhoeae*. The 2nd *Neisseria gonorrhoeae* Research Society Conference (NgoRS). 第95回日本細菌学会総会、2022年3月オンライン発表

58) 岩尾泰久、森修一、阿戸学、中田登. NGS 併用した Nested Multiplex PCR 法によるらい菌の薬剤耐性および型別の同時同定法. 第95回日本細菌学会総会、2022年3月オンライン発表

59) 橋本佑輔、鈴木仁人、野村隆浩、久留島潤、平川秀忠、谷本弘一、富田治芳. 腸球菌の線状プラスミドに関する分子疫学解析. 第95回日本細菌学会総会、2022年3月オンライン発表

60) 星野仁彦、吉田光範、西川洋平、鈴木仁人、深野華子、竹山春子、鈴木敏彦. シングルセルゲノミクスによる環境細菌分布の探索. 第95回日本細菌学会総会、2022年3月オンライン発表

61) 鈴木仁人. 自然環境中における細菌-プラスミド相互作用の網羅的解析. 第95回日本細菌学会総会、2022年3月オンライン発表