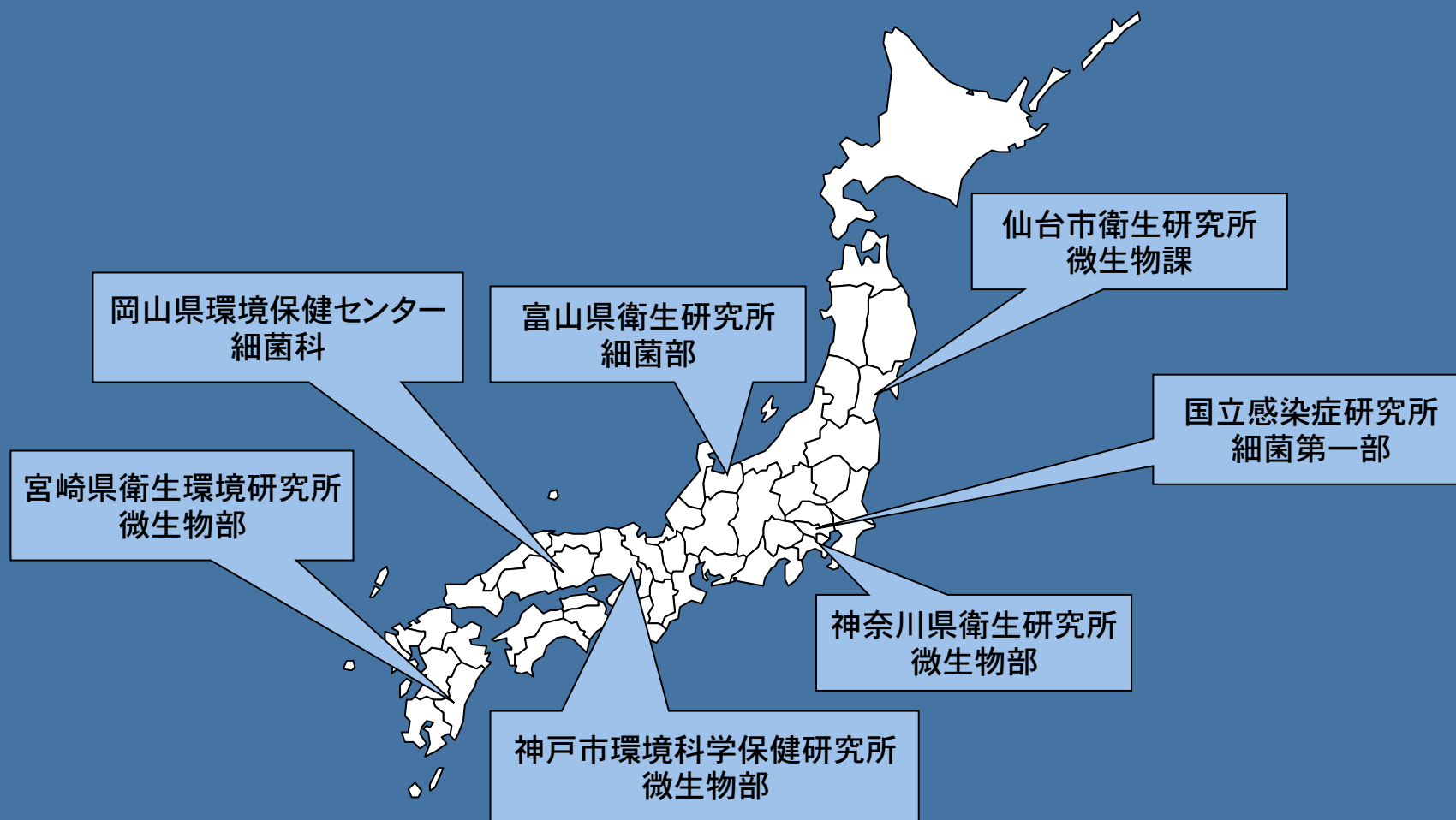
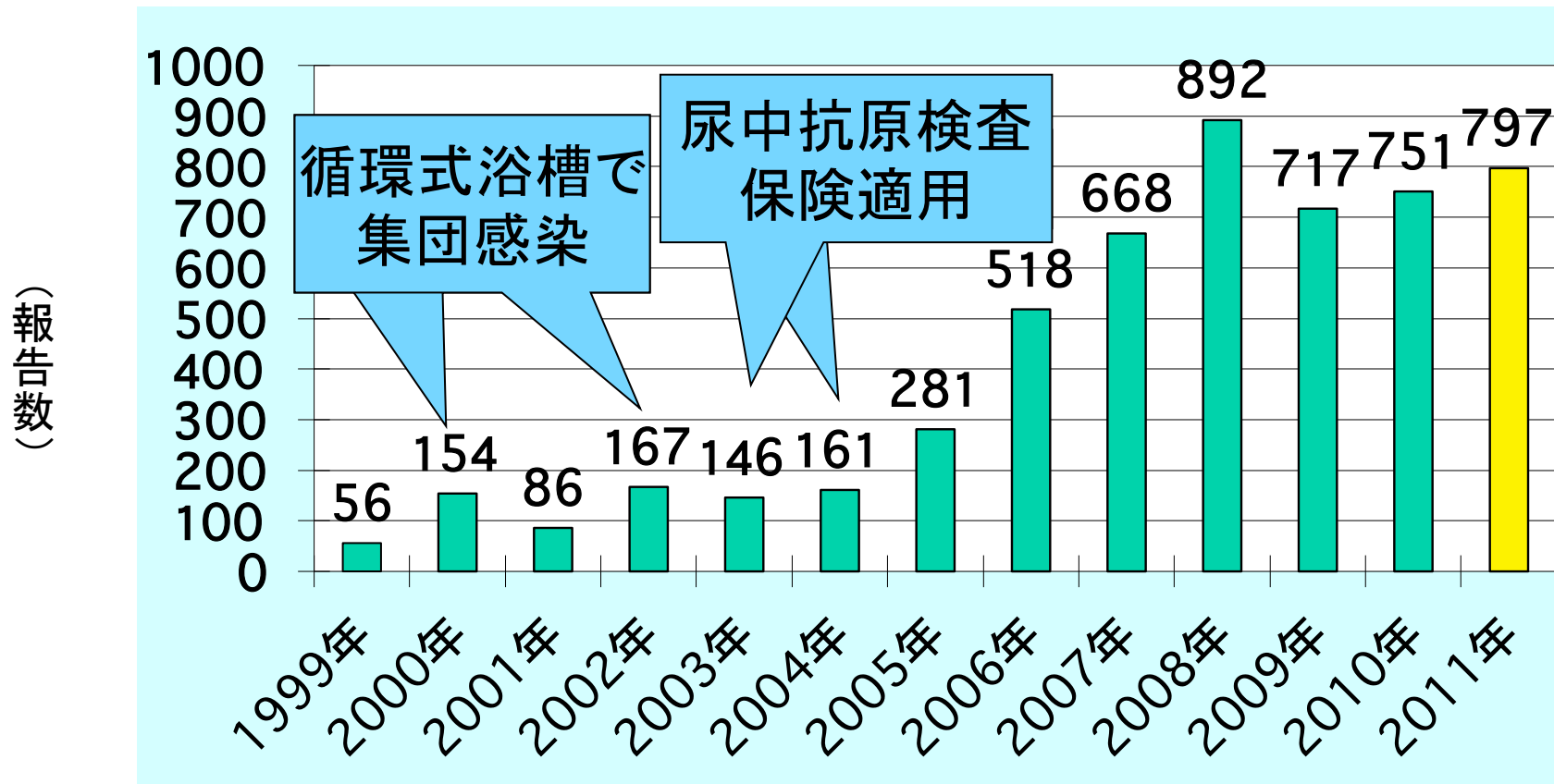


衛生微生物技術協議会第33回研究会
平成24年6月29日、横浜

レジオネラ レファレンスセンター報告



年度別報告状況 (感染症発生動向調査)



※1

※2

※1: 1999年の報告数は4~12月までの数値である。

※2: 2011年の報告数は52週までの報告数としての暫定値である

2009年の報告数の減少: 新型インフルエンザと宿泊客の減少が影響か?

レジオネラに関する動向

- 1) レジオネラ症の発生 7月にピーク 湿度に関連。推定感染源は入浴施設が多いが、不明なものも多い。
- 2) 日本の臨床分離株の血清群、遺伝子型、MAb型のまとめ Amemura-Maekawa Jら、JMM (2010年6月)
- 3) 日本の環境分離株*L. pneumophila* 血清群1の遺伝子型、Mab型のまとめ、冷却塔、土壌分離株に特色あり。Amemura-Maekawa Jら、AEM (2012年6月)
- 4) 運転手関連、日本で水溜りから検出、日本と英国でウィンドウ・ウォシャー液から検出、英国でウィンドウ・ウォシャー液と感染がリンク
- 5) 2010年10月横浜市で太陽熱温水器の温水由来の菌による感染事例
- 6) 2011年3月11日、東日本大震災、津波で4名が感染。
- 7) 2011年9月横浜市のスポーツ施設の入浴設備で9名肺炎等に。
- 8) 2010年2-3月、米国の病院玄関ロビーの修景水で外来者が8名肺炎。
- 9) 2011年2月、イタリアの健康な82歳女性が歯の治療で感染、死亡。

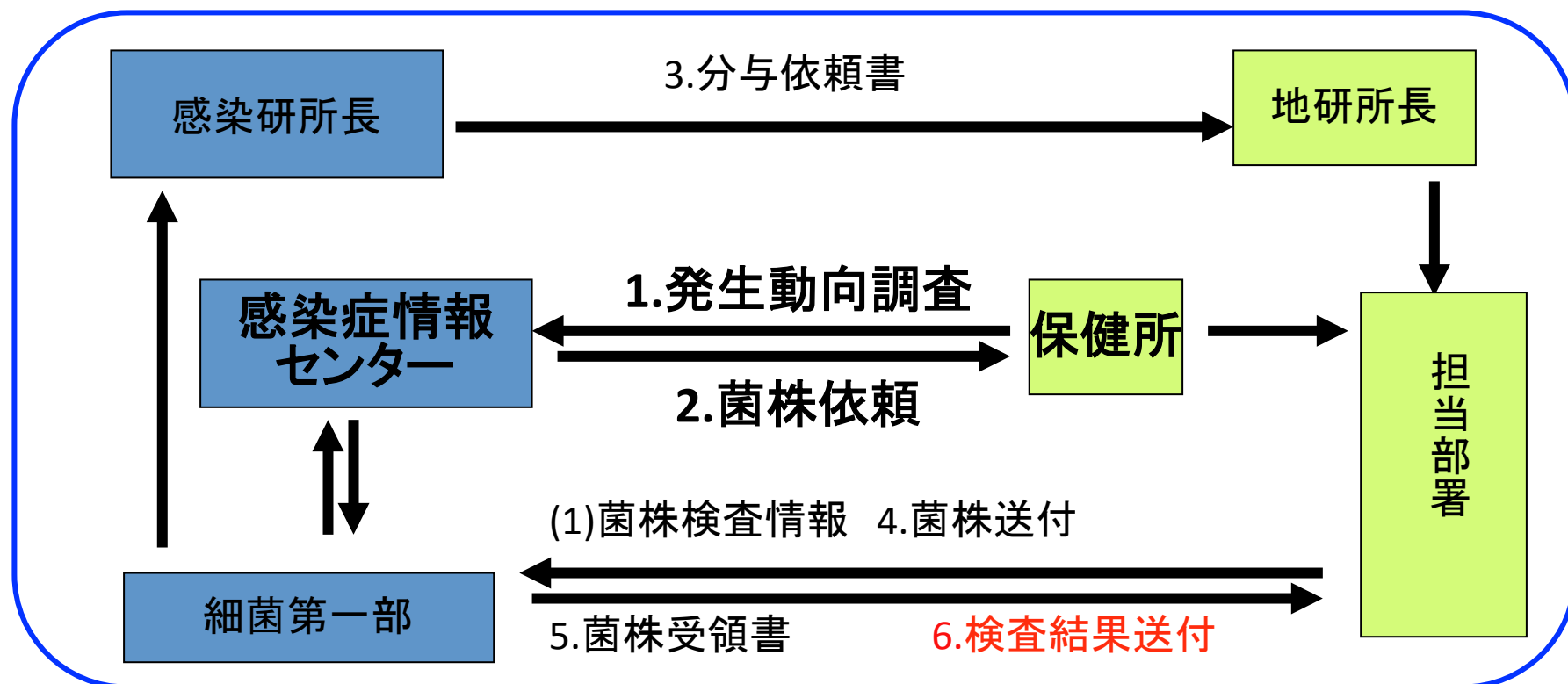
レジオネラ・レファレンスセンターの 現在の活動

- 1) 病原体サーベイランス 臨床分離株の収集と型別 SBT、MAb型
- 2) レジオネラ免疫血清ロングビーチ2群、2253(3群?) 配布
- レジオネラ免疫血清フィーレイ1群、2群の配布
- レジオネラ免疫血清ハツケリ1群+2群の配布
- レジオネラ免疫血清アニサ配布
- レジオネラ免疫血清ロンディニエンシス1群、2群配布
- 3) 病原体検出マニュアルの改訂
- 4) これまで市販DDHキット で検出される菌種に入っていなかったが、日本の環境から分離されている6菌種 *L. busanensis*, *L. gresilensis*, *L. londiniensis*, *L. nautarum*, *L. quinlivanii*, *L. geestiana*を追加したキットを試作、同定希望者に配布
- 5) 環境水からのレジオネラの分離: 精度管理

衛生微生物技術協議会レジオネラ・レファレンスセンター
2007年8月よりレジオネラ臨床分離株の収集を開始

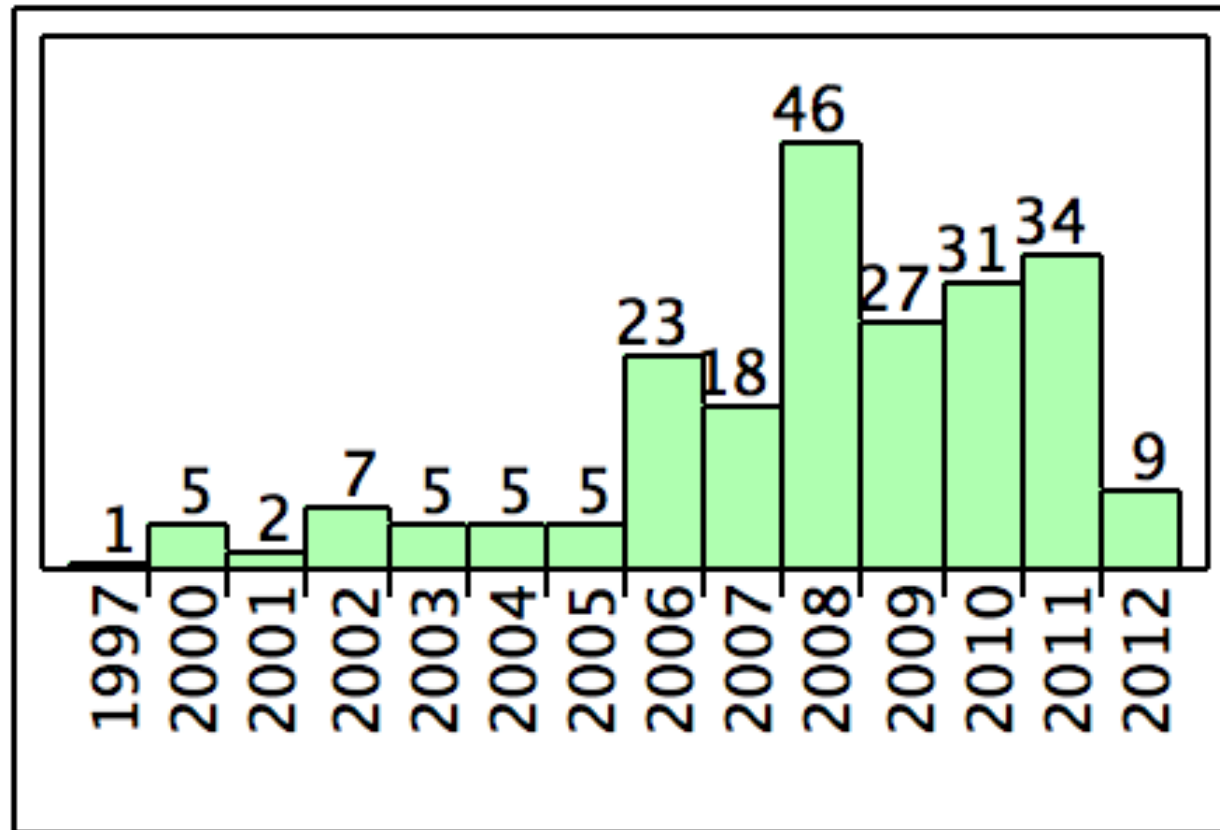
患者から菌分離がなされると、感染源の解明につながる
とともに、菌種、血清群の同定、遺伝子型別等が可能になり、
起因菌の年次推移や、地域的特性、あるいは推定感染源との
関連等が明らかになってくることが期待される。

現在までに、地衛研等より、226株（集団感染事例による重複を除く、行政検査12事例を含む）のレジオネラ臨床分離株の提供を受けている。平成24年5月現在。



レジオネラレファレンスセンターにおいて
検査結果のまとめを報告

分離年別レジオネラ臨床分離株



昨年43株、今年45株追加(過去に遡って追加)

収集臨床分離株の内訳

2012年5月末日現在

<i>L. pneumophila</i> 219株 (97%)	<i>L. feeleii</i> 1株 (0.4%)
SG1 183株 (84.7%)	<i>L. londiniensis</i> 1株 (0.4%)
SG2 5株 (2.2%)	<i>L. longbeachae</i> 4株 (1.8%)
SG3 10株 (4.4%)	<i>L. rubrilucens</i> 1株 (0.4%)
SG4 2株 (0.9%)	
SG5 6株 (2.7%)	
SG6 7株 (3.1%)	
SG9 2株 (0.9%)	
SG10 1株 (0.4%)	
SG12 1株 (0.4%)	
SG15 1株 (0.4%)	
Untypable 1株 (0.4%)	
計 226株 (100%)	

遺伝子型別の方法

—SBT—

(sequence-based typing)

Options

[Home](#)

[Materials & Methods](#)

[Frequently Asked Questions](#)

[Protocol](#)

[SBT Loci Details](#)

[Download reference-sequences](#)

[Data Submission Function](#)

[Strain Data Submission](#)

[New Allele Submission](#)

[Query Functions](#)

[Sequence Quality Tool](#)

[Query the SBT Database](#)

[Map Display](#)

[Check a sequence for its allele number](#)

[Current Genetic Diversity of the SBT loci](#)

[Get Single/Double locus variants of a profile](#)

[Retrieve allele sequences](#)

[Look-up an allelic profile or Sequence Type](#)

Legionella pneumophila Sequence-Based Typing

Welcome to the EWGLI **Sequence-Based Typing (SBT) Database** for *Legionella pneumophila*

A consensus Sequence-Based Typing (SBT) epidemiological typing scheme for clinical and environmental isolates of *Legionella pneumophila* has been developed by members of the European Working Group for Legionella Infections (EWGLI) and evaluated for implementation in the investigation of outbreaks of legionellosis caused by *L. pneumophila*.

Using the SBT protocol, the SBT database (version 3.0) allows assignment of the seven ordered alleles, *flaA*, *pilE*, *asd*, *mip*, *mompS*, *proA*, and *neuA* as described by [Gaia et al. \(2005\)](#) and [Ratzow et al. \(2007\)](#), represented as a Sequence Type (ST), or allelic profile, of the ordered string of allele numbers separated by commas e.g. 1,4,3,1,1,1,1.

The curators encourage the submission of putative new alleles. Submission of putative new alleles can be made via the [Sequence Quality Tool](#) or by the New Allele Submission link (Options menu, left), which examines the forward and reverse chromatogram files. Subject to verification by the curators, a new allele number will be assigned and added to the database. If the curators are unable to verify a new allele, the strain or genomic DNA may be requested to allow sequencing by another designated centre. Submission of strains bearing new allele numbers to the EUL culture collection is strongly encouraged.

Please contact [Dr. Norman Fry](#) for further details.

Total number of entries: 2517

Number of **Sequence** 573

Types:

Number of *flaA* alleles: 26

Number of *pilE* alleles: 35

Number of *asd* alleles: 39

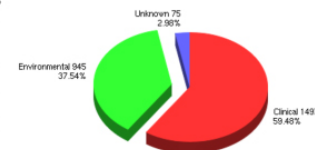
Number of *mip* alleles: 43

Number of *mompS* alleles: 56

Number of *proA* alleles: 36

Number of *neuA* alleles: 27

Sample source, total number of records 2517



Provided by The European Working Group for Legionella Infections (EWGLI) in conjunction with The Health Protection Agency and The European Centre for Disease Prevention and Control

2007年10月に現サイトができた。

The European Working Group for Legionella Infections

http://www.hpa-bioinformatics.org.uk/legionella/legionella_sbt/php/sbt_homepage.php

7つの遺伝子の一部領域をPCRで増幅し、遺伝子配列を決定し、型別する(2007年に新しい遺伝子が追加)。

MLST法と同一の手法だが、病原性に関係する遺伝子も用いているため、SBT法と称している。

例) (*flaA*, *pilE*, *asd*, *mip*, *mompS*, *proA*, *neuA*)=(2,3,9,10,2,1,6)ST23

臨床分離株の遺伝子型と株数

213の *L. pneumophila* 臨床分離株は
110 種類の遺伝子型 (ST) に分けられた。

IOD 0.983

(*neuA* が増幅できなかった血清群5の5株と血清群10の1株を除く)

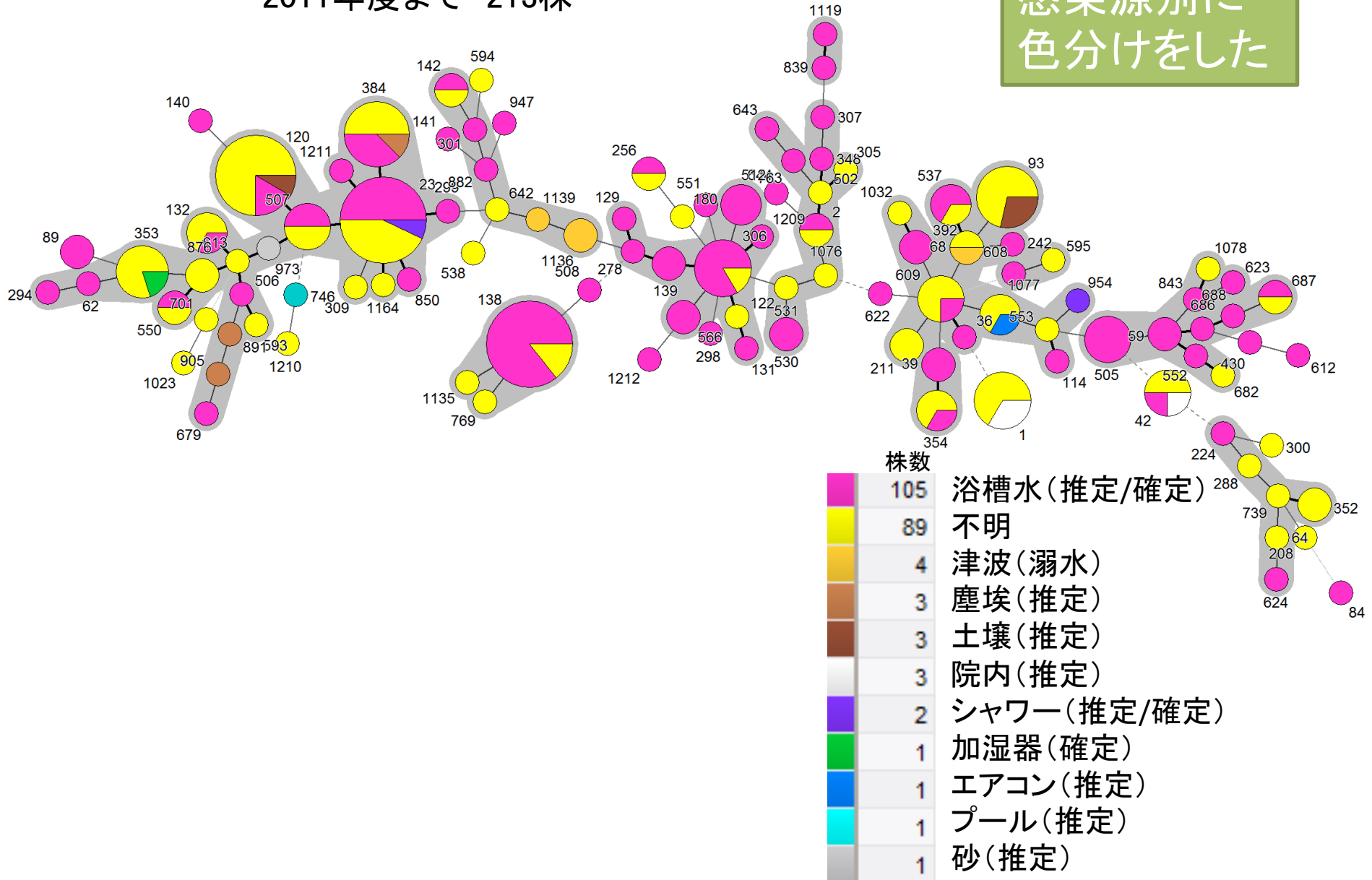
No. of isolates	ST
14	<u>ST23</u> , <u>ST138</u>
12	ST120
8	ST384
7	ST93
6	ST1, ST306
5	ST353
4	ST42, ST505, ST507, ST609
3	ST132, ST354, ST537, ST644, ST1077
2	<u>ST2</u> , ST39, ST59, ST68, <u>ST89</u> , <u>ST139</u> , <u>ST142</u> , ST211, ST256, ST352, ST392, ST530, ST550, ST566, ST687, ST876, ST1136
1	76種類のST

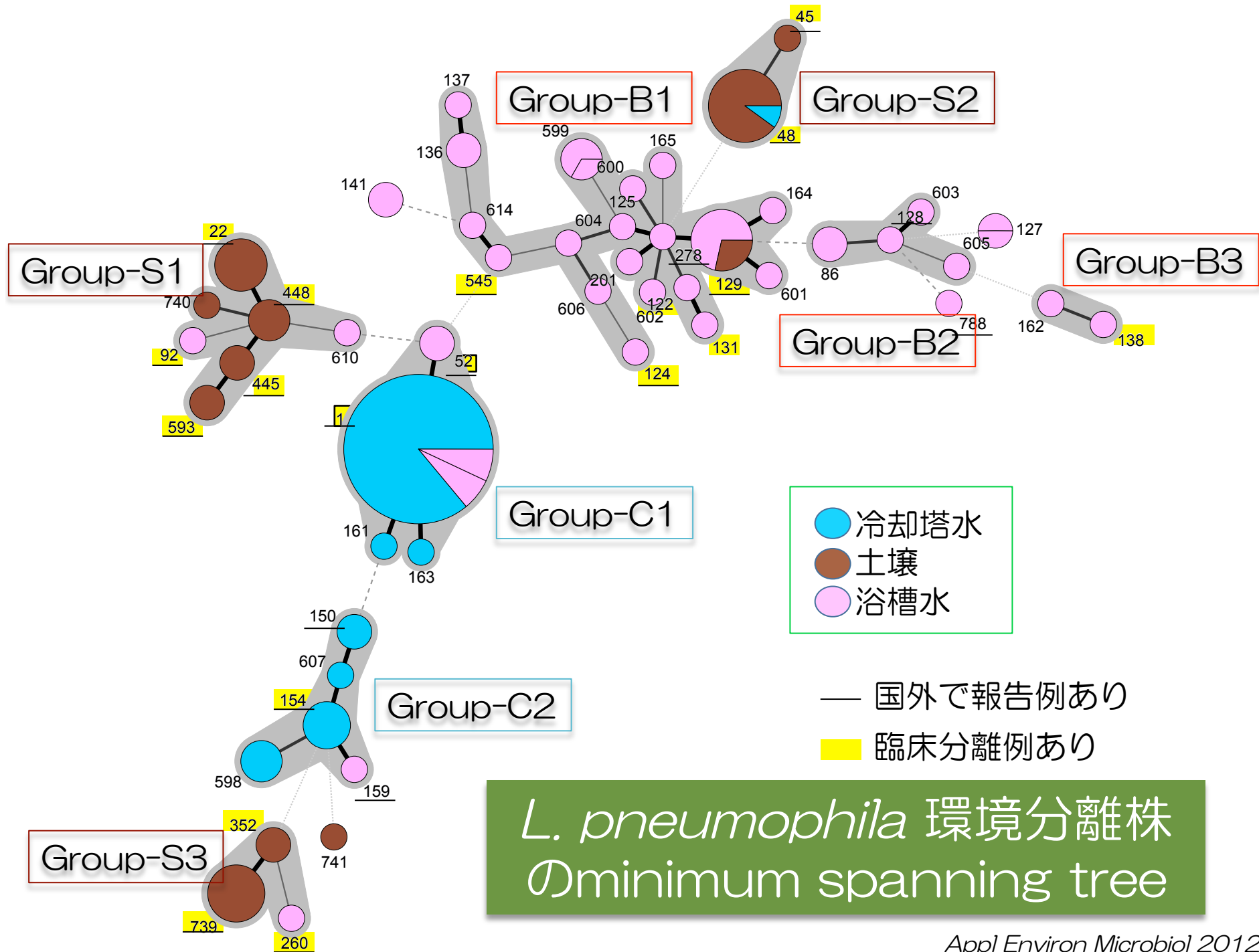
集団感染事例で見られたSTに下線を付した (ST138は2事例、ST23は3事例)

遺伝子型別の結果をminimum spanning treeで示す

レファレンスセンター臨床分離株
2011年度まで 213株

感染源別に
色分けをした

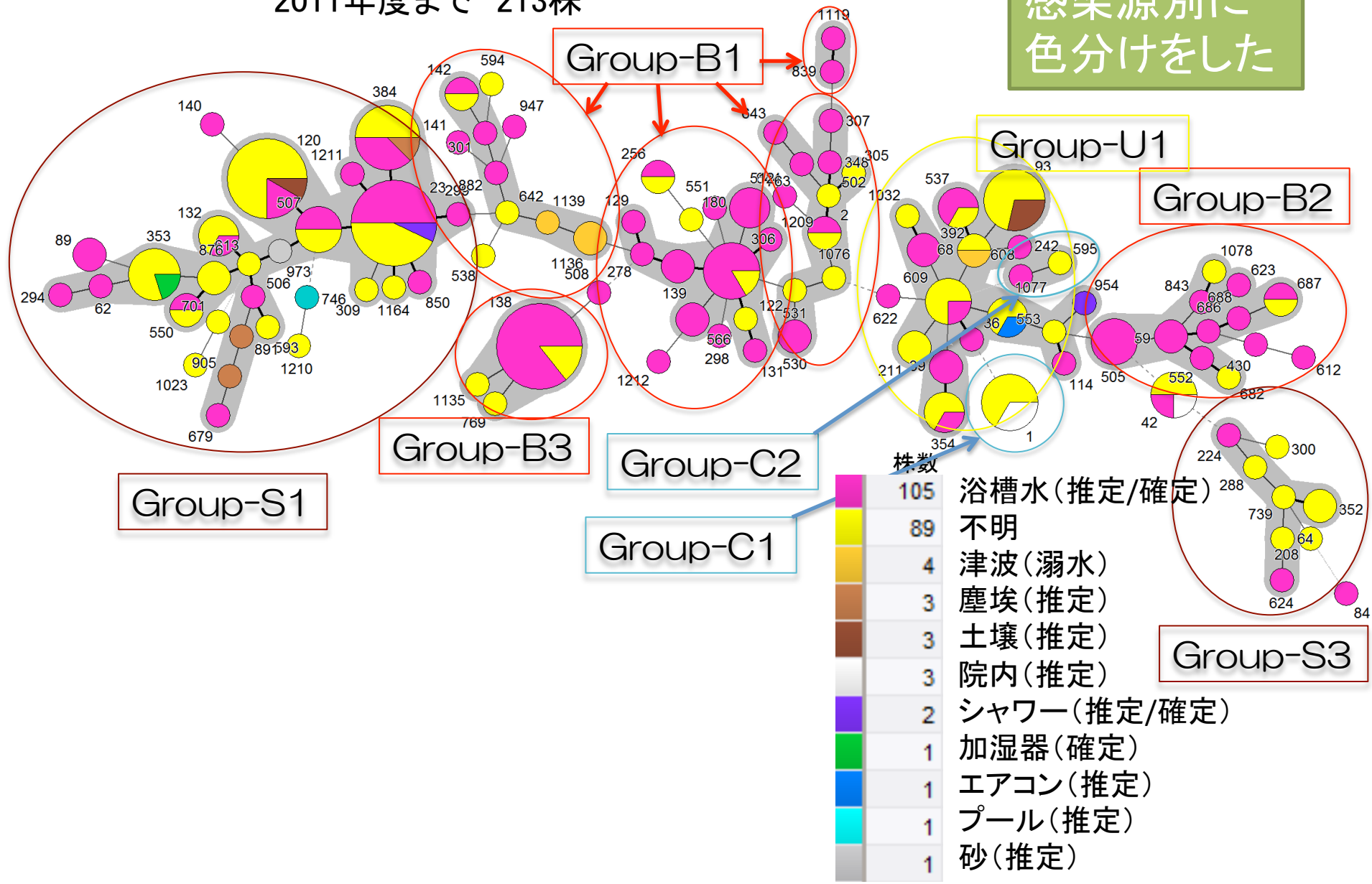




遺伝子型別の結果をminimum spanning treeで示す

レファレンスセンター臨床分離株
2011年度まで 213株

感染源別に
色分けをした



まとめ

SBTの疫学的有用性が確認できた。

感染源や、地域、分離年代による違いが明らかになってきた。

今後も環境分離株も含め、レジオネラ菌株の収集を継続し、SBTを行なう予定である。

ご協力をよろしくお願い致します。