

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、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2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・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(カルバペネム耐性菌感染症、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た。七室では薬剤耐性菌多検体ゲノム解析システムのハイスループット化を行い、5,595 検体の解析を実施した。薬剤耐性菌バンクでは順天堂大学医学部細菌学が保有する MRSA 株他約 900 株の譲渡を受けた。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。また Jenderal Sudirman University Dr. Hidayati Rizka 氏(インドネシア)の技術研修を受け入れた(令和2年1月～3月)。

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2年4月1日より山岸拓也が第四室室長に、名木稔が第八室室長に、10月1日より菅原庸が第七室室長に着任した。

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 142 株(菌種内訳: *Acinetobacter* sp. 1 株、*Enterobacter cloacae* complex 3 株、*Enterococcus* spp. 118 株、*Escherichia coli* 12 株、*Klebsiella aerogenes* 2 株、*Klebsiella pneumoniae* 1 株、*Klebsiella oxytoca* 3 株、*Proteus* sp. 1 株、*Staphylococcus aureus* 1 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、シーケンス解析を実施し、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、村松茂、稲嶺由羽、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(*E. coli* 5 株、*A. baumannii* 5 株、*Achromobacter*

spp. 1 株、*E. aerogenes* 1 株、*E. coli* 12 株、*Enterobacter* spp. 1 株、*Hafnia alvei* 1 株、*K. pneumoniae* 8 株、*P. aeruginosa* 2 株、*P. putida* 1 株、*Ralstonia mannitolilytica* 2 株、*S. maltophilia* 1 株、*Providencia stuartii* 4 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、久恒順三、菅原庸、菅井基行]

5 医療機関、3 大学から依頼を受け、以下の菌株の解析を実施した(*S. aureus* 219 株、*E. faecium* (VRE) 3 株、*C. difficile* 3 株)。NGS を用いてゲノタイピング、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、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%) について解析を行った。全症例においては、血流感染、呼吸器感染、大腸菌による感染が独立した死亡のリスクであったが分離菌株がカルバペネマーゼ遺伝子陽性であることは死亡のリスクではなかった。一方、KPC/NDM 型による感染は IMP 型に比べ有意に死亡割合が高かった。[池上千晶 (感染症疫学センター、FETP)、松井真理、鈴木里和、菅井基行]

3. 国内で分離された *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 ではしばしば同一の Sequence Type (ST) を示すことから、より詳細な比較のため国内 17 医療機関で分離された 47 株を含む *A. baumannii* international clone II 系統 49 株の SNPs 数を評価した。今回使用したデータセットの ST208 株では、同一医療機関分離株の SNPs 数は 0~19 個、異なる医療機関分離株では 19~90 個であった。保有する耐性遺伝子パターンなどの比較を引き続き実施している。[松井真理、鈴木里和、稲嶺由羽、久恒順三]

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。Multilocus Sequence Typing では、12 の新規

Sequence Type (ST) を含む 20 の ST に分類された。*hsp60* 配列に基づく菌種名は、*E. hormaechei* subsp. *steigerwaltii* が 16 株と最も多く、*E. roggenkampii* 9 株、*E. kobei* 8 株、*E. asburia* 7 株、*E. hormaechei* subsp. *hofmannii* 6 株と続いた。薬剤感受性や保有する薬剤耐性遺伝子のパターンには菌種特性があることが示唆され、より詳細な比較解析を実施している。[松井真理、稲嶺由羽、鈴木里和、甲斐久美子、(以下 病原体ゲノム解析研究センター) 関塚剛史、黒田誠]

5. カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) サーベイランス評価に関する研究

感染症発生動向調査 (NESID) の CRE 届出評価のため、千葉県内における 2015 年から 2018 年までの CRE 発生に関するアンケート調査を 2020 年 2 月、6 月に行い、NESID の届出との比較を行った。千葉県内 286 医療機関中 98 医療機関からの反応 (34%) があった。同調査では、CRE 感染症患者数は 2015 年以降、毎年 28、65、66、56 であり、Capture-Recapture 法を応用した推計では、2015 年以降 80、91、92、110 の CRE 感染症患者が県内で発生していると考えられた。NESID 感度は 80% から 88% であり、4 年間で大きな変動を認めなかった。[門倉圭佑 (FETP)、山岸拓也、松井真理]

6. 台湾および日本で分離されたカルバペネマーゼ産生菌の比較解析

台湾や日本を含む環太平洋は IMP 型カルバペネマーゼ産生菌が定着している一方、NDM 型カルバペネマーゼ産生腸内細菌科細菌は主に海外から流入した新たな薬剤耐性菌である。日本・台湾とも 2010 年代前半は NDM-1 が多かったが後半になり中国における流行に伴い、NDM-5 が急増していた。*bla_{NDM-5}* は接合能を有する IncX3 プラスミド上に存在することが多く、この IncX3 プラスミドの配列は多様性が低い。そのため、*bla_{NDM-5}* 保有 IncX3 プラスミドが関与する腸内細菌目細菌の多菌種にわたる院内感染事例においてはタイピング解析が困難である。そこで台湾と日本の院内感染事例において、疫学関連の有無が明らかな症例における分子疫学解析を行い、配列多様性の乏しいプラスミドにおける比較可能性の検討を実施した。[鈴木里和、松井真理、甲斐久美子、村松茂、稲嶺由羽]

7. 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、柴山恵吾(細菌第二部)]

8. 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。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)]

9. 食品から分離された薬剤耐性菌の解析

中国学園大学で薬剤耐性菌選択培地にて食品から分離された 16 株を解析し、菌種同定、タイピング、薬剤耐性遺伝子の同定を実施すると共に、結果を報告した。[鹿山鎮男、于連升、菅原庸、菅井基行、川野光興(協力研究員)]

10. エジプトにて分離された薬剤耐性菌の解析

広島大学大学院 統合生命科学研究科 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、エジプト由来の β -ラクタマーゼ遺伝子保有株、*mcr* 遺伝子保有株(菌株内訳:*E. coli* 5 株、*P. stuartii* 4 株、*A. baumannii* 4 株、*P. aeruginosa* 1 株)の遺伝子検査を実施した。Illumina 社のショートリードシーケンサー MiniSeq/MiSeq および Oxford Nanopore Technologies 社のロングリードシーケンサー MinION/GridION を用いて、一塩基多型(SNP)による系統樹解析、染色体やプラスミド上の薬剤耐性遺伝子の詳細な解析を行った。[于連升、鹿山鎮男、久恒順三、菅原庸、菅井基行]

11. 市中下水、河川水、海水、と畜場排水、食鳥処理場排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、岐阜大学、埼玉県立大学から依頼を受け、712 株の解析を行った。うち 696 株を MALDI-TOF MS による菌種同定、NGS を用いて 86 株のショートリード解析、18 株のロングリード解析を行い、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、若井智世、内野清香、安齋栄子、沓野祥子、近藤恒平、菅原庸、菅井基行]

12. 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、ゲノム配列解読した。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た。[久恒順三、岩尾泰久、沓野祥子、菅井基行]

13. 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]

14. 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、ヒストプラズマ症、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。それらの分離菌を用い、菌種同定および MLST 解析を行った。また、カンジダ属菌に関しては菌種同定を行った後、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の解明を試みた。[名木稔、宮崎義継(真菌部)]

15. 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ゾール系薬の場合、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ゾ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、取り込まれるステロール種、特にステロイド骨格 7 位の二重結合の有無によって大きく異なった。二重結合を有するステロール添加条件では感受性は高く、有しないステロール添加条件では低感受性を示した。ヒトの主要ステロールは 7 位二重結合の無いコレステロール

であり、*C. glabrata* が感染時にコレステロールを取り込んだ場合、AMPH-B 低感受性化が予想される。[名木稔、田辺公一(龍谷大)、宮崎義継(真菌部)]

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.* の分子疫学解析

研究協力医療機関より分与された *B. cereus* 36 株および、MLST データベースに登録されている日本国内の院内感染由来株 84 株の計120 株について MLST シェーマに用いられる7つの allele をすべて連結した concatenate 配列を作成、系統樹解析を行った。系統樹解析に基づく分類は原則として Priest らの提案する方法に基づいたが、日本独自の株による群はあらたな clade 等に分類した。Priest らの Clade1 が血液等の無菌検体と関連する可能性があり、特に院内感染事例では clade1 の特定の群 (*Cereus*III, IV) との相関が示唆された。ハイリスククローンとして報告されている ST1420 は *Cereus*III に属していた。[鈴木里和、稲嶺由羽、久恒順三]

2. 多剤耐性 *Acinetobacter bereziniae* (MDR non-Ab) の分子疫学解析

鳥取大学医学部 臨床感染症学講座 千酌浩樹教授との共同研究にて、2003 年 1 月から 2021 年 2 月まで鳥取大学医学部附属病院の患者および環境から分離された *A. bereziniae* 36 株 (MDRA 26 株、感受性株 10 株) のショートリード解析を行った。うち 7 株のロングリード解析も実施し、*bla*_{IMP-19} 保有するプラスミドの全長の塩基配列を決定した。比較解析を行ったところ、*bla*_{IMP-19} の周辺構造は 2001 年～2006 年京都府・滋賀県の病院患者から分離された *A. bereziniae* 保有 *bla*_{IMP-19} の周辺構造と一致していた。[于連升、鹿山鎮男、久恒順三、矢原耕史、菅井基行]

3. 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

16 自治体 (北海道、青森県、群馬県、埼玉県、茨城県、千葉県、神奈川県、長野県、岐阜県、滋賀県、京都府、石川県、広島県、徳島県、長崎県、沖縄県) からの要請を受け、COVID-19 アウトブレイクが発生した約 50 か所の医療機関および介護施設にて疫学調査および感染管理支援を実施した。また、県庁および保健所では主に市中感染事例について疫学調査支援を実施した。集団発生の規模は 2～318 名であり、2020 年 12 月以降より 100 名を超える集団感染事例が 4 件発生した。収束後はこれらの調査結果を自治体や施設担当者らとまとめ、国立感染症研究所病原微生物検出情報 (IASR) や論文等で報告した。[黒須一見、山岸拓也]

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重要となる阻止円の直径測定法では、現行の日局の記載とは測定原理が一部異なるより高精度の機器が国内で普及しつつある。この機器と旧来使用されていた機器との比較を行い、同等の測定力価が得られることを明らかにした。ただし、新機種では測定カメラの軸に僅かな偏位があり、それが測定値に微小な差異を生じる要因であることが明らかとなった。[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文、菅井基行]

2. ゲンタマイシン硫酸塩成分別力価に関する検討

複合医薬品であるゲンタマイシン硫酸塩に関しては、その主要な構成成分であるゲンタマイシン C1, C1a, C2 を親水性相互作用クロマトグラフィー (HILIC) で分離し、三連四重極型質量分析計を用いて、感度・特異性高く定量する系が構築されている。この定量法とゲンタマイシンの各成分の測定力価を統合することで、ゲンタマイシン硫酸塩の力価を物理化学的に評価する測定法の開発を行った。また、バイオアッセイにて測定したゲンタマイシンの成分ごとの力価を日局では C1:C2:C1a=1:1.35:1 (C1=C1a<C2) としての試験法が記載されているが、実測値では C1<C2<C1a であった。同等の結果は他の研究においても報告されていた。[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文、前川恵子 (同志社女子大学)]

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と、集計データの公開

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 に準拠し集計し、集計データを GLASS に提出した。また、このプログラムで 2019 年のデータを都道府県別に行った結果を、CSV ファイルおよび Excel ツールとして公開した。その CSV ファイルは、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で、ワンヘルスプラットフォーム web サイトに組み込まれた。また、その過程で、WHO GLASS と JANIS のデータ集計時の重複処理方式の違いを整理した上で、その違いが耐性率の集計値に与える影響が軽微であることを明らかにした論文を、WHO GLASS チームとの共著で国際誌に発表した。さらにこの研究成果を、英国 Wellcome Trust の薬剤耐性カンファレンスで選抜口頭発表し、第二位に選ばれるなど高い評価を得た。[矢原耕史、梶原俊毅、平林亜希、菅井基行、(以下 細菌第二部) 柴山恵吾]

2. 市中耐性菌サーベイランスデータの集計

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、解析するプログラムの開発を、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、ワンヘルスプラットフォームで公開する準備を進めた。[矢原耕史、梶原俊毅、安齋栄子、柴山恵吾(以下 細菌第二部)]

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が問題となっている。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 2015-2016 年の各年で算出し、その分離頻度の分布を都道府県レベルで明らかにした。その上で、国立国際医療研究センターから公開されている抗菌薬使用量データとの関連を回帰モデルで検討し、第三世代セファロスポリンおよびフルオロキノロンの使用量との間に、統計的に有意な関連を見出した。この成果を国際誌に発表した。[平林亜希、矢原耕史、梶原俊毅、菅井基行、柴山恵吾(以下 細菌第二部)]

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。日本で生じて世界に拡散していったとされるセファロスポリン低感受性を司る *penA-10* と *penA-34* 遺伝子と、それを主に有する2つの系統に注目し、ハーバード大学・オックスフォード大学との共同研究により日本株と海外株のデータを統合解析し、その起源と進化・伝播のタイムライン、メカニズム、プロセスを明らかにした。特に、欧米へ拡散した *penA-34* 遺伝子は、他のナイセリア属との組換えの後、野生型 *penA-1* を有する別の日本株との更なる組換えによって生じたことを明らかにした。さらに、文献データから、過去の日本における抗菌薬使用様式の下で当該耐性遺伝子を選択された可能性を示した。以上の成果を国際一流誌に発表し、英国 Wellcome Trust の薬剤耐性カンファレンスで発表した。[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 の海外展開である。その名称を新たに ASIARS-Net とし、画面上の文言を JANIS から ASIARS-Net に統一し、公式ホームページ (<https://janis.mhlw.go.jp/english/asiars-net/>) を開設し、利用国毎にデータベースを分割して運用するシステムの改良を重ねた。ユーザ向けページのデザインを刷新すると同時に、利用国が新たに増えた場合に当該国向けのシステムを構築し URL を発行する手順とツールを整備した。[矢原耕史、平林亜希、梶原俊毅、菅井基行、柴山恵吾(以下 細菌第二部)]

6. JANIS SSI 部門データを活用した手術部位感染症発症 (SSI)抑制に関する研究

呼吸器外科手術に着目し、年間平均手術件数が SSI 発症に及ぼす影響について検討を行った。全 74 医療機関、21,154 件の胸腔鏡下手術(VATS)を対象に各医療機関の年間平均手術数を 50 件未満、50~100 件、100 件より多い群に分類し、それぞれの SSI 発症率が 1.47%、0.75%、1.17% で、50~100 件/年の手術件数のグループが最も SSI 発生率が低かった。多変量解析を行い、NNIS risk index で層別化を行い、risk index 1 のグループでは 50-100 件/年群と比較しその他の群の odds ratio(OR)が約 2.5 で、risk index 2-3 のグループでは 50 件未満/年のグループの OR が 4.83 であることを明らかにした。[梶原俊毅、矢原耕史、平林亜希、黒須一見、菅井基行、柴山恵吾(以下 細菌第二部)]

7. JANIS データを活用したその他の研究

まず、JANIS の現在の状況と今後の発展の方向性をまとめた英文のオープンアクセスレビューを刊行した。次に、肺炎球菌のペニシリン耐性率とペニシリン消費量の関連に関する、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。2013 年から 2018 年の間に、肺炎球菌のペニシリン感受性が徐々に回復すると同時に、ペニシリン消費量が増えており、ペニシリンを主に使用しても肺炎球菌のペニシリン感受性が低下する訳ではないことを示した。[矢原耕史、梶原俊毅、平林亜希、菅井基行、柴山恵吾(以下 細菌第二部)]

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

広島県で、地域の高齢者医療施設群をモデルとして①機能分類に基づいた高齢者施設における耐性菌保菌状況の調査を行い ②耐性菌感染症の発症予後因子を明らかにする。全6施設の保菌調査を行った。口腔検体中、保菌調査を実施した入所者のうちESBL、CRE を選択する培地に増殖

を確認した陽性率 (AMR-GNR 率) は介護福祉施設で 17.3%、介護保健施設では 19.7% であった。一方、便検体では AMR-GNR 率は介護福祉施設で 60.0%、介護保健施設では 57.6% であった。また便中の ESBL 産生 *E. coli* の割合は 50.0% であった。

予後調査結果を回収できた 4 施設で、入所から 2020 年 9 月までの期間の死亡率は 9.5-23.1% であること、死亡の大半は施設内で生じていること、抗菌薬投与状況には施設間で差があることを示した。[梶原俊毅、矢原耕史、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

WHO 西太平洋地域事務局 (The Western Pacific Region: WPRO) と AMR Outbreak Guidance などリスク評価手法の協議を行っている。また、2020 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、今後 3 年間の方針立案に貢献した。[山岸拓也]

10. 食品 (野菜・肉等) から分離された薬剤耐性菌の解析

令和 2 年度食品健康影響評価技術研究「家畜由来薬剤耐性菌の水圏・土壌環境を介した野菜汚染の定量評価及び人への伝播に関する研究 (課題番号: JPCAFSC2020200)」と連携し、食品由来薬剤耐性菌のゲノム解析を実施した。[于連升、鹿山鎮男、菅原庸、久恒順三、鈴木仁人、菅井基行]

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 及び検査手技動画手順書等の提供

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 77 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 とともに送付した。[松井真理、甲斐久美子、村松茂、稲嶺由羽、鈴木里和]

2. カルバペネム耐性腸内細菌科細菌の検査に関するレファレンス業務

令和 2 年度厚生労働省外部精度管理事業として、カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) のカルバペネマーゼ遺伝子の検出と β-ラクタマーゼ産生性の確認を課題に、全国 67 施設の地方衛生研究所又は保健所にそれぞれ CRE 4 株を送付し、精度評価を実施した。参加施設の回答がばらついた試験手法は、その要因を検討し参加施設へ還元するとともに、病原体検出マニュアル薬剤耐性菌の次期改訂作業を進めた。[松井真理、鈴木里和、甲斐久美子、稲嶺由羽、

村松茂、菅井基行]

3. 病原体検出マニュアル薬剤耐性菌の改訂

病原体検出マニュアル薬剤耐性菌を改訂し、Ver2.0 を公開した。令和元年度厚生労働省外部精度管理事業カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) の結果に基づき CRE の表現型検査方法と判定の項目を改訂したほか、カルバペネマーゼ遺伝子検出用のマルチプレックス PCR 法、シーケンスによるカルバペネマーゼ遺伝子型別方法等を新規追加した。[松井真理、鈴木里和、甲斐久美子、稲嶺由羽、村松茂、菅井基行]

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病原体情報のうち、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 2019 年検体採取分の試験検査結果について、報告率が 70% 以下の自治体への問い合わせ等を実施したのち、1,799 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と、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とで毎週テレビ電話会議を行い、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。2020 年 4 月 1 日～2021 年 3 月 31 日の計 46 回の会議で、71 事例のリスク評価を行い、うち 48 事例 (68%) は自治体に対処状況等を確認した。[松井真理、鈴木里和、山岸拓也、黒須一見、菅井基行、島田智恵 (感染症疫学センター)、(以下 感染症疫学センター FETP) 門倉圭佑、渡邊佳奈、芹沢悠介、笠松亜由、中下愛美、黒澤克樹]

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、耐性菌を約 25000 株収集し、PCR を実施すると共に 7000 株の NGS、

薬剤感受性試験を実施した。[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、笹田万友美、于連升、坂本典子、鈴木仁人、中澤美佳子、瀧世志江、石塚貴久、安齋栄子、北村徳一、沓野祥子、岩尾泰久、近藤恒平、菅井基行]

Ⅲ. 薬剤耐性菌バンク

昨年度に受け入れた米国 CDC AR Panel について、国内 1 研究機関に共同研究契約を結んだ上で無償譲渡した。[菅原庸、鹿山鎮男、菅井基行] 順天堂大学医学部細菌学が保有する MRSA 株他 1,019 株の譲渡を受けた。[北村徳一、久恒順三、菅井基行、菅原庸] 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 5,312 株、患者血液培養由来株 74 株を保存した。[于連升、鹿山鎮男、菅井基行、菅原庸] JARBS 株 (腸内細菌科細菌、*Acinetobacter* 属菌、緑膿菌他) 14,958 株、JARBS-SA 株 (*Staphylococcus aureus*) 727 株、JARBS-VRE 株 (*Enterococcus faecium*, *E. faecalis*, *E. casseliflavus*) 34 株を受け入れた。[北村徳一、鹿山鎮男、久恒順三、沓野祥子、菅井基行、菅原庸]

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、2020 年秋以降、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、海水を収集した(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)。2021 年 3 月までに大腸菌を 4,156 株、ESBL 産生大腸菌を 107 株分離した。うち 591 株のショートリード NGS 解析、115 株の薬剤感受性試験を行った。[于連升、鹿山鎮男、内野清香、若井智世、瀧世志江、安齋栄子、北村徳一、菅原庸、矢原耕史、坂本典子、近藤恒平、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(10 品目): ドキソルビシン塩酸塩、セフトラゾラム、ピペラシリン、アクラルピシン、ゲンタマイシン硫酸塩、バンコマイシン塩酸塩、セフトロキムプロキセチル、エリスロマイシン、セフトリアムヘキセチル塩酸塩、テイコプラニン

サブロット更新(4 品目): バカンピシリン塩酸塩、クリンダマイシン塩酸塩、セフトリプテン塩酸塩、クラリスロマイシン[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文]

2. 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、エピルビシン塩酸塩標準品、クラリスロマイシン標準品、スルバクタム標準品、セフェピム塩酸塩標準品、セフトリアム塩酸塩標準品、セフトリアキソンナトリウム標準品、タゾバクタム標準品、バンコマイシン塩酸塩標準品、ピペラシリン標準品、ミノサイクリン塩酸塩標準品、ロキシスロマイシン標準品の 11 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]

3. 交付用菌株の凍結乾燥品アンプル製造

日本薬局方において規定されている試験用菌株 *Escherichia coli* NIHJ の交付用凍結乾燥品アンプルを作成、菌量等の品質試験を実施した。[鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、近田俊文]

4. 後発医薬品品質確保対策事業関連

2020 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。試験は試験担当室として、真菌部において実施された。試験品目:注射用セフェピム塩酸塩 4 ロット [鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、吉村由美子、稲嶺由羽、近田俊文]

5. バンコマイシン塩酸塩製剤の出荷判定妥当性確認

監視指導・麻薬対策課からの依頼、「バンコマイシン製剤の出荷にかかる試験結果の確認について」に基づき、2社において実施されたバンコマイシン塩酸塩点滴静注用 0.5g 16 ロット分の試験成績書等を精査した。精査の結果、1 社については力価算定の計算方法に誤りがあり今後改善が必要な旨報告した。[鈴木里和、松井真理、稲嶺由羽、村松茂、近田俊文]

国際協力関係業務

I. JICA 関連

1. 2020 年 4 月にオンラインセミナー「アジア・アフリカのコロナ対策の最前線と保健医療体制:Post COVID-19 に向けて」で講演を実施した。[黒須一見]

2. JICA チョーライ病院向け病院運営・管理能力向上支援プロジェクト研修技術支援

2020 年 11 月にホーチミン市チョーライ病院内で開催された第 3 回感染管理担当者養成研修の運営・企画指導を実施した。[黒須一見]

II. 技術研修

公益財団法人武田科学振興財団の依頼を受け、2020年1月～3月、インドネシア Jenderal Sudirman University の Dr. Hidayati Rizka 氏を受け入れて、バンコマイシン耐性腸球菌 (VRE) の薬剤耐性遺伝子の検出方法、ゲノム解析の方法などに関する研修を実施した。[于連升、杳野祥子、久恒順三、鹿山鎮男、菅井基行]

研修業務

I. 薬剤耐性菌に関する研修

1. 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。2020年9月8日～9日に1名、11月11日～12日に2名、合計3施設3名が参加した。[松井真理、鈴木里和、甲斐久美子、村松茂、稲嶺由羽]

2. 薬剤耐性菌に関する講義(抗菌薬総論)および実技(カルバペネマーゼ等産生確認試験)の動画を作成し、関連資料とともに地方衛生研究等の薬剤耐性菌検査担当者向け自己学習用DVDを作成、希望した77施設に配布した。
[稲嶺由羽、松井真理、甲斐久美子、村松茂、鈴木里和]

II. COVID-19に関する研修

1. 地方自治体(茨城県、神奈川県、東京都、香川県、広島県、札幌市、帯広市)、東京都病院協会、日本在宅ケア学会でCOVID-19対応に関する研修会や講演を行った。[黒須一見、山岸拓也]

2. 厚生労働省院内感染対策講習会事業に係る講習会
環境整備と个人防护具の適正使用に関する講義を実施し、2020年9月から2021年3月までオンライン配信された。[黒須一見]

3. 厚生労働省「障害者支援施設及び障害福祉サービス事業所等における感染症対策力向上支援業務」
障害者施設における COVID-19 感染予防対策の講演を実施し、2020年12月から2021年3月までオンライン配信された。[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、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
VRE アウトブレイクが発生した医療機関において、2020年6月に、当該保健所と医療機関との合同会議を開催した。
[黒須一見、山岸拓也]

3. カルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) アウトブレイク事例対応

CRE アウトブレイクが発生した医療機関において、2020年9月～11月に疫学調査、感染管理の助言、当該保健所と医療機関との合同会議を複数回開催した。[山岸拓也]

4. バンコマイシン耐性腸球菌 (VRE) アウトブレイク事例対応
VRE アウトブレイクが発生した医療機関において、2021年3月に疫学調査と職員への指導、当該保健所と医療機関との合同会議を開催した。[黒須一見、山岸拓也、松井真理、鈴木里和、菅井基行]

II. 国のガイドライン、ガイダンス、マニュアルの作成

1. 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公開と改定。[黒須一見、山岸拓也]

2. 厚生労働省。「介護現場における(施設系、通所系、訪問系など)感染対策の手引き」第一版、第二版の作成[山岸拓也]

3. 厚生労働省。「障害福祉サービス施設・事務所職員のための感染対策マニュアル - 入所系、通所系、訪問系」の作成。[山岸拓也]

4. 厚生労働省。「障害福祉サービス事業所等における新型コロナウイルス感染症発生時の業務継続ガイドライン」の作成。[山岸拓也]

5. 厚生労働省。繁華街における COVID-19 対策ビデオ監修[山岸拓也]

III. 自治体等への助言、等

1. 自治体首長等との意見交換、説明

2020年6月9日新型コロナウイルス感染症に関する対応に関し、奈良県知事との意見交換を行った。また、2020年6月20日新型コロナウイルス感染症に関する厚生労働大臣勉強会で札幌市高齢者施設事例に関する説明を行った[山岸拓也]

2. 群馬県健康危機管理チーム会議

2020年8月25日、11月17日、2021年2月2日に会議に参加し、県の対策への助言を行った。[山岸拓也]

3. 東京都 iCDC 感染管理チーム会議

2020年9月17日、11月26日に会議に参加し、都の方針への助言を行った。[山岸拓也]

発表業績一覧

I. 誌上発表

1. 欧文発表

1) Hashimoto Y, Kita I, Suzuki M, Hirakawa H, Ohtaki H, Tomita H. First report of the local spread of vancomycin-resistant Enterococci ascribed to the interspecies transmission of a *vanA* gene cluster-carrying linear plasmid. *mSphere*. 2020 Apr;5(2):e00102-20.

2) Tsubouchi T, Suzuki M, Niki M, Oinuma KI, Niki M, Takeya H, Kaneko Y. Complete genome sequence of *Acinetobacter baumannii* ATCC 19606^T, a model strain of pathogenic bacteria causing nosocomial infection. *Microbiol Resour Announc*. 2020 May;9(20):e00289-20.

3) Nguyen NT, Takemura T, Pham AHQ, Tran HT, Vu KCT, Tu ND, Huong LT, Cuong NT, Kasuga I, Hasebe F, Suzuki M. Whole-genome sequencing and comparative genomic analysis of *Shewanella xiamenensis* strains carrying *bla_{OXA-48}*-like genes isolated from a water environment in Vietnam. *J Glob Antimicrob Resist*. 2020 Jun;21:272-274.

4) Sadamoto S, Shinozaki M, Nagi M, Nihonyanagi Y, Ejima K, Mitsuda A, Wakayama M, Tochigi N, Murakami Y, Hishima T, Nemoto T, Nakamura S, Miyazaki Y, Shibuya K. Histopathological study on the prevalence of trichosporonosis in formalin-fixed and paraffin-embedded tissue autopsy sections by in situ hybridization with peptide nucleic acid probe. *Med Mycol*. 2020 Jun;58(4):460-468.

5) Kiga K, Tan XE, Ibarra-Chávez R, Watanabe S, Aiba Y, Sato'o Y, Li FY, Sasahara T, Cui B, Kawauchi M, Boonsiri T, Thitianapakorn K, Taki Y, Azam AH, Suzuki M, Penadés JR, Cui L. Developing CRISPR-Cas13a-based antimicrobials for killing antimicrobial-resistant bacteria. *Nat Commun*. 2020 Jun;11(1):2934.

6) Yamagishi T, Kamiya H, Kakimoto K, Suzuki M, Wakita T.

Descriptive study of COVID-19 outbreak among passengers and crew on Diamond Princess cruise ship, Yokohama Port, Japan, 20 January to 9 February 2020. *Euro Surveill*. 2020 Jun;25(23):2000272.

7) Shigemura H, Sakatsume E, Sekizuka T, Yokoyama H, Hamada K, Etoh K, Carle Y, Mizumoto S, Hirai S, Matsui M, Kimura H, Suzuki M, Onozuka D, Kuroda M, Inoshima Y, Murakami K. Food workers as a reservoir of extended-spectrum-cephalosporin-resistant *Salmonella* strains in Japan. *Appl Environ Microbiol*. 2020 Jun;86(13):e00072-20.

8) Shirakawa T, Sekizuka T, Kuroda M, Suzuki S, Ozawa M, Abo H, Furuya Y, Akama R, Matsuda M, Shimazaki Y, Kijima M, Kawanishi M. Comparative Genomic Analysis of Third-Generation-Cephalosporin-Resistant *Escherichia coli* Harboring the *bla_{CMY-2}*-Positive Inc11 Group, IncB/O/K/Z, and IncC Plasmids Isolated from Healthy Broilers in Japan. *Antimicrob Agents Chemother*. 2020 Jun;64(7):e02385-19.

9) Kajihara T, Yahara K, Stelling J, Eremin SR, Tornimbene B, Thamlikitkul V, Hirabayashi A, Anzai E, Wakai S, Matsunaga N, Hayakawa K, Ohmagari N, Sugai M, Shibayama K. Comparison of de-duplication methods used by WHO Global Antimicrobial Resistance Surveillance System (GLASS) and Japan Nosocomial Infections Surveillance (JANIS) in the surveillance of antimicrobial resistance. *PLoS One*. 2020 Jun;15(6):e0228234.

10) Lowbridge C, Chiew M, Russell K, Yamagishi T, Olowokure B, Li A. Regional event-based surveillance in WHO's Western Pacific Region. *Western Pac Surveill Response J*. 2020 Jun;11(2):11-19.

11) Sato Y, Iguchi M, Kato Y, Morioka H, Hirabayashi A, Tetsuka N, et al. Number of concomitant drugs with thrombocytopenic adverse effects and the extent inflammatory response resolution are risk factors for thrombocytopenia in patients treated with linezolid for more than 14 days. *Nagoya J Med Sci*. 2020 Aug;82(3):407-414.

12) Wakabayashi Y, Sekizuka T, Yamaguchi T, Fukuda A, Suzuki M, Kawahara R, Taguchi M, Kuroda M, Semba K, Shinomiya H, Kawatsu K. Isolation and plasmid characterisation of *Salmonella enterica* serovar Albany harbouring *mcr-5* from retail chicken products in Japan. *FEMS*

Microbiol Lett. 2020 Aug;367(15):fnaa127.

13) Kenri T, Suzuki M, Sekizuka T, Ohya H, Oda Y, Yamazaki T, Fujii H, Hashimoto T, Nakajima H, Katsukawa C, Kuroda M, Shibayama K. Periodic genotype shifts in clinically prevalent *Mycoplasma pneumoniae* strains in Japan. Front Cell Infect Microbiol. 2020 Aug;10:385.

14) Morishita Y, Aoki Y, Ito M, Hagiwara D, Torimaru K, Morita D, Kuroda T, Fukano H, Hoshino Y, Suzuki M, Taniguchi T, Mori K, Asai T. Genome mining-based discovery of fungal macrolides modified by GPI-ethanolamine phosphate transferase homologs. Org Lett. 2020 Aug;22(15):5876-5879.

15) Sekizuka T, Itokawa K, Kageyama T, Saito S, Takayama I, Asanuma H, Nao N, Tanaka R, Hashino M, Takahashi T, Kamiya H, Yamagishi T, Kakimoto K, Suzuki M, Hasegawa H, Wakita T, Kuroda M. Haplotype networks of SARS-CoV-2 infections in the Diamond Princess cruise ship outbreak. Proc Natl Acad Sci U S A. 2020 Aug;117(33):20198-20201.

16) Khalifa H, Soliman A, Saito T, Kayama S, Yu L, Hisatsune J, Sugai M, Nariya H, Ahmed A, Shimamoto T, Matsumoto T, Shimamoto T. First report of foodborne *Klebsiella pneumoniae* coharboring *blavIM-1*, *blanDM-1*, and *mcr-9*. Antimicrob Agents Chemother. 2020 Aug;64(9):e00882-20.

17) Sadek M, Nariya H, Shimamoto T, Kayama S, Yu L, Hisatsune J, Sugai M, Nordmann P, Poirel L, Shimamoto T. First genomic characterization of *blavIM-1* and *mcr-9*-coharbouring *Enterobacter hormaechei* isolated from food of animal origin. Pathogens. 2020 Aug;9(9):687.

18) Soliman AM, Ramadan H, Ghazy E, Yu L, Hisatsune J, Kayama S, Sugai M, Nariya H, Shimamoto T, Jackson CR, Shimamoto T. Emergence of *Salmonella* Genomic Island 1 Variant SG11-C in a Multidrug-Resistant Clinical Isolate of *Klebsiella pneumoniae* ST485 from Egypt. Antimicrob Agents Chemother. 2020 Aug;64(9):e01055-20.

19) Nagaoka H, Hirai S, Morinushi H, Mizumoto S, Suzuki K, Shigemura H, Takahashi N, Suzuki F, Mochizuki M, Asanuma M, Maehata T, Ogawa A, Ohkoshi K, Sekizuka T, Ishioka T, Suzuki S, Kimura H, Kuroda M, Suzuki M, Murakami K, Kanda T. Coinfection with Human Norovirus and *Escherichia coli* O25:H4 Harboring Two Chromosomal *bla*_{CTX-M-14} Genes

in a Foodborne Norovirus Outbreak in Shizuoka Prefecture, Japan. J Food Prot. 2020 Sep;83(9):1584-1591.

20) Yamagishi T, Ohnishi M, Matsunaga N, Kakimoto K, Kamiya H, Okamoto K, Suzuki M, Gu Y, Sakaguchi M, Tajima T, Takaya S, Ohmagari N, Takeda M, Matsuyama S, Shirato K, Nao N, Hasegawa H, Kageyama T, Takayama I, Saito S, Wada K, Fujita R, Saito H, Okinaka K, Griffith M, Parry AE, Barnetson B, Leonard J, Wakita T. Environmental Sampling for Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus 2 During a COVID-19 Outbreak on the Diamond Princess Cruise Ship. J Infect Dis. 2020 Sep;222(7):1098-1102.

21) Fukano H, Miyama H, Takatsuki S, Hirabayashi A, Suzuki M, Yoshida M, Uwamino Y, Hasegawa N, Hoshino Y. Complete genome sequence of *Mycolicibacterium* sp. strain NIID-NTM18, isolated from cardiac implantable electronic device infection and most similar to *Mycolicibacterium litorale*. Microbiol Resour Announc. 2020 Sep;9(36):e00830-20.

22) Shanmugakani RK, Sugawara Y, Akeda Y, Hagiya H, Sakamoto N, Aye MM, Myint T, Hamada S, Tomono K. *bla*_{OXA-731}, a new chromosome-encoded *bla*_{OXA-48}-like variant in *Shewanella* sp. from the aquatic environment in Myanmar. Environ Microbiol Rep. 2020 Oct;12(5):548-554.

23) Tsuzuki S, Akiyama T, Matsunaga N, Yahara K, Shibayama K, Sugai M, Ohmagari N. Improved Penicillin Susceptibility of *Streptococcus pneumoniae* and Increased Penicillin Consumption in Japan, 2013-18. PLoS One. 2020 Oct;15(10):e0240655.

24) Expert Taskforce for the COVID-19 Cruise Ship Outbreak. Epidemiology of COVID-19 Outbreak on Cruise Ship Quarantined at Yokohama, Japan, February 2020. Emerg Infect Dis. 2020 Nov;26(11):2591-2597.

25) Nishiki S, Arima Y, Yamagishi T, Hamada T, Takahashi T, Sunagawa T, Matsui T, Oishi K, Ohnishi M. Syphilis in heterosexual women: case characteristics and risk factors for recent syphilis infection in Tokyo, Japan, 2017-2018. Int J STD AIDS. 2020 Nov;31(13):1272-1281.

26) Abe R, Akeda Y, Sugawara Y, Takeuchi D, Matsumoto Y, Motooka D, Yamamoto N, Kawahara R, Tomono K, Fujino Y,

- Hamada S. Characterization of the Plasmidome Encoding Carbapenemase and Mechanisms for Dissemination of Carbapenem-Resistant *Enterobacteriaceae*. *mSystems*. 2020 Nov;5(6):e00759-20.
- 27) Sekizuka T, Itokawa K, Hashino M, Kawano-Sugaya T, Tanaka R, Yatsu K, Ohnishi A, Goto K, Tsukagoshi H, Ehara H, Sadamasu K, Taira M, Shibata S, Nomoto R, Hiroi S, Toho M, Shimada T, Matsui T, Sunagawa T, Kamiya H, Yahata Y, Yamagishi T, Suzuki M, Wakita T, Kuroda M. A Genome Epidemiological Study of SARS-CoV-2 Introduction into Japan. *mSphere*. 2020 Nov;5(6):e00786-20.
- 28) Ayibieke A, Kobayashi A, Suzuki M, Sato W, Mahazu S, Prah I, Mizoguchi M, Moriya K, Hayashi T, Suzuki T, Iwanaga S, Ablordey A, Saito R. Prevalence and characterization of carbapenem-hydrolyzing class D β -Lactamase-producing *Acinetobacter* isolates from Ghana. *Front Microbiol*. 2020 Nov;11:587398.
- 29) Yahara H, Hiraki A, Maruoka Y, Hirabayashi A, Suzuki M, Yahara K. Shotgun metagenome sequencing identification of a set of genes encoded by *Actinomyces* associated with medication-related osteonecrosis of the jaw. *PLoS One*. 2020 Nov;15(11):e0241676.
- 30) Hayashi M, Matsui M, Sekizuka T, Shima A, Segawa T, Kuroda M, Kawamura K, Suzuki S. Dissemination of IncF group F1:A2:B20 plasmid-harboring multidrug-resistant *Escherichia coli* ST131 before the acquisition of *bla*_{CTX-M} in Japan. *J Glob Antimicrob Resist*. 2020 Dec;23:456-465.
- 31) Abe M, Katano H, Nagi M, Higashi Y, Sato Y, Kikuchi K, Hasegawa H, Miyazaki Y. Potency of gastrointestinal colonization and virulence of *Candida auris* in a murine endogenous candidiasis. *PLoS One*. 2020 Dec;15(12):e0243223.
- 32) Kado I, Hisatsune J, Tsuruda K, Tanimoto K, Sugai M. The impact of fixed orthodontic appliances on oral microbiome dynamics in Japanese patients. *Sci Rep*. 2020 Dec;10(1):21989.
- 33) Hirabayashi A, Yahara K, Kajihara T, Sugai M, Shibayama K. Geographical distribution of Enterobacterales with a carbapenemase IMP-6 phenotype and its association with antimicrobial use: an analysis using comprehensive national surveillance data on antimicrobial resistance. *PLoS One*. 2020 Dec;15(12):e0243630.
- 34) Kawakita T, Mukai T, Yoshida M, Yamada H, Nakayama M, Miyamoto Y, Suzuki M, Nakata N, Takii T, Ryo A, Ohara N, Ato M. Point mutation in the stop codon of *MAV_RS14660* increases the growth rate of *Mycobacterium avium* subspecies *hominissuis*. *Microbiology*. 2021 Feb;167(2).
- 35) Kumwenda GP, Sugawara Y, Akeda Y, Matsumoto Y, Motooka D, Tomono K, Hamada S. Genomic features of plasmids coding for KPC-2, NDM-5 or OXA-48 carbapenemases in Enterobacteriaceae from Malawi. *J Antimicrob Chemother*. 2021 Jan 1;76(1):267-270.
- 36) Yahara K, Suzuki M, Hirabayashi A, Suda W, Hattori M, Suzuki Y, Okazaki Y. Long-read metagenomics using PromethION uncovers oral bacteriophages and their interaction with host bacteria. *Nat Commun*. 2021 Jan;12(1):27.
- 37) Sasaki T, Adachi T, Itoh K, Kubota M, Yamagishi T, Hirao M, Isawa H, Oishi K, Shibayama K, Sawabe K. Detection of *Bartonella quintana* infection among the Homeless Population in Tokyo, Japan, from 2013-2015. *Jpn J Infect Dis*. 2021 Jan. Online ahead of print.
- 38) Yoshida M, Sano S, Chien JY, Fukano H, Suzuki M, Asakura T, Morimoto K, Murase Y, Miyamoto S, Kurashima A, Hasegawa N, Hsueh PR, Mitarai S, Ato M, Hoshino Y. A novel DNA chromatography method to discriminate *Mycobacterium abscessus* subspecies and macrolide susceptibility. *EBioMedicine*. 2021 Feb;64:103187.
- 39) Igarashi M, Sawa R, Umekita M, Hatano M, Arisaka R, Hayashi C, Ishizaki Y, Suzuki M, Kato C. Sealutomicins, new enediyne antibiotics from the deep-sea actinomycete *Nonomuraea* sp. MM565M-173N2. *J Antibiot*. 2021 Feb;74:291-299.
- 40) Mageiros L, Méric G, Bayliss SC, Pensar J, Pascoe B, Mourkas E, Calland JK, Yahara K, Murray S, Wilkinson TS, Williams LK, Hitchings MD, Porter J, Kemmett K, Feil EJ, Jolley KA, Williams NJ, Corander J, Sheppard SK. Genome evolution and the emergence of pathogenicity in avian *Escherichia coli*. *Nat Commun*. 2021 Feb;12(1):765.

- 41) 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 Feb;10(1):220-222.
- 42) Eda R, Maehana S, Hirabayashi A, Nakamura M, Furukawa T, Sakai K, Kojima F, Sei K, Suzuki M, Kitasato H. Complete genome sequencing and comparative plasmid analysis of KPC-2-producing *Klebsiella pneumoniae* isolated from a hospital sewage water in Japan. *J Glob Antimicrob Resist.* 2021 Mar;24:180-182.
- 43) Lin YC, Kuroda M, Suzuki S, Mu JJ. Emergence of the *mcr-1* colistin resistance gene in extended-spectrum β -lactamase-producing *Klebsiella pneumoniae* in Taiwan. *J Glob Antimicrob Resist.* 2021 Mar;24:278-284.
- 44) Yu L, Kitagawa H, Kayama S, Hisatsune J, Ohge H, Sugai M. Complete genome sequence of *Aeromonas caviae* strain MS6064, a *mcr-3*-carrying clinical isolate from Japan. *Microbiol Resour Announc.* 2021 Mar;10(9):e01037-20.
- 45) Hirabayashi A, Ha VTT, Nguyen AV, Nguyen ST, Shibayama K, Suzuki M. Emergence of a plasmid-borne tigeicycline resistance in *Klebsiella pneumoniae* in Vietnam. *J Med Microbiol.* 2021 Mar;70(3).
- 46) Yoshida M, Fukano H, Asakura T, Suzuki M, Hoshino Y. Complete genome sequence of *Mycobacterium heckeshornense* JCM 15655T, closely related to a pathogenic non-tuberculous mycobacterial species *Mycobacterium xenopi*. *Microbiol Resour Announc.* 2021 Mar;10(10):e00020-21.
- 47) Kajihara T, Yahara K, Hirabayashi A, Shibayama K, Sugai M. Japan Nosocomial Infections Surveillance: current status, international collaboration, and future directions of a comprehensive antimicrobial resistance surveillance system. *Jpn J Infect Dis.* 2021 Mar;74(2):87-96.
- 48) Rimbara E, Suzuki M, Matsui H, Nakamura M, Morimoto M, Sasakawa C, Masuda H, Namura S, Osaki T, Nagata N, Shibayama K, Tokunaga K. Isolation and characterization of *Helicobacter suis* from human stomach. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2021 Mar;118(13):e2026337118.
- 49) 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 and mutations in *Neisseria gonorrhoeae*. *Genome Med.* 2021 Mar;13(1):51.
- 50) 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 gonorrhoea lineage. *Mol Biol Evol.* 2021 in press.
- 51) 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 in press.
- 52) 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 in press.
- 53) 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 in press.
- 54) 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 Microb.* 2021 in press.
- 55) Hirabayashi A, Yanagisawa E, Takahashi H, Yahara K, Boeing P, Wolfenden B, Ann V, Veng M, Lorne V, Nov V,

Darapeak C, Shibayama K, Suzuki M. On-site genomic epidemiological analysis of antimicrobial resistant bacteria in Cambodia with portable laboratory equipment. *Front Microbiol*. 2021 in press.

56) Yamagishi T, Doi Y. Insights on COVID-19 epidemiology from a historic cruise ship quarantine. *Clin Infect Dis*. 2021 in press.

57) 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 tigeicycline resistance, fosfomycin FosA4, and colistin Mcr-1.1 in *Escherichia coli* strains from chickens in Egypt. *Antimicrob. Agents Chemother*. 2021 in press.

2. 和文発表

1) 川田将也、三宅隆仁、近藤仁、奥芝俊一、山口亮、矢野公一、北原瑞枝、山岸拓也、松井珠乃、鈴木基. 札幌市内中核病院における医療従事者新型コロナウイルス感染症例の感染状況. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(5):82-84.

2) 名木 稔. カンジダに対する抗真菌薬の作用機序と耐性機構. 医学書院 臨床検査. 2020 年; 64(7):786-790.

3) 山岸拓也、神谷元、鈴木基、柿本健作. ダイヤモンド・プリンセス号新型コロナウイルス感染症事例における事例発生初期の疫学. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(7):106-108.

4) 坂本壮、伊藤史生、中村聡志、中村朗、倉澤勘太、山田悟史、石出広、井元浩平、蜂巢友嗣、門倉圭佑、山岸拓也. 千葉県内知的障害者施設で集団発生した新型コロナウイルス感染症対応の経験. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(7):114-115.

5) 山口亮、東小太郎、小野嵩史、川西稔展、千葉紘子、寺田健作、中西香織、藤川知子、三觜雄、矢野公一、門倉圭佑、黒澤克樹、鶴飼友彦、黒須一見、山岸拓也. 札幌市における 2020 年 4 月以降の新型コロナウイルス感染症再流行の特徴. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(7):127-129.

6) 黒須一見、山岸拓也、黒澤克樹、門倉圭佑、原敏行、藤川知子、山口亮、三觜雄、矢野公一. 札幌市内中核病院における医療従事者の新型コロナウイルス感染症事例の感染

伝播について. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(7):129-130.

7) 山口亮、東小太郎、小野嵩史、川西稔展、千葉紘子、寺田健作、中西香織、藤川知子、三觜雄、矢野公一、黒澤克樹、門倉圭佑、鶴飼友彦、黒須一見、山岸拓也. 札幌市内の高齢者向け社会福祉施設における新型コロナウイルス感染症事例の特徴. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(7):130-131.

8) 鈴木里和、松井真理、菅井基行、池上千晶、山岸拓也、島田智恵、松井珠乃. 中小規模医療機関におけるカルバペネム耐性腸内細菌科細菌感染症. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(8):19-20.

9) 上地あゆみ、大城春奈、下地法明、玉城 格、原國政直、宮城哲哉、高良武俊、木村太一、松井真理、鈴木里和、菅井基行、関塚剛史、黒田誠、栗国徳幸、手登根稔. 海外渡航歴のない患者より FRI 型カルバペネマーゼの新規バリエント *bla_{FRI-7}* を保有する *Enterobacter cloacae* complex を検出した一症例. 日本臨床微生物学会雑誌. 2020 年; 30(4):273-278.

10) 山口亮、高木悠太、東小太郎、千葉紘子、寺田健作、中西香織、藤川知子、斉藤佳代子、三觜雄、矢野公一、田中宏之、渋間朋子、山谷智美、葛間明美、津田信一郎、貞本晃一、石井安彦、大原幸、人見嘉哲、廣島孝、中下愛実、中村晴奈、鶴飼友彦、芹沢悠介、島田智恵、砂川富正、鈴木基、山岸拓也. 札幌市・小樽市における新型コロナウイルス感染症の昼カラオケ関連事例における感染リスク因子. 病原微生物検出情報 IASR. 2020 年; 41(10):185-187.

11) 鈴木里和、松井真理、鈴木仁人、近田俊文、菅井基行 ProtoCOL3 を用いた抗生物質の微生物学的力価試験法における阻止円の直径の測定に関する検討. 医薬品医療機器レギュラトリーサイエンス. 2020 年; 51(10):548-554.

12) 福田千恵美、松田明日香、松井真理、鈴木里和、関塚剛史、黒田誠、菅井基行. *blag_{ES-5}* 保有 *Serratia marcescens* が検出された 1 症例. 日本臨床微生物学会雑誌. 2021 年; 31(1):17-21.

13) 山岸拓也、土橋西紀、砂川富正、鈴木基、糸井利幸、松村淳子、山田典子、石井安彦、人見嘉哲、廣島孝、山口亮、斉藤佳代子、川西稔展、東小太郎、田中寿賀子、矢野公一. バスツアー関連新型コロナウイルス感染症集団感染

事例、2020年10月. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年; 42(1):17-19.

14) 小林祐介、有馬雄三、神谷元、八幡裕一郎、山岸拓也、砂川富正、鈴木基、太田雅之、新城雄士、鈴木忠樹、岩本和世、森山彩野、高橋宜聖、抗体検査チーム、藤本嗣人、大西真、行政検査チーム、脇田隆字. 新宿区繁華街におけるいわゆる「接待を伴う飲食店」における新型コロナウイルス感染症の感染リスクに関する調査研究(中間報告). 病原微生物検出情報 IASR. 2021年; 42(1):21-22.

15) 松井真理、鈴木里和、菅井基行. アシネトバクテリウム属菌の薬剤耐性機構と検査. 病原微生物検出情報 IASR. 2021年; 42(3):3-4.

16) 有川衣美、村瀬浩太郎、大羽広宣、二宮正巳、松井真理、鈴木里和、菅井基行. TMB-1 メタロ-β-ラクタマーゼ産生 *Acinetobacter pittii* を検出した1例 病原微生物検出情報 IASR. 2021年; 42(3):8-9.

II. 学会発表

1. 国際学会

1) Matsui M, Suzuki S, Sugai M. National pathogen surveillance for carbapenem-resistant Enterobacteriaceae in Japan, 2017-2018. 30th ECCMID, April, 2020. (COVID-19の影響で現地開催は中止、アブストラクト公開のみ)

2) Yoshida M, Fukano H, Yamamoto K, Suzuki M, Morimoto K, Hasegawa N, Mitarai S, Ato M, Hoshino Y. Systematic evaluation of clarithromycin (CAM) resistance related mutations in *Mycobacterium abscessus* complex based on whole-genome sequencing analysis and drug susceptibility testing. ERS International Congress 2020, Austria (Virtual), September, 2020.

3) Yamagishi T. The tale of Diamond Princess. ID week 2020: Chasing the sun. Web conference, October, 2020.

4) Yahara K, Kajihara T, Eremin SR, Tornimbene B, Thamlikitkul V, Stelling J, Hirabayashi A, Anzai E, Wakai S, Matsunaga N, Hayakawa K, Ohmagari N, Sugai M, and Shibayama K. Comparison of de-duplication methods used by WHO Global Antimicrobial Resistance Surveillance System (GLASS) and Japan Nosocomial Infections Surveillance (JANIS) in the surveillance of antimicrobial resistance.

Antimicrobial Resistance – Genomes, Big Data and Emerging Technologies, UK (Virtual), November, 2020.

5) Yahara K, Ma KC, Mortimer TD, Shimuta K, Nakayama S, Hirabayashi A, Suzuki M, Jinnai M, Ohya H, Kuroki T, Watanabe Y, Yasuda M, Deguchi T, Eldholm V, Harrison OB, Martin C. J. Maiden MCJ, Grad YH, Ohnishi M. Emergence and evolution of cephalosporin-resistance genes and fluoroquinolone-resistance mutations spreading worldwide in *Neisseria gonorrhoeae*. Antimicrobial Resistance – Genomes, Big Data and Emerging Technologies, UK (Virtual), November, 2020.

6) Sugai M. The challenges of Biofilm infection in current Antimicrobial Resistant Bacteria. 1st Jenderal Soedirman International Medical Conference (JIMC) 2020 In conjunction with 5th Annual Scientific Meeting (Temilnas) Consortium of Biomedical Science Indonesia (KIBI 2020) Nano-science in Health and Medical Fields: Current State and Opportunities, Indonesia (Web), November, 2020.

7) Sugai M. WG1 Short Presentation. Tokyo AMR One Health Conference, Tokyo (Web), February, 2021.

8) Yamagishi Y. WG2 Short Presentation, Chair. Tokyo AMR One Health Conference, Tokyo (Web), February, 2021.

2. 国内学会

1) 臼井優、福田昭、鈴木仁人、矢原耕史、川西路子、横田伸一、佐藤豊孝、浅井鉄夫、田村豊. *mcr* 保有プラスミドが大腸菌の性状に及ぼす影響とゲノム解析. 第94回日本感染症学会総会・学術講演会、東京、2020年8月

2) 佐藤豊孝、小笠原徳子、臼井優、鈴木仁人、林航、長野則之、田村豊、高橋聡、横田伸一. コリスチン耐性菌の定着性と治療効果に及ぼす影響. 第94回日本感染症学会総会・学術講演会、東京、2020年8月

3) 川上小夜子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行. JANIS データからみる日本の疫学. 第94回日本感染症学会総会・学術講演会、東京、2020年8月

4) Le MN, Kayama S, Yoshikawa M, Hara T, Kashiyama S, Hisatsune J, Tsuruda K, Onodera M, Ohge H, Tsuga K, Sugai M. Oral colonization of long-term care facility residents with antimicrobial-resistant bacteria. Oral Carriage of AMR

Bacteria in a Long Term Care Facility's Residents—
Prevalence and Risk Factor. 第 94 回日本感染症学会総会・
学術講演会、東京、2020 年 8 月

5) 久恒順三. ゲノムから見た日本で分離された MRSA の変遷. 第 94 回日本感染症学会総会・学術講演会、東京、2020 年 8 月

6) 阿部雅広、名木稔、東祥嗣、宮崎義継. 腸管からの *Candida auris* 播種と腸内細菌叢の関連に関するステロイド投与下マウスモデルによる解析. 第 94 回日本感染症学会総会・学術講演会、東京、2020 年 8 月

7) 梅山隆、名木稔、阿部雅広、犬飼達也、東祥嗣、壇辻百合香、中山靖子、山越智、上野圭吾、高塚翔吾、橋本ゆき、星野泰隆、福山まり、小川伸子、宮崎義継. 糸状真菌症診断のピットフォールと新たな展開「培養法における工夫と注意点」. 第 94 回日本感染症学会総会・学術講演会、東京、2020 年 8 月

8) 池田光泰、鹿山鎮男、桑原隆一、荒井千夏、小松澤均、菅井基行、大毛宏喜. シカジーニアス ESBL 遺伝子型検出キット 2 の有用性. 第 69 回日本医学検査学会、東京、2020 年 9 月(日臨技学術奨励賞 優秀演題賞)

9) 深野華子、寺園司、平林亜希、吉田光範、鈴木仁人、和田新平、石井則久、星野仁彦. イエネコにおける *Mycobacterium kansasii* (subtype I) 感染症例とゲノム解析. 第 4 回日本ワノンヘルスサイエンス学会年次学術集会、東京、2020 年 9 月

10) 菅井基行. 教育講演 耐性菌ナショナルサーベイランス. 第 68 回日本化学療法学会総会、神戸(オンライン発表)、2021 年 9 月

11) 山岸拓也. COVID-19 - 19 人の専門家からのアップデート「ダイヤモンドプリンセス号総括」. 第 61 回日本臨床ウイルス学会、2020 年 10 月オンライン配信

12) 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* の転写調節機構の解明. 第 64 回日本医真菌学会総会・学術集会、東京、2020 年 10 月

13) 阿部雅広、名木稔、東祥嗣、金城雄樹、宮崎義継.

Vulvovaginal candidiasis における NKT 細胞の役割解析. 第 64 回日本医真菌学会総会・学術集会、東京、2020 年 10 月

14) 深野華子、吉田光範、鈴木仁人、于連升、有川健太郎、岩朋忠、星野仁彦. 地域特異性の高い *Mycobacterium shigaense* のロングリードシーケンサーを使用した比較ゲノム解析. 第 95 日本結核・非結核性抗酸菌症学会、横浜、2020 年 10 月

15) 山岸拓也. クラミジア. 第 68 回日本感染症学会東日本地方会学術集会 第 66 回日本化学療法学会東日本支部総会 合同学会、仙台、2020 年 10 月

16) Kayama S, Sugai M. The launch of “Japanese Antimicrobial Resistant Bacterial Surveillance (JARBS)”. 第 69 回日本感染症学会東日本地方会学術集会 第 67 回日本化学療法学会東日本支部総会 合同学会、東京、2020 年 10 月

17) 鹿山鎮男、菅井基行. JARBS(Japan Antimicrobial Resistant Bacterial Surveillance)が目指すこと. 第 69 回日本感染症学会東日本地方会学術集会 第 67 回日本化学療法学会東日本支部総会 合同学会、東京、2020 年 10 月

18) 菅井基行. AMR2020 - 我が国の薬剤耐性の現状 - 皮膚科医に向けたメッセージ. 第 72 回日本皮膚科学会西部支部学術大会、2021 年 10 月オンライン開催

19) 柴山新、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. カルバペネマーゼ遺伝子多重保持株 *Acinetobacter baumannii* OCU_Ac16a が有する *bla*_{TMB-1} と *bla*_{OXA-58} の機能性. 第 90 回日本感染症学会西日本地方会学術集会・第 63 回日本感染症学会中日本地方会学術集会・第 68 回日本化学療法学会西日本支部総会、福岡、2020 年 11 月

20) 徳永健吾、林原絵美子、松井英則、鈴木仁人、大崎 敬子、井田陽介、三好佐和子、長濱清隆、大野亜希子、三好潤、久松理一、岡本晋. 胃 MALT リンパ腫における *Helicobacter suis* 感染症の関与. 2020 年度日本消化器関連学会 (JDDW 2020)、神戸、2020 年 11 月

21) 菅井基行. AMR に関する最近の話題 -これまでとこれから-. 第 49 回薬剤耐性菌研究会、埼玉県熊谷市、2020 年 11 月

- 22) Hirabayashi A, Yahara K, Kajihara T, Sugai M, Shibayama K. IMP-6 表現型を有する腸内細菌目細菌の地理的分布と抗菌薬使用量との関連性: 薬剤感受性全国サーベイランスデータを用いた解析. 第 49 回薬剤耐性菌研究会、埼玉県熊谷市、2020 年 11 月
- 23) 川上小夜子、矢原耕史、柴山恵吾、菅井基行. 2019 年の JANIS データから見る薬剤耐性菌の動向. 第 49 回薬剤耐性菌研究会、埼玉県熊谷市、2020 年 11 月
- 24) 曾我英司、林航、飯村将樹、泉克俊、吉田諭史、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-5、-24 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 49 回薬剤耐性菌研究会、埼玉県熊谷市、2020 年 11 月
- 25) 林航、曾我英司、飯村将樹、泉克俊、吉田諭史、于連升、鹿山鎮男、菅井基行、長野由紀子、長野則之. 病院下水環境に認められた *bla*_{GES-5}、*bla*_{GES-24} 及び *bla*_{GES-24}/*bla*_{VEB-1} 保有プラスミドの特性解析. 第 49 回薬剤耐性菌研究会、埼玉県熊谷市、2020 年 11 月
- 26) 阿部雅広、名木稔、金城雄樹、宮崎義継. マウスモデルを用いた vulvovaginal candidiasis に対する免疫学的応答の解析. 真菌症フォーラム 2020 学術集会、2020 年 11 月オンライン開催
- 27) 星野泰隆、壇辻百合香、阿部雅広、名木稔、上野圭吾、中山靖子、小川伸子、福山まり、橋本ゆき、福島深雪、越川拓郎、岡本圭祐、宮澤拳、高塚翔吾、梅山隆、山越智、石川淳、宮崎義継. 病原真菌の培養検査における現状. 真菌症フォーラム 2020 学術集会、2020 年 11 月オンライン開催
- 28) 菅井基行. JARBS 研究の進捗状況について. 令和2年度 感染対策委員会(全国国立病院院長協議会)、2020 年 11 月オンライン開催
- 29) 山岸拓也. 共通講習 2: 感染対策「新型コロナウイルスの施設内感染を防ぐには」. 第 33 回日本性感染症学会学術集会、2020 年 12 月オンライン開催
- 30) 藤倉裕之、山岸拓也、高橋琢理、佐藤哲郎、加納和彦、錦信吾、砂川富正、松井珠乃、鈴木基、大西真. 2015-2018 年の異性間性的接触における梅毒発生動向の傾向. 第 33 回日本性感染症学会学術集会、2020 年 12 月オンライン開催
- 31) 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 26 回日本ヘリコバクター学会学術集会、静岡県浜松市、2021 年 1 月
- 32) 菅井基行. わが国の AMR 対策—これまで・これから—. “One Health”国際フォーラム、福岡(オンライン発表)、2021 年 1 月
- 33) 菅井基行. JANIS と連動した薬剤耐性菌サーベイランス JARBS. 第 350 回 ICD 講習会(第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会時)、2021 年 1 月 31 日オンライン開催
- 34) 松井真理、鈴木里和、梅山隆、河合康洋、宮崎義継、菅井基行. 地方衛生研究所等におけるカルバペネム耐性腸内細菌科細菌検査の外部精度評価. 第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、2021 年 1 月-2 月オンライン開催
- 35) 塩本高之、児玉洋江、塩座美夏、谷村睦美、金戸恵子、木村恵理子、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陽性を示す、AmpC b-ラクタマーゼ遺伝子 *bla*_{ACT-28} 保有 *Enterobacter cloacae* complex について. 第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、2021 年 1 月-2 月オンライン開催
- 36) 川上小夜子、矢原耕史、安斎栄子、若井智世、青木貞男、平林亜希、梶原俊毅、柴山恵吾、菅井基行. 厚生労働省院内感染サーベイランス(JANIS) 検査部門報告 薬剤耐性菌の動向 2008~2019 年公開情報を中心に. 第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、2021 年 1 月-2 月オンライン開催
- 37) 鹿山鎮男. 薬剤耐性菌サーベイランス JARBS-GNR 中間報告. 第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、2021 年 1 月-2 月オンライン開催
- 38) 久恒順三. 目的に応じた MRSA 遺伝子解析法. 第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、2021 年 1 月-2 月オンライン開催
- 39) 名木稔. *Candida auris* と抗真菌薬耐性. 第 32 回日本臨床微生物学会総会・学術集会、2021 年 1 月-2 月オンライン開催
- 40) 鈴木仁人. ブドウ糖非発酵グラム陰性桿菌の薬剤耐性

とその制御. 第 55 回緑膿菌感染症研究会、2021 年 2 月オンライン開催

41) 鈴木仁人、浅井さとみ、平林亜希、氣賀恒太郎、相羽由詞、渡邊真弥、梅澤和夫、宮地勇人、崔龍洙、柴山恵吾. アシネトバクテリア属菌に拡散している cGAS 遺伝子陽性プラスミド. 第 55 回緑膿菌感染症研究会、2021 年 2 月オンライン開催

42) 榮山新、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. *Acinetobacter baumannii* OCU_Ac16a が保持する *bla*_{TMB-1} と *bla*_{OXA-58} の機能性の検討. 第 55 回緑膿菌感染症研究会、2021 年 2 月オンライン開催

43) 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 55 回緑膿菌感染症研究会、2021 年 2 月オンライン開催

44) Yahara K, Suzuki M, Hirabayashi A, Suda W, Hattori M, Suzuki Y, Okazaki Y. Long-read metagenomics using PromethION uncovers oral bacteriophages and their interaction with host bacteria. 第 15 回ゲノム微生物学会、2021 年 3 月オンライン開催

45) 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を用いたアミノ配糖体抗菌薬の新規作用機序の探索. 日本生物物理学会北海道支部・東北支部合同例会、2021 年 3 月オンライン開催

46) 鈴木仁人. ESKAPE 病原細菌の薬剤耐性プラスミド. 日本農芸化学会 2021 年度大会、2021 年 3 月オンライン開催

47) Yahara H, Hiraki A, Maruoka Y, Hirabayashi A, Suzuki M, Yahara K. Shotgun metagenome sequencing identification of a set of genes encoded by Actinomyces associated with medication-related osteonecrosis of the jaw. 第 94 回日本細菌学会総会、2021 年 3 月オンライン開催

48) 鈴木仁人. 日本の科学技術を推進するネットワーク構築. 第 94 回日本細菌学会総会、2021 年 3 月オンライン開催

49) 矢原耕史、矢原寛子、平木昭光、丸岡豊、平林亜希、鈴木仁人. 唾液のショットガンメタゲノム解読による口腔疾患

に関連する微生物と遺伝子の同定. 第 94 回日本細菌学会総会、2021 年 3 月オンライン開催

50) 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. VanA 型バンコマイシン耐性遺伝子群保有線状プラスミドによる VRE 院内感染事例の解析. 第 94 回日本細菌学会総会、2021 年 3 月オンライン開催