

# 病原微生物検出情報

## Infectious Agents Surveillance Report (IASR)

<https://id-info.jih.go.jp/surveillance/iasr/index.html>

保育園での腸管出血性大腸菌 (EHEC) O145 による集団感染事例：福岡県 5, 加熱不十分なハンバーグを原因とする O157 食中毒事例 7, 修学旅行における EHEC O157 食中毒事例 8, EHEC 感染症 O26 VT2 広域集積事例 9, 2025 年に発生した EHEC MLVA complex 25c007 広域事例対応 10, 2025 年分離 EHEC の MLVA 法解析 12, 韓国渡航歴関連 EHEC 感染症 (2018~2025 年) 14, 2025 年感染症発生動向調査に届け出された EHEC 感染症における HUS 15, 血清診断および EHEC 分離による HUS 症例の細菌学的確定診断 16, 細菌用全ゲノム配列解析ツール「SNPcaster」の開発 17, 2025 年腸管凝集付着性大腸菌集団食中毒事例：富山県 18, 血清型別不能事例を含むウェルシュ菌食中毒事例での全ゲノム解析の有用性 20, 魚類に寄生する粘液胞子虫の関与が疑われる有症事例発生状況 21, 全国市町村における高齢者肺炎球菌ワクチン定期予防接種実態調査 22, 2024 年カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE) 感染症病原体サーベイランス 23, マクロライド耐性百日咳菌と *Bordetella holmesii* 共感染の 2 症例：神戸市 25

月報

Vol.47 No. 5 (No.555)

2026年5月発行

国立健康危機管理研究機構  
国立感染症研究所  
厚生労働省健康・生活衛生局  
感染症対策部感染症対策課  
事務局 国立健康危機管理研究機構  
国立感染症研究所  
感染症サーベイランス研究部  
〒162-8640 新宿区戸山1-23-1  
Tel 03(5285)1111 Fax 03(5285)1177

(禁、無断転載)

本誌に掲載されている特集の図、表は、1)「感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律」に基づく感染症発生動向調査によって報告された患者および病原体検出に関するデータ、ならびに 2) 感染症に関する上記 1) 以外のデータ、に基づいて解析、作成された。データは次の諸機関の協力により提供されている：地方衛生研究所、保健所、地方感染症情報センター、厚生労働省検疫所、健康・生活衛生局。なお掲載されている原稿は、本誌から執筆を依頼したものである。

## <特集> 腸管出血性大腸菌感染症 2026年3月現在

**病因、臨床症状：**腸管出血性大腸菌 (enterohemorrhagic *Escherichia coli*: EHEC) 感染症は Vero 毒素 (Vero toxin: VT または Shiga toxin: Stx) を産生する大腸菌の感染によって起こり、主な症状は腹痛、下痢および血便である。嘔吐や発熱をともなうこともある。VT 等の作用によって血小板減少、溶血性貧血、急性腎障害を主徴とする溶血性尿毒症症候群 (hemolytic uremic syndrome: HUS) を引き起こし、脳症などを併発して死に至る場合がある。

**行政・検査対応：**EHEC 感染症は感染症法上、3 類感染症に定められている。本感染症を診断した医師は直ちに保健所に届出を行い (<https://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/kekaku-kansenshou11/01-03-03.html>)、その情報は都道府県等を通じて厚生労働省 (厚労省) に報告される。医師が食中毒として保健所に届出した場合や保健所長が食中毒と認めた場合には、食品衛生法に基づき各都道府県等は食中毒の調査を行うとともに厚労省へ報告する。地方衛生研究所 (地衛研) および保健所は EHEC の分離・同定、血清型別、VT 型別 (産生性が確認された VT 型別または VT 遺伝子型別) を行い、その結果を感染症サーベイランスシステムの病原体検出情報サブシステムに報告する (本号 3 ページ特集開

連資料 1)。国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所 (感染研) 細菌第一部は地衛研および保健所から送付された菌株の血清型、VT 型の確認・同定を行うと同時に、反復配列多型解析 (multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA) 法、パルスフィールドゲル電気泳動法および全ゲノム配列を用いた単一塩基多型 (single nucleotide polymorphism: SNP) 解析を行っている (本号 5, 7, 8, 9, 10 & 12 ページ)。これらの解析結果は各地衛研および保健所へ還元されるとともに、必要に応じて食品保健総合情報処理システム (National Epidemiological Surveillance of Foodborne Disease: NESFD) で各自治体等へ情報提供されている。

**感染症発生動向調査：**感染症発生動向調査の集計によると、2025 年には EHEC 感染症患者 (有症者) 2,472 例、無症状病原体保有者 (患者発生時の積極的疫学調査や調理従事者等の定期検便などで発見される) 1,866 例、計 4,338 例が届出され (表 1, 図 1)、年間当たりの届出総数は 2011 年以降で最も多かった。都道府県別の届出数 (無症状を含む) は、150 名以上の届出数があり、届出数の多い順に東京都、神奈川県、福岡県、大阪府、愛知県、千葉県、北海道、埼玉県、兵庫県、群馬県となり、これら 10 都道府県で全体の 57.7% を占めた。

表 1. 腸管出血性大腸菌感染症診断年別届出数

診断年*	届出数** (うち有症者)	(%)***
2011	3,940 (2,658)	(67)
2012	3,768 (2,363)	(63)
2013	4,044 (2,623)	(65)
2014	4,152 (2,837)	(68)
2015	3,573 (2,341)	(66)
2016	3,648 (2,247)	(62)
2017	3,904 (2,606)	(67)
2018	3,854 (2,583)	(67)
2019	3,744 (2,514)	(67)
2020	3,094 (1,987)	(64)
2021	3,246 (2,028)	(62)
2022	3,369 (2,253)	(67)
2023	3,825 (2,547)	(67)
2024	3,748 (2,293)	(61)
2025	4,338 (2,472)	(57)

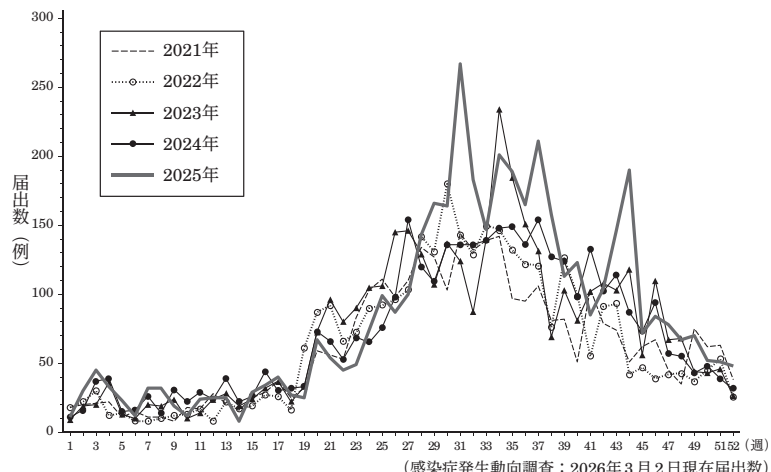
\*各年の診断週第 1 ~ 52/53 週で集計

\*\*無症状病原体保有者を含む

\*\*\*有症者/届出数

(感染症発生動向調査：2026年3月2日現在届出数)

図 1. 腸管出血性大腸菌感染症診断週別届出数, 2021年第1週~2025年第52週

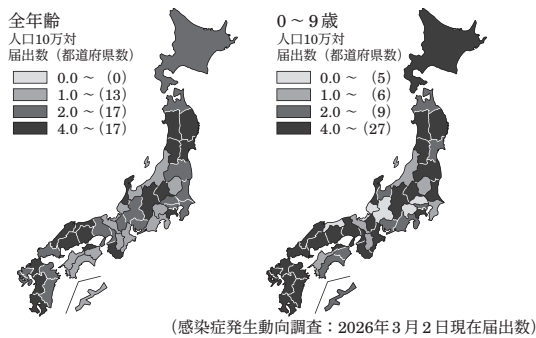


(感染症発生動向調査：2026年3月2日現在届出数)

(2 ページにつづく)

(特集つづき)

図2. 人口10万人当たり腸管出血性大腸菌感染症都道府県別全年齢および10歳未満届出数, 2025年



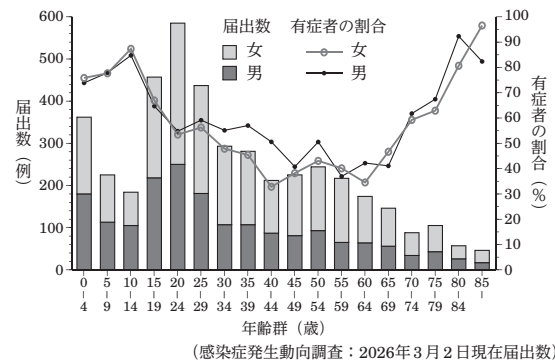
人口10万対届出数では島根県 (11.8) が最も多く、次いで秋田県 (9.7), 岩手県 (8.7), 山形県 (8.5) であった (図2左)。0～9歳の人口10万対届出数では、岩手県 (33.3), 鹿児島県 (33.1), 熊本県 (28.4) などが多かった (図2右)。届出に占める有症者の割合は、男女とも15歳未満および80歳以上で高かった (図3)。

HUS発症例は59例 (有症者の2.4%) で、そのうち46例からEHECが分離された。このうちO157が41例で、VT型は37例がVT2陽性株 (VT2単独またはVT1 & VT2) であった (本号16ページ表)。EHECが分離されなかったHUS症例13例は、患者血清中のO抗原凝集抗体検出または患者便からのVTの検出によるものであった。有症者のうちHUS発症例の割合が高い年齢群は0～4歳の7.4%, 5～9歳の6.3%であった (本号16ページ図)。

地衛研および保健所からのEHEC検出報告：2025年に病原体検出情報サブシステムへ地衛研および保健所から報告されたEHEC検出数は2,117件であった (本号3ページ特集関連資料1)。この数は保健所等で調査を行った菌株と、医療機関や民間検査機関への菌株や検体の提出依頼に応じた菌株数の合算であるため、EHEC感染症届出数 (前ページ表1) より少ない。全検出数における上位のO群の割合は、O157が51.8%, O26が10.0%, O103が9.1%であった (本号3ページ特集関連資料1)。VT型でみると、O157ではVT1 & VT2が最も多く、O157の60.5%を占め、VT2単独は39.1%であった。O26およびO103はVT1単独が最も多く、それぞれ92.9%および96.9%を占めた。EHECが分離された有症者1,232例の主な症状は、下痢84.0%, 腹痛79.5%, 血便55.4%, 発熱27.9%であった。

集団発生：病原体検出情報サブシステムに報告された「集団発生病原体票」によれば、2025年は飲食店や保育施設が原因となった4事例が報告された (次ページ表2)。この他にもO145の集団事例が確認されている (本号5ページ)。一方、「食品衛生法」に基づいて都道府県等から厚労省に報告された2025年のEHEC食中毒は10事例、患者数362名 (菌陰性例を含む) (2022年は8事例78名, 2023年は19事例265名, 2024年は16事例124名) で、死亡例はなかった (本号7 & 8ページ)。感染研・細菌第一部での解析から、疫学的関連

図3. 腸管出血性大腸菌感染症年齢群別届出数, 2025年



が不明な散発事例間で同一のMLVA typeを示す菌株が広域から分離されていることが明らかとなっている (本号8, 9, 10 & 12ページ)。

予防と対策：EHECは少量の菌数 (10-100個程度) でも感染が成立するため、食品・食材や環境から人への感染に加え、人から人への経路、または人から様々な媒介物を介した経路で感染が拡大しやすい。

牛肉の生食による食中毒の発生を受けて、厚労省は生食用食肉の規格基準を見直した (2011年10月, 告示第321号)。さらに、牛肝臓内部からEHEC O157が分離されたことから、牛の肝臓を生食用として販売することを禁止した (2012年7月, 告示第404号)。2012年には、漬物によるEHEC O157の集団発生を受けて、漬物の衛生規範が改正されている (2012年10月, 食安監発1012第1号)。

例年同様、2025年も飲食店等を原因施設とする食中毒事例 (本号5ページ特集関連資料2) が発生している。EHEC感染症を含む食品による危害を防ぐため、2020 (令和2) 年6月から原則すべての食品事業者に対して危害分析重要管理点 (hazard analysis and critical control point: HACCP) に沿った食品衛生管理の実施が義務化され、営業者は自らが立てた計画に基づき衛生管理を実施することとなった ([https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou\\_iryoushokuhin/haccp/index.html](https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryoushokuhin/haccp/index.html))。この他にもEHECによる食中毒を予防するためには、食中毒予防の基本「付けない、増やさない、やっつける」を守り、生肉または加熱不十分な食肉等を食べないように注意を喚起し続けることが重要である (<https://www.gov-online.go.jp/useful/article/201005/4.html>, [https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou\\_iryoushokuhin/syokuchu/index.html](https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryoushokuhin/syokuchu/index.html))。

保育施設等での集団発生も多数発生しており (本号5ページ), その予防には、手洗いの励行や簡易プール使用時における衛生管理が重要である (<https://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/seikatsu-eisei01/02.html>)。家族内や福祉施設内等で患者が発生した場合には、二次感染を防ぐため、保健所等は感染予防の指導を徹底する必要がある。

(特集つづき)

表2. 腸管出血性大腸菌感染症集団発生事例, 2025年

(病原体検出情報サブシステム:「集団発生病原体票」による2026年3月19日現在報告数)

No.	発生地	発生期間	推定伝播経路	発生施設	血清型	毒素型	発症者数	摂取者数	菌陽性者数/ 被験者数	家庭内二次感染 (感染者数)	MLVA type	MLVA complex
1	福岡市	5/7 ~ 6/8	人→人	保育施設	O103:H2	VT1	3	—	6/ 63	有 (3)	16m4038	—
2	福岡市	6/6 ~ 6/8	食品媒介	飲食店	O157:H7	VT1&VT2	3	8	4/ 8	無	25m0061	—
3	福岡市	8/23 ~ 9/20	人→人	保育施設	O26:H11	VT1	6	—	10/157	有 (3)	25m2046	25c209
4	川崎市	8/27 ~ 9/10	食品媒介	保育施設	O157:H7	VT1&VT2	34	68	36/152	有 (10)	25m0548*	25c040

摂取者数 - : 人→人伝播と推定されているため該当せず

\*No.4 集団発生で検出されたその他のMLVA typeは多い順に25m0547, 25m0550, 25m0545, 25m0546, 25m0549, 25m0577, 25m0578, 25m0343 (25c040p)

<特集関連資料1> 腸管出血性大腸菌検出例の血清型別臨床症状, 2025年

Clinical manifestation of EHEC cases in Japan, according to bacterial serotype, 2025

(病原体検出情報サブシステム:2026年3月19日現在報告数)

Serotype VT type	臨床症状* Clinical manifestation*											No. of cases	%
	無症状 <sup>1)</sup>	発熱 <sup>2)</sup>	下痢 <sup>3)</sup>	嘔気嘔吐 <sup>4)</sup>	血便 <sup>5)</sup>	腹痛 <sup>6)</sup>	意識障害 <sup>7)</sup>	脳症 <sup>8)</sup>	HUS <sup>9)</sup>	腎機能障害 <sup>10)</sup>	その他 <sup>11)</sup>		
<b>Total</b>	<b>885</b>	<b>344</b>	<b>1,035</b>	<b>199</b>	<b>683</b>	<b>980</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>17</b>	<b>16</b>	<b>99</b>	<b>2,117</b>	<b>100.0</b>
O157:H7 VT1	—	—	2	—	2	1	—	—	—	—	—	2	0.1
O157:H7 VT2	87	79	246	47	192	259	1	2	9	7	16	372	17.6
O157:H7 VT1&VT2	88	147	394	88	296	388	—	—	7	5	34	551	26.0
O157:H- VT1	—	—	3	1	2	2	—	—	—	—	—	3	0.1
O157:H- VT2	10	7	16	4	6	13	—	—	—	—	—	26	1.2
O157:H- VT1&VT2	22	17	59	12	40	57	—	—	—	1	4	90	4.3
O157:HNT VT2	10	5	13	3	8	13	—	—	—	—	—	24	1.1
O157:HNT VT1&VT2	1	—	9	3	15	11	—	—	—	2	3	17	0.8
O157:HUT VT2	2	—	2	—	1	2	—	—	—	—	—	4	0.2
O157:HUT VT1&VT2	—	2	2	2	2	3	—	—	—	—	—	3	0.1
O157:VT2	1	—	1	—	—	1	—	—	—	—	—	2	0.1
O157:VT1&VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1
<b>O157 subtotal</b>	<b>223</b>	<b>257</b>	<b>747</b>	<b>160</b>	<b>564</b>	<b>750</b>	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>16</b>	<b>15</b>	<b>57</b>	<b>1,096</b>	<b>51.8</b>
O26:H11 VT1	82	27	86	13	41	75	—	—	—	—	9	181	8.5
O26:H11 VT2	2	3	5	—	5	5	—	—	—	—	—	9	0.4
O26:H11 VT1&VT2	—	—	2	1	1	2	—	—	—	—	—	2	0.1
O26:H- VT1	6	1	7	1	3	7	—	—	—	—	1	14	0.7
O26:H- VT2	—	1	2	—	1	2	—	—	—	—	1	3	0.1
O26:HUT VT1	—	—	2	—	2	2	—	—	—	—	—	2	0.1
O26:H-	—	—	1	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
<b>O26 subtotal</b>	<b>90</b>	<b>32</b>	<b>105</b>	<b>15</b>	<b>53</b>	<b>93</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>11</b>	<b>212</b>	<b>10.0</b>
O103:H2 VT1	83	19	61	4	18	40	—	—	—	—	9	158	7.5
O103:H2 VT1&VT2	2	1	1	1	1	1	—	—	—	—	—	3	0.1
O103:H8 VT1	1	—	1	—	—	1	—	—	—	—	—	2	0.1
O103:H8 VT1&VT2	1	—	2	—	1	2	—	—	—	—	—	3	0.1
O103:H11 VT1	—	—	1	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O103:H21 VT1	—	—	1	1	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O103:H25 VT1	—	—	2	—	—	3	—	—	—	—	—	4	0.2
O103:H- VT1	7	1	5	1	1	3	—	—	—	—	—	13	0.6
O103:HNT VT1	3	1	2	—	1	2	—	—	—	—	—	5	0.2
O103:HUT VT1	1	—	—	—	—	1	—	—	—	—	—	2	0.1
<b>O103 subtotal</b>	<b>98</b>	<b>22</b>	<b>76</b>	<b>7</b>	<b>22</b>	<b>53</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>9</b>	<b>192</b>	<b>9.1</b>
O111:H8 VT1	—	—	3	—	2	3	—	—	—	—	—	3	0.1
O111:H8 VT1&VT2	1	2	3	1	3	2	—	—	—	—	—	4	0.2
O111:H- VT1	16	5	14	4	6	11	—	—	—	—	4	36	1.7
O111:H- VT1&VT2	1	—	9	—	4	11	—	—	—	—	2	13	0.6
O111:HUT VT1	3	—	2	—	1	2	—	—	—	—	—	5	0.2
<b>O111 subtotal</b>	<b>21</b>	<b>7</b>	<b>31</b>	<b>5</b>	<b>16</b>	<b>29</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>6</b>	<b>61</b>	<b>2.9</b>
O91:H14 VT1	5	—	1	—	—	1	—	—	—	—	—	6	0.3
O91:H14 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O91:H14 VT1&VT2	5	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	5	0.2
O91:H21 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O91:H51 VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O91:H- VT1	12	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	12	0.6
O91:H- VT1&VT2	4	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.2
O91:HUT VT1	4	1	—	1	—	—	—	—	—	—	—	5	0.2
<b>O91 subtotal</b>	<b>33</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>—</b>	<b>1</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>35</b>	<b>1.7</b>
O8:H7 VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1
O8:H7 VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O8:H9 VT2	5	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	5	0.2
O8:H16 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O8:H19 VT2	7	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	9	0.4
O8:H19 VT1&VT2	—	1	—	—	1	1	—	—	1	1	—	1	0.05
O8:H21 VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O8:H21 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O8:H28 VT2	4	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.2
O8:H49 VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O8:H- VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O8:HNT VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1
O8:HUT VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1
O8:VT2	—	1	—	1	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
<b>O8 subtotal</b>	<b>28</b>	<b>2</b>	<b>—</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>1</b>	<b>1</b>	<b>—</b>	<b>32</b>	<b>1.5</b>
O146:H21 VT2	8	—	1	—	—	—	—	—	—	—	—	9	0.4
O146:H21 VT1&VT2	3	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	4	0.2
O146:H28 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O146:H- VT1	3	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.1
O146:H- VT2	7	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	7	0.3
O146:H- VT1&VT2	3	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.1
O146:HNT VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O146:HUT VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
<b>O146 subtotal</b>	<b>27</b>	<b>—</b>	<b>1</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>—</b>	<b>1</b>	<b>29</b>	<b>1.4</b>
O166:H15 VT2	13	—	5	—	—	3	—	—	—	—	—	18	0.9
O166:H21 VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O166:H28 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05
O166:HNT VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05

(次ページに続く)

(前ページの続き)

Serotype VT type	臨床症状* Clinical manifestation*										No. of cases	%
	無症状 <sup>1)</sup>	発熱 <sup>2)</sup>	下痢 <sup>3)</sup>	嘔気嘔吐 <sup>4)</sup>	血便 <sup>5)</sup>	腹痛 <sup>6)</sup>	意識障害 <sup>7)</sup>	脳症 <sup>8)</sup>	HUS <sup>9)</sup>	腎機能障害 <sup>10)</sup>		
O166:HUT VT2	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	0.3
O166 subtotal	22	-	5	-	-	3	-	-	-	-	27	1.3
O121:H19 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O121:H19 VT2	6	3	8	2	8	8	-	-	-	3	17	0.8
O121:H- VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O121:HNT VT2	-	-	1	1	1	1	-	-	-	-	1	0.05
O121 subtotal	8	3	9	3	9	9	-	-	-	3	20	0.9
O145:H34 VT2	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O145:H- VT1	1	2	1	1	-	-	-	-	-	-	3	0.1
O145:H- VT2	2	3	11	2	4	10	-	-	-	1	14	0.7
O145:HUT VT1	-	1	1	-	-	1	-	-	-	-	1	0.05
O145 subtotal	3	6	14	3	4	11	-	-	-	1	19	0.9
O115:H10 VT1	12	1	2	-	-	1	-	-	-	-	15	0.7
O115:H- VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O115:HUT VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O115:HUT VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O115 subtotal	15	1	2	-	-	1	-	-	-	-	18	0.9
O128:H2 VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O128:H2 VT1&VT2	7	-	1	-	-	1	-	-	-	-	8	0.4
O128:H- VT1&VT2	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	0.3
O128:H- VT2	-	-	1	-	-	1	-	-	-	1	1	0.05
O128 subtotal	15	-	2	-	-	2	-	-	-	1	17	0.8
O76:H7 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O76:H19 VT1	10	1	-	-	-	-	-	-	-	-	11	0.5
O76:H19 VT1&VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O76:H21 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O76 subtotal	14	1	-	-	-	-	-	-	-	-	15	0.7
O159:H19 VT2	4	-	1	-	-	-	-	-	-	-	5	0.2
O159:H- VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O159:HUT VT2	3	-	1	-	-	-	-	-	-	-	4	0.2
O159 subtotal	8	-	2	-	-	-	-	-	-	-	10	0.5
O55:H2 VT1&VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O55:H12 VT1	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	0.1
O55:HUT VT1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O55:HUT VT2	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O55:VT1	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O55 subtotal	9	-	1	-	-	-	-	-	-	-	10	0.5
O3:H8 VT1	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	0.2
O3:H21 VT1	2	-	-	-	-	1	-	-	-	1	3	0.1
O5:H9 VT1	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	0.1
O5:H- VT1	1	1	3	-	2	2	-	-	-	-	4	0.2
O5:H- VT1&VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O6:H- VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O9:H7 VT2	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	0.1
O9:H- VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O16:H- VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O20:H7 VT2	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	0.2
O20:H41 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O22:H16 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O25:HUT VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O28ac:HUT VT1&VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O36:H14 VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O38:H21 VT1&VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O38:H- VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O43:H2 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O43:H- VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O48:H45 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2	0.1
O48:H49 VT1&VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O63:H6 VT2	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	0.1
O66:H45 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O66:H45 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O69:H11 VT1	-	1	1	-	1	1	-	-	-	-	1	0.05
O71:H11 VT1	1	1	1	1	1	1	-	-	-	-	2	0.1
O74:H- VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O75:H- VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O78:H- VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O81:H6 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O81:H31 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O82:H8 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O82:H19 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O84:H14 VT1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	0.05
O85:HUT VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O86a:H- VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O93:H28 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O93:H46 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O98:H49 VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O98:H- VT1&VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O100:H- VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O104:H21 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O105:H7 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O106:H16 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O108:H25 VT1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O109:H5 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O109:H21 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O110:H28 VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O112:H19 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O112ac:H16 VT2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	0.05
O113:H4 VT2	3	-	-	-	-	-	-	-	-	1	4	0.2
O113:H21 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O113:H- VT2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	0.1
O124:H11 VT1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O126:H20 VT2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O126:H- VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05
O126:HNT VT1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	0.05

(次ページに続く)

(前ページの続き)

Serotype VT type	臨床症状* Clinical manifestation*											No. of cases	%	
	無症状 <sup>1)</sup>	発熱 <sup>2)</sup>	下痢 <sup>3)</sup>	嘔気嘔吐 <sup>4)</sup>	血便 <sup>5)</sup>	腹痛 <sup>6)</sup>	意識障害 <sup>7)</sup>	脳症 <sup>8)</sup>	HUS <sup>9)</sup>	腎機能障害 <sup>10)</sup>	その他 <sup>11)</sup>			
O130:H11 VT2	—	—	1	—	—	1	—	—	—	—	—	1	0.05	
O130:H- VT2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O136:H16 VT1	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O139:HUT VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O142:H- VT2	1	—	1	—	—	1	—	—	—	—	—	2	0.1	
O148:H8 VT2	3	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.1	
O148:H18 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O148:H18 VT1&VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O150:H8 VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O150:H10 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O150:H- VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O152:H7 VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O152:H8 VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O156:H25 VT1	4	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	4	0.2	
O156:H- VT1	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O163:H- VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O165:H- VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O168:H7 VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O168:H8 VT2	3	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	3	0.1	
O168:H8 VT1&VT2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	1	0.05	
O168:H- VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O168:HNT VT2	—	1	1	—	—	1	—	—	—	—	1	1	0.05	
O168:HUT VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O174:H- VT1	—	—	1	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O174:H21 VT2	6	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	6	0.3	
O177:H- VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O177:H- VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O179:H8 VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O179:H- VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O181:H16 VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O181:H16 VT1&VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O181:H49 VT1	—	—	1	—	—	1	—	—	—	—	—	1	0.05	
O181:H49 VT2	2	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	2	0.1	
O181:H49 VT1&VT2	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O182:H25 VT1	1	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	1	0.05	
O183:H18 VT1	2	1	1	—	—	1	—	—	—	—	—	3	0.1	
O185:H7 VT2	—	—	—	—	—	1	—	—	—	—	—	1	0.05	
O185:H16 VT2	8	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	8	0.4	
O other	24	1	4	1	2	2	—	—	—	—	—	29	1.4	
O untypable	113	6	22	2	8	15	—	—	—	—	—	3	141	6.7

UT: Untypable, NT: Not typed, \*2つ以上の臨床症状が報告された例を含む  
 \*Includes cases for whom two or more symptoms were reported  
 1) no symptoms, 2) fever, 3) diarrhea, 4) nausea/vomiting, 5) bloody diarrhea, 6) abdominal pain, 7) disturbance of consciousness, 8) encephalopathy,  
 9) 溶血性尿毒症候群: hemolytic uremic syndrome, 10) renal failure, 11) other  
 (Infectious Agents Surveillance System: Data based on reports from public health institutes and health centers received before March 19, 2026)

<特集関連資料2>腸管出血性大腸菌による食中毒発生事例, 2025年

No.	発生場所	発生月日	原因食品	原因施設	摂食者数	患者数	死者数
1	福岡県	6月6日	不明(当該施設が令和7年6月2日及び6月3日に提供した食事)	飲食店	8	4	0
2	東京都	6月20日	6月18日に当該施設で調理提供した食事	その他	32	8	0
3	東京都	6月23日	令和7年6月20日及び21日に調理し、提供した食事	飲食店	5	5	0
4	神奈川県	7月19日	不明(7月15日及び16日に調理・提供された食事)	飲食店	3	2	0
5	東京都	8月2日	令和7年7月28日及び7月29日に当該施設が調理提供した食事	飲食店	7	2	0
6	大分県	8月4日	原因施設が令和7年8月1日(金曜日)から8月3日(日曜日)に調理提供した食事	飲食店	77	25	0
7	神奈川県	8月17日	8月13日に当該飲食店で提供された食事(推定:和牛赤身ステーキ肉)	飲食店	14	2	0
8	島根県	9月1日	当該施設が令和7年8月29日から同年9月8日にかけて調理、提供した加熱不十分のハンバーグ等(推定)	飲食店	1,565	102	0
9	沖縄県	10月14日	令和7年10月14日から10月18日に原因施設で調理・提供された食事	飲食店	867	202	0
10	福岡県	11月18日	不明(当該施設で製造、販売されたサンドイッチ)	製造所	24	10	0

厚生労働省・食中毒統計資料「令和7年(2025年)食中毒発生事例」より改変  
[https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou\\_iryuu/shokuhin/syokuchu/04.html](https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryuu/shokuhin/syokuchu/04.html)

<特集関連情報>

福岡県内の保育園における腸管出血性大腸菌O145による集団感染事例

成人男性の腸管出血性大腸菌感染症(O145, VT2)(以下, O145)の発生に続いて, 当該患者の子どもが通う保育園(以下, A保育園)でO145の集団感染が発生した事例について報告する。

発生状況

本事例におけるO145感染者の発生状況を次ページ図に示す。

2025年X日に福岡県内の成人男性【a】が腹痛を呈し(次ページ図-i), 入院先の医療機関でO145が検出された。その後, この患者の子ども3名(A保育園の1歳児クラス1名【b】, その他のクラス1名【d】, 小学

生1名【c】)からも, 同様にO145の届出がされた。保健所は【b-d】が通うA保育園や小学校での感染拡大を防ぐため, 各施設を通じて保護者に対し, 感染対策を伝えるとともに, 体調不良の際には, 速やかに医療機関を受診するよう注意喚起した。

X+18日に【b】と同じ1歳児クラスの園児【e】が発症しO145の届出がされた。また, 同クラスには, 腹痛や水様性下痢の消化器症状を呈して医療機関を受診している園児が他にも確認されたことから, 保健所は園内での集団感染を疑い, 1歳児クラスの職員および園児を対象に検便を実施した。職員からはO145が検出されなかったが, 園児1名【j】が陽性となった。加えて, 医療機関から3名の園児(1歳児クラス2名【f, h】, その他のクラス1名【g】)の届出がされた。これまでの疫学調査の結果から, 保健所は集団感染と判断

し、A 保育園に対して感染対策指導を実施した。その後、1 歳児クラスの陽性園児全員の陰性が確認され、さらに陽性園児の最終登園日【f】がX + 30日まで登園していた) から14日間、園内で新たな有症者の発生がなかったことから、保健所はX + 44日に集団感染の終息を判断した。

しかし、X + 58日、新たに【g】の家族である園児2名【n, o】についてO145の届出がされた。1 歳児クラスの園児【o】は発症後も登園していたため、保健所は再度そのクラスの園児を対象に検便を実施したが、対象者はすべて陰性であった。保健所は先の集団感染が継続していた可能性を考慮して、X + 73日に集団感染の終息を再度判断した。

**感染者の概要**

本事例では、成人および小児を合わせて計16名【a-p】から腸管出血性大腸菌感染症の届出がされた。溶血性尿毒症症候群 (HUS) を発症した1名【h】を除いて15名からO145が分離された。届出がされた16名のうち11名【b, d-k, n, o】は園児であり、残りの5名【a, c, l, m, p】は各園児の家族であった (図-ii)。園児11名の内訳は、1 歳児クラスが6名、残る5名は各園児の兄弟【d, g, i, k, n】であり、在籍クラスは計4クラスに分かれていた。

届出のあった16名のうち有症者は11名 (1 歳児クラスの園児5名、その他クラスの園児3名、園児の家族3名) で、症状の内訳は、水様性下痢8名 (73%)、腹痛6名 (55%)、血便4名 (36%)、HUS1名 (9%)、嘔吐1名 (9%) であった。また、無症状者は5名 (1 歳児クラスの園児1名、その他クラスの園児2名、園児の家族2名) であった。

**保健所による対応および感染対策指導**

施設調査を通じて、A 保育園では、おむつ交換時における職員の手袋着用や、おむつ交換用ベッドの消毒

など、そのつど行われており、基本的な感染症対策は実施されていることが確認された。一方、1 歳児クラスでは、保育室内にトイレの区画が設けられており、園児が素足でトイレ内に入り出している状況であった。また、汚染した足からの感染の可能性を考え、園児が自らの足先を口に入れる行為があるか保育園職員へ聞き取りを行ったところ、当該行為が確認された。

これらの状況から、足に付着したO145がトイレ区画外に持ち出され、感染拡大に関与する可能性が考えられたため、トイレ床の清掃頻度を増やすことに加え、必要に応じて園児の足の洗浄や消毒を行い、園児の足を清潔に保つよう指導した。

**細菌学的検査結果**

本事例で分離された15名分の菌株は、すべてO145 VT2陽性であった。国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所により実施された反復配列多型解析 (multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA) の結果は、以下の通りであった。MLVA typeの内訳は、25m6003 (11名)、25m6002 (3名)、25m6005 (1名) で、25m6003と比較して、25m6002は1カ所、25m6005は2カ所の遺伝子座で違いがみられた。また、3つのMLVA typeは、MLVA complex 25c601に含まれた (図-ii)。

**考察**

本事例では、保育園内においてどのように感染拡大したかは明らかとならなかったが、素足でのトイレ使用や足を口に入れる行為など、乳幼児特有の生活行動が感染拡大に関与した可能性が考えられた。そのため、保育施設ではこのような行動を踏まえた衛生管理の徹底が重要である。

X + 23日に発症し、その後、陰性確認された【g】の家族 (園児【n, o】と【p】) から、遺伝学的な関連が示唆される同一MLVA complexのO145がA 保育園での集団感染終息 (X + 44日) の後に検出された (図-i)。

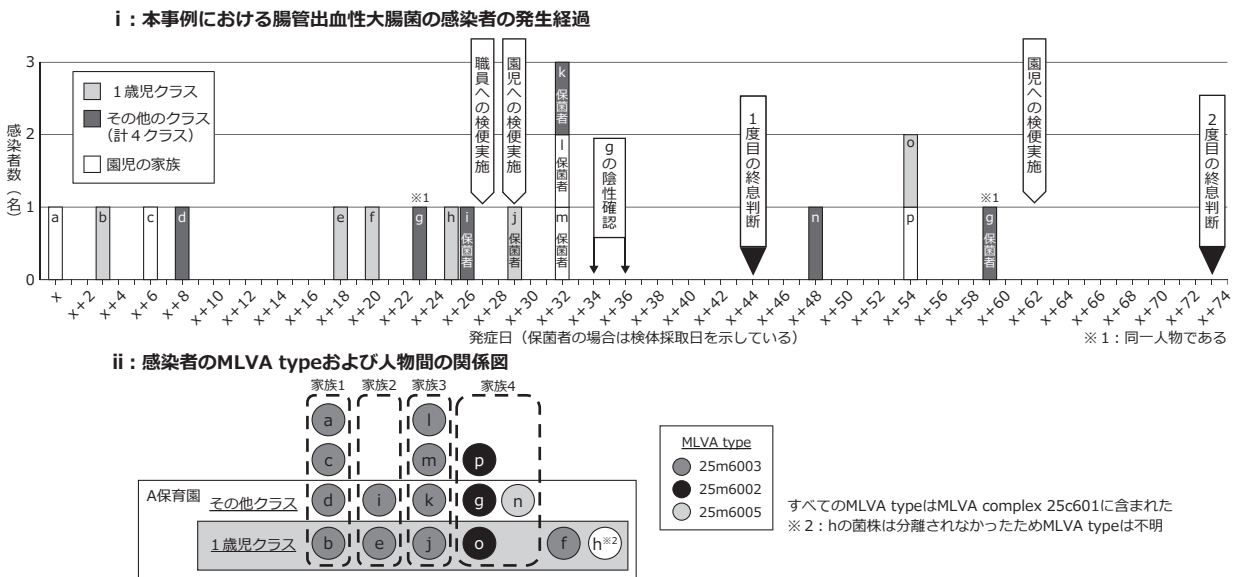


図. 本事例における腸管出血性大腸菌の感染者の発生状況

このことから、【g】の家族における感染事例は保育園での集団感染の継続であった可能性が示唆された。しかし、X+44日の終息判断後に【g】の家族で先行発症した【n】は、1歳児クラスではない園児であり、また、陽性園児【f】の最終登園日から18日後(X+48日)に発症していた。腸管出血性大腸菌感染症の潜伏期間は通常14日以内のため<sup>1)</sup>、【g】の家族の感染事例が保育園の集団感染の継続によるものかは明らかとならなかった。このため今後は、追加の疫学情報を補填することや、より高精度の分子疫学的手法を用いることなどにより、さらなる検証を行う必要がある。

謝辞：調査にご協力を賜りました保育園職員、園児および保護者の皆さまに心より感謝申し上げます。また、調査にご協力いただきました福岡市保健環境研究所および福岡市保健所のご担当者様、国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・細菌第一部の先生方に深く御礼申し上げます。

参考文献

- 1) 岡部信彦ら編, 日本公衆衛生協会, 感染症予防必携第3版, 395-397, 2015

福岡県保健環境研究所  
 小山夢玄 重村洋明 本村由佳  
 カール由起 片宗千春 上田紗織  
 芦塚由紀  
 糸島保健福祉事務所  
 田浦綺未 中山志幸 高田ひろみ  
 柴田和典

<特集関連情報>

加熱不十分なハンバーグを原因とするO157による食中毒事例について

令和7(2025)年9月に、島根県内の飲食店が提供した食事(ハンバーグ)を原因とする腸管出血性大腸菌O157(以下、O157)による食中毒が発生したため、その概要を報告する。

概要

2025年9月8日県内保健所あてに、2件の医療機関から食中毒疑いの通報があった。それぞれの医療機関に計3名の患者が入院しており、うち1名についてはO157陽性であることが判明した。患者調査の結果、県内にある飲食店(以下、当該施設)にてハンバーグを

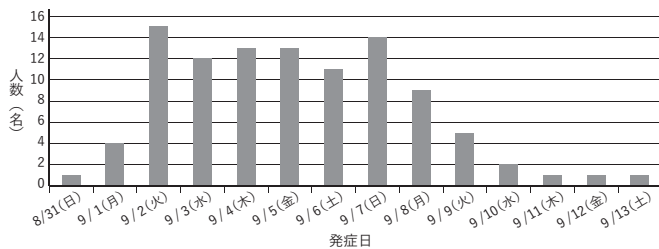


図1. 発症日別患者数内訳, 2025年

共通して喫食しており、その他にも患者が多数いることが確認された。最終的に当該施設を8月29日~9月8日に利用した客1,128名(ハンバーグの提供食数換算)のうち、102名が症状を呈していた(図1)。

原因食品

患者全員が共通して当該施設が調理したハンバーグを喫食しており、当該ハンバーグは厨房で表面を加熱した後、客の目の前でホールの従事者が、ナイフとフォークを用いて半分にカットし、鉄板に押し付けて焼いてから提供する。厨房での加熱調理は、チャコール(焼き目をつける焼き器)3分、グリドル2分の計5分間、蓋をかぶせて加熱する。なお、いずれの加熱機器も300°C程度の温度であったが、当該ハンバーグの中心温度は30°C程度であったことが、後の検証により判明した。客席での最終加熱はハンバーグの焼き加減にミディアムとウェルダンがあるが、特に焼き時間や中心温度を定めているわけではなく、肉の厚みに応じて担当従事者の押し加減で調節している。この押し焼きについても、保健所の検証時には中心温度が80°Cに達する場所もあれば、60°Cに満たない場所もあり、加熱ムラが確認された。これらのことから、加熱不十分なハンバーグが原因食品であると推定した。

汚染経路等

従事者検便の結果、従事者13名全員がO157陰性であったことから、調理従事者由来で食品を汚染させた可能性は極めて低いと考えられた。9月8日に採取した食品検体ではO157は陰性であったが、後述の原料肉の遡り調査の結果、O157に汚染された牛ミンチ肉を使用していた可能性があった。

原料肉の遡り調査

当該店舗でハンバーグに使用した牛ミンチ肉の流通経路は以下のとおり(図2)。

流通経路において、A社がミンチ肉の製造に使用した牛ミンチ材はB社またはC社から仕入れており、ロットごとに仕入れ元の管理ができておらず、牛ミンチ材の遡り調査はできなかった。なお、A社、B社およびC社の流通先、販売先等において同様の苦情情報は確認されなかったが、原料肉仕入れ先(A社)の出荷状況から、8月28日~9月3日あたりまで汚染されていた同ロットの牛ミンチ肉が小分けで卸されていた可能性があった。

考察

当該施設においては営業開始から30年、ハンバーグ

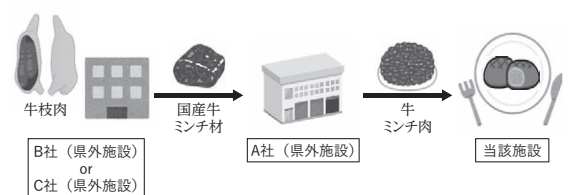


図2. 原料肉の流通経路

の調理および提供方法を変更せず営業を行ってきた。しかし、その調理方法が危害分析重要管理点 (hazard analysis and critical control point: HACCP) に沿った衛生管理計画に基づくものではなく、従事者の経験則に頼り、さらに繁忙により通常を上回る提供食数であったことから、結果として汚染されていた食肉を十分に加熱することができず、食中毒を発生させるに至ったと考えられる。また、今回の事案において、O157を病因物質と断定したが、当該病因物質は感染症法において3類感染症に指定され、就業制限等の食品衛生法以外の対応が求められる。本県においては、本事案探知後同日中に行政処分を判断し、被害拡大防止および直ちにその病因物質を周知したことにより、適切な医療の提供や、迅速な二次感染防止対策を講じることができた。このことから、日頃より食品衛生担当者および感染症担当者間の連携を図ることが可能な体制整備、事案を想定した訓練や意見交換による自治体間の迅速な連携を図ることが可能な組織づくりが今後も重要であると考ええる。

島根県健康福祉部薬事衛生課  
 廣江純一郎 永井 元 柳楽大気  
 久武怜市  
 松江市・島根県共同設置松江保健所  
 日野揚之 高山 優

#### <特集関連情報>

#### 修学旅行における腸管出血性大腸菌O157食中毒事例について

2025年10月、沖縄県内の大量調理施設において、患者202名の腸管出血性大腸菌 (EHEC) O157による集団食中毒事例が発生した。本事例は広域に及ぶ複数団体の受け入れ施設で発生しており、その概要について報告する。

#### 事例の概要

2025年10月22日に神奈川県川崎市より修学旅行で沖縄県を訪れた高校生等が腹痛、下痢、血便等の症状があり、そのうち5名からEHEC O157が検出されたとの内容で調査依頼があった。その後24日には、山形県山形市および長野県長野市からも修学旅行から戻った生徒より同様の報告があり、これら3団体の共通食として

沖縄県南部保健所管内の飲食店が浮上した。当該施設は、同月25日より自主休業を開始。当該施設は観光名所に隣接し、主に修学旅行等の団体客に利用される大量調理施設で、24日までの利用客を確認したところ、他2団体においても同様の患者がいることが確認された。

南部保健所は、患者の便からEHEC O157が検出されたこと、症状および潜伏期間がEHEC O157のものと一致すること、共通食が当該施設で提供した食事のみであること、から食中毒と断定し、10月29日に営業禁止措置を講じた (営業禁止は12月17日に解除)。

#### 調査結果等

##### 1. 症例情報および微生物学的検査

調査段階の患者は5団体であったが、腹痛、下痢、血便、発熱、吐き気、嘔吐のいずれかの症状を呈した者、かつEHEC O157陽性者が確認された4団体を本事例の対象とし、最終的な患者数は202名、O157陽性者は110名となった。平均発症率は23.3% (9.8-39.2%) (表)。入院を要する事例はみられたものの重篤事例は確認されなかった。また、分離株の反復配列多型解析 (multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA) typeの多くがMLVA type 25m0468を示し、一部typeが異なる株も同一のMLVA complex 25c055に属しており、単一の汚染源が強く示唆された。

##### 2. 原因食品の追及

当該施設は、飲食店の他に弁当の仕出しも行っていたが、全4団体の共通メニューとして「タコライス」と「沖縄そば」が特定された。10月14~24日の施設利用団体におけるタコライスと沖縄そばの各摂取とEHEC O157陽性者発生との関連をみたところ、沖縄そばに比べ、タコライスを含んだメニューを喫食した際のリスク比が有意に高く、患者のうちEHEC O157陽性者は全員タコライスを喫食していた。また、タコライスの喫食時間を起点とした各団体の潜伏期間は、4日±10時間でEHECの潜伏期間と矛盾しなかった。

これらのことから、タコライスが原因食品であると強く疑われたが、検食や施設のふきとり検査、調理従事者便からEHEC O157が検出されなかったこと、原材料の遡り調査において同様の苦情が確認されなかったこと、施設の衛生管理状況から食品の二次汚染や交差汚染の可能性が除外できなかったことから、特定の

表. 4団体の喫食および発症状況

	川崎市	山形市	長野市	東京都	合計
利用日時	10月14日11時30分	10月17日12時15分	10月17日10時00分	10月18日11時40分	
喫食メニュー	タコライス (そば付)	タコライス弁当	タコライス弁当	タコライス (そば・アンダギー付)	
提供形態	店内喫食	仕出し	仕出し	店内喫食	
喫食者数	365名	51名	197名	254名	867名
有症者数 (発症率)	103名 (28.2%)	20名 (39.2%)	54名 (27.4%)	25名 (9.8%)	202名 (23.3%)
入院者数	16名	5名	5名	4名	30名
EHEC O157全検出者数	70名	24名	32名	10名	136名
(うち有症者検出数)	62名	16名	22名	10名	110名

食品を原因と断定するには至らなかった。

### 3. 施設調査

施設調査にあたっては、原因施設が大量調理施設であったため、県内重点監視施設の監視を所管する沖縄県中部保健所と調査を行った。

当該施設は、重点監視施設として沖縄県中部保健所にて定期的に監視指導が行われ、危害分析重要管理点 (hazard analysis and critical control point: HACCP) に沿った衛生管理は一部実施されていたものの、施設調査の結果、衛生管理の不備が確認された。本事例に起因する事項では、未加熱で提供する野菜の取り扱い不備、鼠族昆虫対策不足、調理器具の管理不足、貯水槽の清掃不足、衛生的な手洗いが徹底されておらず、記録も不十分であった。

特に未加熱で提供する野菜の取り扱いでは、洗浄槽やザル等の器具の使い分けがなく、下処理は洗浄のみで消毒工程がなかった。野菜の洗浄からカットまでの工程は、使用する数日前から行われることがあり、千切り後のレタスは水を張った容器にて使用日まで冷蔵保管されていた。盛り付け後は、客に提供するまで温度管理がされていない室内で保管されていた。また、盛り付け後の余った野菜は、別の容器に移して冷蔵保管して翌日以降も使用されることもあり、先入・先出が徹底されていなかった。

### 考 察

本事例は、疫学調査からタコライスの喫食がEHEC O157陽性と有意に関連していたが、適切な衛生管理および記録が不十分であったため、二次汚染や交差汚染の可能性を除外できなかった。また、本事例発生前後において調理工程、調理従事者、使用設備等に変わった点は確認されず、患者の発生が一時期に限定されていることから、発生要因は原材料由来の汚染であった可能性が高いと考える。原材料に付着していたEHEC O157を調理工程で汚染を広げ、盛り付け後の不適切な温度管理により、提供までの間にEHEC O157が増殖したと推測した。事件発生当時は1日800食以上を調理し、店内飲食と弁当の仕出しの調理、年中無休の状況であり、過剰負担が調理工程におけるリスク管理の形骸化を招いた一因と考えられる。処理能力に見合った受注管理が衛生管理に不可欠であることを改めて浮き彫りにした。観光立県である本県には、団体客が利用する大量調理施設が多くあるなかで、今後の食中毒防止にむけ監視指導体制を見直す機会となった。

調査にご協力いただいた各自治体担当者の皆様、調査開始時よりデータ分析等にご協力をいただきました国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所関係者の皆様に深く感謝をいたします。

沖縄県南部保健所  
菅野育代 宜保公子 松田聖子  
長棟美幸  
沖縄県中部保健所

仲宗根猛智 西田佳子 上原寛明  
久高 潤 宮里義久  
沖縄県衛生環境研究所  
高良武俊 大西 真  
沖縄県業務生活衛生課  
宮城 匡 上原ゆきの 山内 努  
平良勝也  
国立健康危機管理研究機構  
国立感染症研究所  
実地疫学専門栄養養成コース (FETP)  
藤井英里 喜久里昂哉  
応用疫学研究センター  
中村夏子 小林祐介 八幡裕一郎  
島田智恵 砂川富正

### <特集関連情報>

#### 腸管出血性大腸菌感染症 O26 VT2 の広域集積事例

#### 探 知

2025年1月6～15日にかけて、北海道および東北地方の3つ以上の自治体から腸管出血性大腸菌 (EHEC) O26 VT2症例が6例届出された。国内で分離されるEHEC O26のうち、Vero毒素2型 (VT2) 産生株は約6%と稀である<sup>1)</sup>。また、O26 VT2症例は2024年11～12月 (第45～52週)<sup>2)</sup> に合計2例の届出にとどまっていた。このような状況下で、10日間に複数自治体から届出が相次いだことから、国立感染症研究所応用疫学研究センターでは、共通の感染源による広域事例の可能性を疑った。そこで、EHECミーティング<sup>3)</sup> で関係者間の情報共有を行い、関係自治体から詳細な疫学情報を収集した。

#### 方 法

関連症例を幅広く把握し、共通曝露の有無を検討するため、症例定義を設定し積極的症例探索を行った。症例定義は、感染症発生動向調査において2025年1月1～31日までを診断日として届出られた症例のうち、確定例をO26 VT2が検出された症例、またはO26 VT2検出例と同一の反復配列多型解析 (multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA) typeが検出された症例とし、疑い例を確定例と疫学的関連がある、または確定例の届出があった自治体から届出されたO26 VT不明例もしくはO不明VT2 (OUT VT2) 症例とした。これらの症例について、発症日、性別、年齢を感染症発生動向調査に届出された情報から収集し、さらに関係自治体を通じて喫食状況等の詳細な疫学情報を収集した。また、施設調査結果と食品保健総合情報処理システム (NESFD) で共有されたMLVA検査結果リストの疫学情報を利用した。

#### 結 果

症例定義を満たした症例は、確定例が10例、疑い例が2例であった。症例の診断日および発症日別流行曲線

を図に示す。症例の発症日は2025年1月1～12日であった。届出数は秋田県が5例(うち疑い例:2例)で最も多く、次いで北海道3例、宮城県2例、山形県および岩手県各1例であった。症例の年齢中央値は31歳(範囲:11-64歳)、男性は50%、有症状者は67%であり、溶血性尿毒症症候群等の重症例は認めなかった。

確定例10例は、いずれも発症または採便前に外食チェーンA(店舗は異なる)を利用していた。一方で、疑い例2例は外食チェーンAの利用が確認されなかった。確定例10例のうち、菌株解析が可能であった8例のMLVA

typeは、25m2001が5例、22m2107が3例であった。また、25m2001は1月1～4日、22m2107は1月8～12日に発症した症例から検出される傾向が認められた(図)。

菌株解析が可能であった8例の外食チェーンAでの喫食状況では、8例すべてがメニューBを喫食しており、8例のうち7例がメニューCを喫食していた。さらに、メニューBとCに使用された食材のロット番号が症例間で部分的に一致したが、同食材の保管がなく、検査には至らなかった。得られた情報は外食チェーンAの本社を所管する自治体に共有され、本社から各店舗への注意喚起が行われた。

**考察**

すべての確定例で外食チェーンAの利用が認められたことから、本事例は外食チェーンAで提供された食事に関連する可能性が示唆されたが、原因を特定することはできなかった。また、菌株解析が可能であった8例においてMLVA type 25m2001が5例、22m2107が3例に共通して検出されたことは、共通曝露の可能性を支持する所見であった。一方で、複数のMLVA typeが検出されたこと、図に示すようにMLVA typeごとに発症時期が異なる傾向が認められたことから、汚染源が複数あった可能性も否定できない。なお、本事例調査の限界として、収集可能であった情報が限定的であったため、2つのMLVA typeと特定の食材等との関連を評価するための情報は得られなかった。

本事例では、各自治体において喫食廻り調査が迅速に実施され、疫学情報が早期に集約された結果、確定例に共通する外食チェーンAの利用を早期に把握できた。さらに、菌株確保とMLVA解析が並行して進められたことで、症例間の分子疫学的関連性を早期に評価することができた。

稀な血清群・毒素型のEHEC症例が同時期に複数届出された場合は、共通の感染源による広域事例の可能性を念頭に対応することが重要である。一方で、症例が複数自治体に散発する広域事例の場合、自治体単

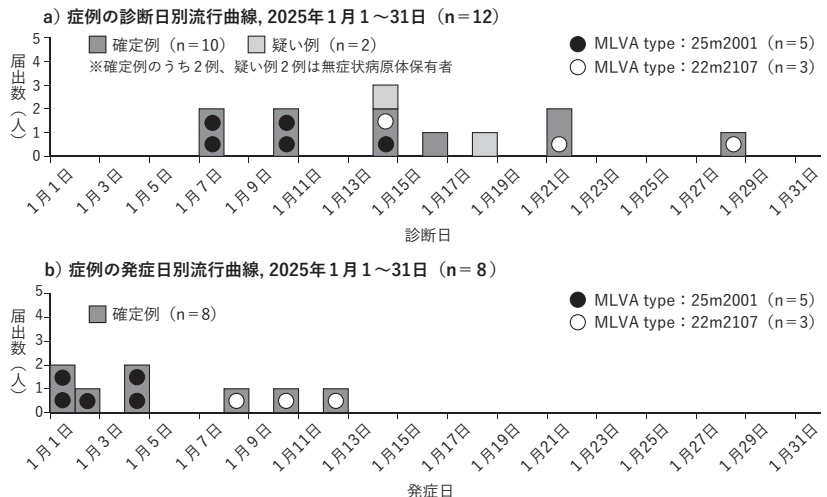


図. 診断日および発症日別流行曲線

位では全体像を把握しづらい。そのため、本事例のような状況では、全体の調整役を早期に決定し、関係者会議等を開催して情報共有を図るとともに、共通調査票等による収集項目の標準化を含め、共通曝露の有無を迅速に検討することが重要である。

謝辞: 調査にご協力いただきました自治体本庁、保健所、地方衛生研究所関係者の皆様に深謝いたします。

参考文献

- 1) IASR 46: 91-93, 2025
- 2) 国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト, IDWR 2024年第45週(第45号)～第52週(第52号) <https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/idwr/idwr/2024/index.html>
- 3) 高良武俊ら, IASR 45: 83-84, 2024

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

森 秀哉 村井達哉 田才愛子

中満智史 立花佳弘 池田優美

澤 友歌 藤井英里

応用疫学研究センター

門脇知花 西野綾乃 福住宗久

八幡裕一郎 島田智恵 砂川富正

感染症サーベイランス研究部

高橋琢理 高原 理 神垣太郎

細菌第一部

泉谷秀昌 明田幸宏

<特集関連情報>

2025年に発生したEHEC MLVA complex 25c007による広域事例対応

はじめに

腸管出血性大腸菌 (EHEC) による広域の食中毒事例では、同一分子タイプのEHECが同定された症例群をク

クラスターとして位置づける。クラスターの中でも感染地域や喫食歴等、特定の共通点をもつ集団をサブクラスターととらえ、感染原因や経路を特定するための疫学調査を実施する。また、症例から得られた菌株は反復配列多型解析 (multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA) により MLVA type を決定し、分子疫学的な近縁株を MLVA complex として分類する。

探知

国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・実地疫学専門家養成コース (FETP) では、全国からの EHEC 感染症届出例について異常な症例の集積や広域散発事例の検知と対応を目的として、日々、情報の監視と解析および評価を行っている<sup>1)</sup>。2025年第29週に、過去4週間で関東地方の複数の自治体から、EHEC MLVA complex 25c007が10件検出されたことを探知し、疫学情報の収集を開始した。

方法

食品保健総合情報処理システム (NESFD) で共有された MLVA 検査結果リストに登録された症例のうち、2025年4月1日～12月31日までに、EHEC MLVA complex

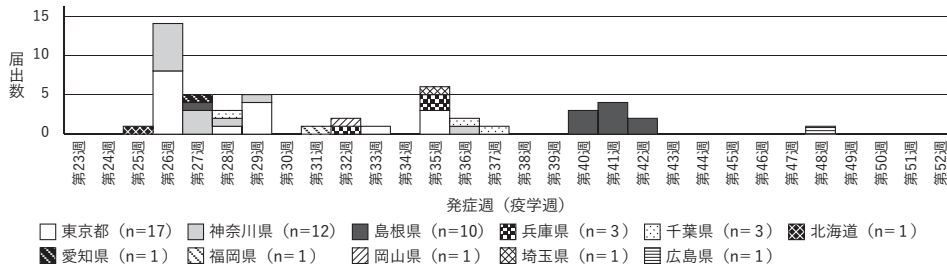
25c007が検出された症例を対象とした。NESFDから喫食歴と MLVA type を、感染症発生動向調査から基本情報、発症日、報告自治体の調査情報を収集し、記述した。また、広域散発食中毒事案が疑われたため、関連自治体が参加する web 会議による情報交換が実施され、報告された情報を得た。さらに、9都道府県の症例から検出された EHEC 39株の一塩基多型 (SNP) 解析を実施し、菌株の相同性を検討した。

結果

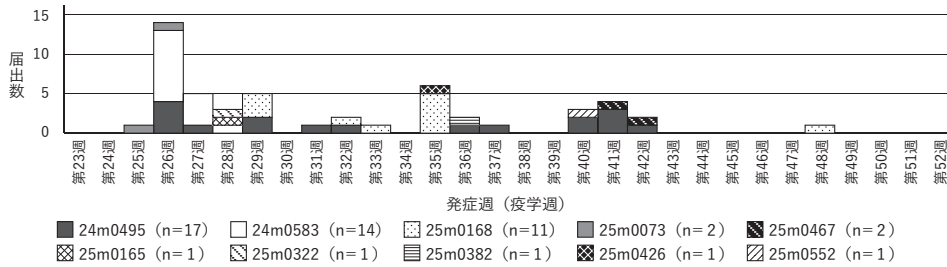
発症日別流行曲線 (図-A) は、第26週に関東地方 (東京都、神奈川県) で先行して14例発症し第29週にかけて減少し、第31～37週には関東地方で継続して届出されていることに加えて西日本 (兵庫県、福岡県) へも拡がり、第40～42週に島根県で9例の集積を認めた。届出された61例のうち、患者52例 (85%)、重症例は溶血性尿毒症症候群 (HUS) 5例 (8%) であった。年齢中央値は33歳 (範囲: 4-96歳) で男女差はなかった (表)。

同一 MLVA complex 届出の集積がみられたため、第31週、第44週に web 会議で対応が検討された。疫学情報から発症日が第25～27週の関東地方18例 (関東

A. MLVA complex 25c007が分離された患者の届出都道府県別流行曲線, 2025年第23～52週 (n=51\*)



B. MLVA complex 25c007が分離された患者の MLVA type 別流行曲線, 2025年第23～52週 (n=51\*)



\*無症状病原体保有者9例、発症日不明の1例を除く

図. MLVA complex 25c007が分離された患者の流行曲線

表. MLVA complex 25c007 が検出された届出症例の基本情報, 2025年4～12月 (n=61)

件数 (%)		件数 (%)		件数 (%)								
性別	男	26	(43)	症状	患者	52	(85)	MLVA type	25m0073	2	(3)	
	女	35	(57)		無症状病原体保有者	9	(15)		24m0583	15	(25)	
年齢 (歳)	中央値	33		症状詳細 (重複有)	水様性下痢	41	(67)		24m0495	21	(34)	
	範囲	4-96			腹痛	48	(79)		25m0168	13	(21)	
年代	件数 (%)					血便	33		(54)	25m0165	1	(2)
	10歳未満	6	(10)	重症例 (重複有)	HUS	5	(8)		25m0467	4	(7)	
	10代	6	(10)		脳症	1	(2)		25m0382	1	(2)	
	20代	15	(25)	推定感染経路	死亡	0	(0)		25m0426	1	(2)	
	30代	11	(18)		接触感染	0	(0)		25m0322	2	(3)	
	40代	6	(10)	経口感染	40	(66)	25m0552		1	(2)		
	50代	9	(15)	焼肉店の利用	25	(41)						
60代	2	(3)										
70代以上	6	(10)										

クラスターという), 第40~42週の鳥根県9例(西日本クラスターという)がサブクラスターであると考えられた。関東クラスターの83%(15/18例)が焼肉店(9店)を利用しており, 喫食した食材の割合はハラミ73%(11/15例), カルビ53%(8/15例), タン40%(6/15例), サニーレタス27%(4/15例)であった。8例(53%)が利用した3店でハラミ肉の仕入れ元が同じであったが, 肉の部位や産地が異なっていた。サニーレタスの流通経路のさかのぼり調査情報は得られなかった。西日本クラスターでは67%(6/9例)が共通のスーパーを利用していたが, 購入品の詳細は確認できなかった。

MLVA complex 25c007に含まれるMLVA typeは10種類と多数存在していた(前ページ図-B)。関東クラスターではMLVA type 24m0583が67%(12/18件), 西日本クラスターでは, 第26週以降継続的に検出されていた24m0495が67%(6/9件)を占めた。同MLVA complexに属する株のうち検出された地域, 時期が異なる39株に対してSNP解析を行ったところ, 各株間の違いは20塩基以下で, 近縁性は高かった。また, これらの株は高病原性を示す遺伝系統(clade 8)に属した<sup>2,3)</sup>。

#### 考察

EHEC MLVA complex 25c007が検出された届出症例の8%がHUSを発症しており, SNP解析により高病原性を示すclade 8に属することが明らかとなった。

記述疫学では, 地理的および時間的に異なるサブクラスターである, 関東クラスターと西日本クラスターの間に関連を示唆する結果を認めず, 感染経路が異なる可能性があった。一方, 関東および西日本クラスター由来株の近縁性は高く, 同一の感染源が存在すると考えられた。

本事例は広域事例と判断され, web会議による情報交換を行った。しかし, 実施した時点で発症から約1カ月経過していたため, その後の疫学情報収集が難しく, 感染原因および経路の特定には至らなかった。広域事例の原因究明と公衆衛生対策のためには, サブクラスターの初期に発生した5-10症例に対して重点的な疫学調査を実施し, 感染の原因を特定することが重要である<sup>4)</sup>。米国では, 遺伝子検査の結果判明には感染から3~4週間かかるため, 関係機関が連携した対応が重要と認識され, その仕組みを構築している<sup>5)</sup>。わが国でも自治体や政府等の連携により, 発症から時間が経っても, 情報の集約および解析が実施できる体制の構築が必要であると考えられた。

謝辞: 調査にご協力いただきました自治体本庁, 保健所, 地方衛生研究所関係者の皆様に深謝いたします。

#### 参考文献

- 1) 高良武俊ら, IASR 45: 83-84, 2024
- 2) Iyoda S, *et al.*, Open Forum Infect Dis 1: ofu061, 2014
- 3) Manning SD, *et al.*, Proc Natl Acad Sci USA

105: 4868-4873, 2008

- 4) CIFOR, GUIDELINES FOR FOODBORNE DISEASE OUTBREAK RESPONSE: 102-103, 2020 <https://cifor.us/downloads/clearinghouse/CIFOR-Guidelines-Complete-third-Ed.-FINAL.pdf>
- 5) CDC, Foodborne Outbreak Investigation Timeline <https://www.cdc.gov/foodborne-outbreaks/outbreak-basics/investigation-timeline.html>

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

澤 友歌 森 秀哉 村井達哉

田才愛子 中満智史 立花佳弘

池田優美 藤井英里

応用疫学研究センター

門脇知花 西野綾乃 福住宗久

八幡裕一郎 島田智恵 砂川富正

感染症サーベイランス研究部

高橋琢理 高原 理 神垣太郎

細菌第一部

李 謙一 泉谷秀昌 明田幸宏

#### <特集関連情報>

#### 2025年に分離された腸管出血性大腸菌のMLVA法による解析

国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・細菌第一部では2014年から腸管出血性大腸菌(EHEC) O157, O26, O111, 2017年からさらにO103, O121, O145, O165, O91について, 反復配列多型解析(multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA)法による分子疫学サーベイランスを行っている。本稿では2026年3月19日時点における, 2025年分離株のMLVA法による解析結果をまとめた。

当部に送付された2025年のEHEC分離株は3,793〔2018年6月29日付の厚生労働省事務連絡「腸管出血性大腸菌による広域的な感染症・食中毒に関する調査について」(2023年6月28日に再周知)に基づいて送付されたMLVAデータを含む〕であった。これは同時期前年比23%増であり, このうち3,168株(84%)をMLVA法で解析し, 型名を付与した。各血清群における解析株数, 検出型数およびSimpson's Diversity Index (SDI) \*は, O157が2,219株, 861型, 0.990 (昨年同時期のSDI: 0.997), O26が381株, 164型, 0.984 (0.983), O111が125株, 69型, 0.960 (0.986), O103が301株, 97型, 0.945 (0.965), O121が30株, 21型, 0.945 (0.968), O145が54株, 21型, 0.896 (0.978), O165が3株, 3型, 1.00 (1.00), O91が52株, 40型, 0.987 (0.993)であった。株数の同時期前年比は, O157: 25%増, O26: 2.8%減, O111: 17%減, O103: 99%増, O121: 50%増, O145:

表1. 検出数上位のMLVA typeの各遺伝子座におけるリピート数, 2025年

MLVA type	血清群	VT型	株数	complex	EH111 -11	EH111 -14	EH111 -8	EH157 -12	EH26 -7	EHC -1	EHC -2	EHC -5	EHC -6	O157 -3	O157 -34	O157 -9	O157 -25	O157 -17	O157 -19	O157 -36	O157 -37
25m0468	O157	VT1+VT2	161	25c055	2	-2	1	4	-2	6	4	11	15	9	12	8	6	7	5	6	8
25m0548	O157	VT1+VT2	84	25c040	2	-2	1	4	-2	5	4	10	11	9	12	13	23	7	5	3	6
25m0226	O157	VT2	79	25c038	2	-2	1	6	-2	16	4	-2	13	10	9	5	5	4	7	8	6
22m0160	O157	VT1+VT2	42	25c020	2	-2	1	4	-2	6	4	7	-2	14	12	10	5	6	6	7	6
25m0547	O157	VT1+VT2	41	25c040	2	-2	1	4	-2	5	4	13	11	9	12	13	23	7	5	3	6
25m0157	O157	VT2	36	25c035	2	-2	1	6	-2	7	6	-2	-2	8	9	14	6	4	7	9	7
25m2046	O26	VT1	28	25c209	2	1	1	2	3	8	20	9	-2	-2	1	9	2	-2	1	-2	-2
25m0081	O157	VT2	27		2	-2	1	6	-2	8	7	-2	-2	9	9	18	5	4	7	11	6
23m0231	O157	VT2	23		2	-2	1	6	-2	7	6	-2	-2	8	9	17	5	4	7	9	7
25m3049	O111	VT1	23	25c303	4	1	5	2	-2	13	9	-2	3	-2	3	10	2	-2	1	-2	6

complex : 当該MLVA typeが含まれたcomplexを表す  
-2は増幅産物なしを表す

表2. 広域株のブロック別分布, 2024年

MLVA type/complex	血清群	VT型	機関数	都道府県	総計*	北海道 東北新潟*	関東 甲信静*	東海北陸*	近畿*	中国四国*	九州*
25c055	O157	VT1+VT2	8	6	203	26	176	0	0	0	1
25c038	O157	VT2	12	11	83	0	4	0	6	72	1
25c007	O157	VT2	15	12	61	2	35	2	4	17	1
25c020	O157	VT1+VT2	5	5	47	42	5	0	0	0	0
25c035	O157	VT2	12	8	44	6	37	0	1	0	0
25c025	O157	VT1+VT2	11	8	34	0	3	1	0	8	22
25m4012	O103	VT1	18	15	31	1	0	6	4	10	10
25c209	O26	VT1	6	3	30	0	0	0	1	0	29
25c024	O157	VT1+VT2	12	11	24	3	8	5	8	0	0
23m0231	O157	VT2	10	8	23	3	5	6	4	4	1
25c033	O157	VT1+VT2	11	9	19	6	10	0	2	0	1

\*株数

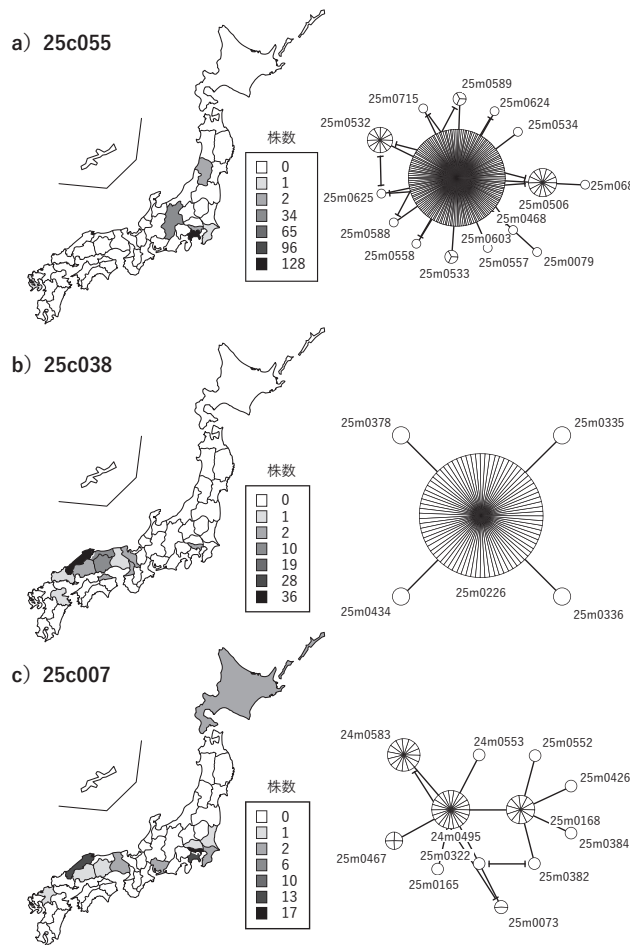


図. 主な広域株の地理的分布および当該MLVA complexの minimum spanning tree

108%増, O165 : 63%減, O91 : 11%増であった。

\*多様性を表す指数のひとつ。0-1の範囲で1に近いほど多様性が高く, 0に近いほど多様性が低いことを示す。

表1に血清群O157, O26, O111のうち, 検出された菌株数が多かったMLVA typeおよびその各遺伝子座のリピート数を示す。

MLVAでは, リピート数が1遺伝子座において異なる single locus variant (SLV) など, 関連性が推測される型を complex としてまとめる様式をとっている。2025年は95の complex が同定された (前後の年をまたぐ complex を含む)。

同じMLVA typeの株からなるクラスターは427であった。complex を考慮した場合のクラスター数は380であった。最大のクラスターは25c055で, 203株から構成された。

MLVA法によって試験した菌株に関し, 送付地方衛生研究所 (地衛研) 等 (機関) の数に基づいて広域株の検索を行った。5以上の機関で検出された, いわゆる広域 complex は28種類 (728株), complex に含まれないが5機関以上で検出された広域型は27種類 (285株) であった。上位の広域株について, 分離地域 (ブロック) の分布は表2に示すとおりであった。主な広域株の地理的分布およびMLVAに基づく minimum spanning tree を図に示す。これらに関連する集団事例等については他稿を参照されたい。

MLVA法により迅速な菌株解析が可能となったこと

で、集団事例および家族内事例における菌株の同一性、散発例も含めた事例間の関連性および広域性の有無などの情報がよりリアルタイムに還元できるようになってきている。また、前述の事務連絡によって、血清群 O157, O26, O111 について地衛研で実施した MLVA データから直接 MLVA type を付与し、当該 type の一覧を MLVA リストとして共有することで、より早い情報共有が可能となっている。今後も迅速な菌株解析ならびに情報共有に努めていくので、引き続き関係機関のご理解とご協力をお願いしたい。

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所細菌第一部

泉谷秀昌 李 謙一 伊豫田 淳

明田幸宏

<特集関連情報>

韓国渡航歴に関連した腸管出血性大腸菌感染症について、2018~2025年

韓国渡航後の腸管出血性大腸菌 (enterohemorrhagic *Escherichia coli*: EHEC) 感染症について、2023 年以降に症例の増加がみられていることが 2025 年に報告さ

れた<sup>1)</sup>。本稿は、韓国渡航例における EHEC 感染症の属性や喫食の特徴を把握し、韓国以外の海外渡航症例との比較を通じて韓国への渡航者に対する感染予防策の検討を行った。

症例定義は、感染症発生動向調査において 2018 年 1 月 1 日~2025 年 12 月 31 日に EHEC 感染症と届出された症例のうち、(1) 感染地域欄に「大韓民国」あるいは「韓国」、「ソウル」の記載、または (2) 経口感染欄や備考欄等に韓国渡航歴に関する情報の記載がある者を「韓国渡航例」とした。同一期間において、感染地域欄に渡航先の国・地域が明記されている者、または経口感染欄や備考欄等に渡航先の国・地域に関する情報の記載がある者を「韓国以外の海外渡航例」とした。症例定義のうち、症例が報告された国・地域で最も多かった韓国を含めた上位 5 カ国・地域の渡航者の属性分布について、2026 年 2 月 10 日時点で抽出したデータを用いて比較・検討した。

感染地域欄に国外と報告された EHEC 感染症症例の国または地域は、54 国・地域 (866 例) であった。症例数が最も多い国・地域は韓国 (519 例) であった。これは全症例の 1.8% で、国外感染例の 60.0% を占めた。次いでベトナム (77 例)、フィリピン (32 例)、インド

表. 腸管出血性大腸菌 (EHEC) 感染症における韓国渡航例 (n=544) と韓国以外の海外渡航例 (ベトナム、フィリピン、インドネシア、タイ) の基本属性, 2018年1月1日~2025年12月31日診断

		韓国渡航例 (n=544)		ベトナム渡航例 (n=85)		フィリピン渡航例 (n=36)		インドネシア渡航例 (n=32)		タイ渡航例 (n=35)	
年齢中央値 (範囲)		25 (6-81)		26 (0-74)		22 (1-78)		25.5 (5-55)		29 (8-63)	
		人数	割合	人数	割合	人数	割合	人数	割合	人数	割合
性別	男	149	27%	38	45%	16	44%	14	44%	22	63%
	女	395	73%	47	55%	20	56%	18	56%	13	37%
年代	10歳未満	4	1%	8	9%	2	6%	1	3%	2	6%
	10代	62	11%	8	9%	9	25%	1	3%	2	6%
	20代	290	53%	41	48%	11	31%	19	59%	14	40%
	30代	70	13%	12	14%	6	17%	3	9%	7	20%
	40代	34	6%	8	9%	3	8%	4	13%	3	9%
	50代	49	9%	4	5%	4	11%	4	13%	5	14%
	60代	24	4%	3	4%	0	0%	0	0%	2	6%
	70代以上	11	2%	1	1%	1	3%	0	0%	0	0%
類型	患者	419	77%	48	56%	24	67%	21	66%	23	66%
	無症状病原体保有者	125	23%	37	44%	12	33%	11	34%	12	34%
	死亡者	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
症状 (重複有) (一部未記載)	腹痛	363	67%	36	42%	18	50%	15	47%	20	57%
	水様性下痢	356	65%	38	45%	21	58%	17	53%	16	46%
	血便	193	35%	10	12%	1	3%	3	9%	4	11%
	発熱	110	20%	9	11%	9	25%	5	16%	5	14%
	嘔吐	57	10%	6	7%	1	3%	1	3%	1	3%
	急性腎不全	6	1%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
	溶血性貧血	5	1%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
重症例	HUS	6	1%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
	脳症	1	0%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
	死亡	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%	0	0%
感染原因 感染経路 (重複有)	経口感染	499	92%	52	61%	21	58%	18	56%	20	57%
	接触感染	12	2%	3	4%	1	3%	0	0%	0	0%
	動物・蚊・昆虫	0	0%	1	1%	1	3%	0	0%	1	3%
	不明	37	7%	26	31%	14	39%	10	31%	15	43%
	その他	20	4%	9	11%	4	11%	8	25%	5	14%
「ユッケ」・「生レバー」・「生肉」の記載があった症例※		384	71%	2	2%	1	3%	0	0%	1	3%

※ユッケは馬肉や加熱ユッケ、マグロユッケは除く。生肉は鶏肉、鹿肉、ラム肉、羊肉、ヤギ肉は除く。生レバーは「レバ刺し」、「レバ刺し」、「レバさし」、「レバー刺身」含む

ネシア (31例), タイ (31例) であった。

韓国渡航例の症例数は544例で, その年間症例数の推移は, 2018年32例, 2019年57例, 2020年0例, 2021年0例, 2022年4例, 2023年98例, 2024年176例, 2025年177例であり, 2023年以降, 韓国渡航例の症例数の増加がみられた。

韓国渡航例を含む上位5カ国の基本属性を比較した結果を前ページ表に示す。韓国渡航例は他の4カ国渡航例と比べて女性が多かった。韓国渡航例以外の4カ国渡航例には重症例〔溶血性尿毒症症候群 (HUS) および脳症〕がなかった。また, 韓国渡航例は71%に牛生肉等の記載があったが, 韓国渡航例以外の4カ国渡航例の牛生肉等喫食に関連した記載割合は0-3%で, 韓国渡航例の方が高い割合であった。

韓国渡航例の牛生肉等喫食の割合の推移は2018年23例 (72%), 2019年34例 (60%), 2022年1例 (25%), 2023年62例 (63%), 2024年130例 (74%), 2025年134例 (76%) で, 2023年以降増加していた。2023~2025年における韓国以外の4カ国渡航例 (ベトナム52例, フィリピン12例, インドネシア15例, タイ22例) では, 牛生肉等喫食の記載があった割合は各国とも0-8% (各国各年の症例数: 0-1例) であった。

2023年5月以降, 日本人の出国者数の増加が報告されている<sup>2)</sup>。日本人の韓国渡航者数は2021年以降増加傾向にあり, 2025年は2021年以降最多であった。このような渡航者数の増加が, 韓国渡航例の症例数増加の一因となっている可能性がある。

感染症発生動向調査の届出票の経口感染欄に記載される食材は, 経口感染の原因と確定されているわけではないため, 曝露要因が正確に把握できていない。ただし, 牛生肉等の喫食はEHEC感染のリスクがあるとともに, 重症例につながる事が報告されている<sup>3,4)</sup>。韓国渡航例は牛生肉等の喫食割合が韓国以外の海外渡航例と比較して高い可能性があるため, EHECへの感染リスクを避けるためには, 渡航先での牛生肉等の喫食を避ける行動に繋がる啓発が必要である。厚生労働省<sup>5)</sup>は「海外でも生肉の喫食に注意」のポスターを発行して空港等での注意喚起を行っており, このような啓発の継続が重要と考えられる。

#### 参考文献

- 1) 村井達哉ら, IASR 46: 104-106, 2025
- 2) 株式会社JTB総合研究所, アウトバウンド日本人海外旅行動向  
<https://www.tourism.jp/tourism-database/stats/outbound/>
- 3) Nehoya KN, *et al.*, PLoS ONE 15: e0243828, 2020
- 4) Yahata Y, *et al.*, Epidemiol Infect 143: 2721-2732, 2015
- 5) 厚生労働省検疫所FORTH, 海外での食べ物にご注意ください!

[https://www.forth.go.jp/news/20241101\\_00001.html](https://www.forth.go.jp/news/20241101_00001.html)

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

池田優美 澤 友歌 藤井英里

田才愛子 立花佳弘 中満智史

村井達哉 森 秀哉

応用疫学研究センター

門脇知花 西野綾乃 福住宗久

八幡裕一郎 島田智恵 砂川富正

感染症サーベイランス研究部

高橋琢理 高原 理 神垣太郎

細菌第一部

泉谷秀昌 明田幸宏

#### <特集関連情報>

#### 感染症発生動向調査に届け出された腸管出血性大腸菌感染症における溶血性尿毒症症候群, 2025年

溶血性尿毒症症候群 (hemolytic uremic syndrome: HUS) は腸管出血性大腸菌 (enterohemorrhagic *Escherichia coli*: EHEC) 感染症の重篤な合併症の1つである。本稿では, 2025年に感染症サーベイランスシステムの感染症発生動向調査および病原体検出情報に報告されたEHEC感染症のHUS発症例に関してまとめる。

#### EHEC発生状況 (2026年3月2日現在届出数)

感染症サーベイランスシステムの感染症発生動向調査サブシステムに基づくEHEC感染症の届出数 (2026年3月2日現在届出数) は, 2025年〔診断週が2025年第1~52週 (2024年12月30日~2025年12月28日)〕は4,338例 (うち有症状者2,472例: 57.0%) であった。有症状者の性別は, 男性1,101例, 女性1,371例で, 年齢群・性別にみると0~4歳が271例 (男性133: 女性138), 5~9歳が175例 (同88: 87), 10~14歳が158例 (同89: 69), 15~64歳が1,591例 (同680: 911), 65歳以上が277例 (同111: 166) であった。

#### HUS発症例

EHEC感染症例のうち届出時にHUSの記載があった症例は59例であった。性別は男性15例, 女性44例で, 女性が多かった (1: 2.9)。年齢は中央値が7歳 (範囲: 1-90歳) で, 年齢群別では0~4歳が20例 (33.9%) で最も多く, HUS発症例の年齢は10歳未満が約半数を占めていた。

有症状者 (2,472例) に占めるHUS発症例の割合は全体で2.4%, 年齢群別では0~4歳が7.4%で最も高く, 次いで5~9歳が6.3%の順であった (次ページ図)。

#### EHEC診断方法と分離菌およびO抗原凝集抗体

HUS発症者の診断方法は, 便からの菌の分離が46例 (78.0%), 血清からのO抗原凝集抗体の検出が10例

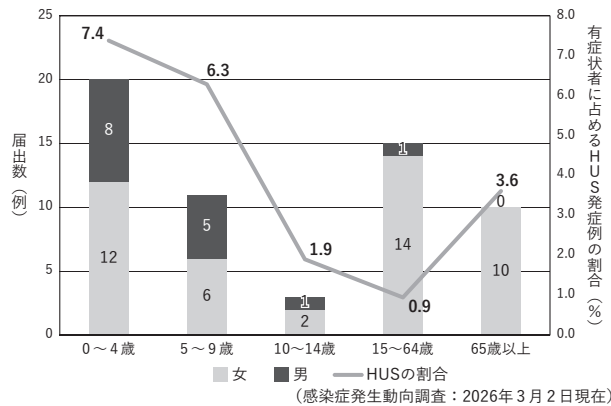


図. 年齢群別HUS発症例届出数と有症状者に占める割合, 2025年 (n=59)

表. HUS発症例における分離菌のO血清群とVT型, 2025年

O血清群	VT型	HUS発症例
O157	VT1&VT2	18
	VT1	1
	VT2	16
	VT (型不明)	6
	小計	41
non-O157	O8	1
	O121	1
	O不明	1
	O不明	2
	小計	5
総計		46

<参考> 菌分離以外の診断によるHUS報告症例  
 血清でのO抗原凝集抗体 10  
 便でのVero毒素の検出 3  
 (感染症発生動向調査: 2026年3月2日現在)

(16.9%), 便からのVero毒素 (VT) 検出が3例 (5.1%)であった (表)。

46例の便から分離された菌のO血清群 (O群) とVT型は, O群別ではO157が41例 (89.1%), O8とO121が各1例 (2.2%) で, VT型ではVT2陽性株 (VT2単独またはVT1 & VT2) が37例 (80.4%)であった。

感染原因・感染経路

確定または推定として報告された感染原因・感染経路 (以下, 重複を含む) は, 経口感染が33例 (55.9%), 接触感染が5例 (8.5%), 動物・蚊・昆虫等からの感染が3例 (5.1%), 「記載なし」または「不明」の報告が22例 (37.3%)であった。経口感染と報告された33例中21例に肉類の喫食の記載があり, うちユッケ2例 (推定感染地域国外: 1例), 生レバー3例 (推定感染地域国外: 2例) の報告があった。

臨床経過 (症状・転帰)

届出に記載されたHUS発症例の臨床症状は, 血便52例 (88.1%), 腹痛52例 (88.1%)が多かった。また痙攣5例 (8.5%), 昏睡3例 (5.1%), 脳症は6例 (10.2%)であった。届出時の死亡は2例 (3.4%)であった。なお届出時以降の死亡は捕捉できず, 過小評価となっている可能性がある。

病原体検出情報 (2026年3月19日現在報告数)

感染症サーベイランスシステムの感染症発生動向調査サブシステムに報告されたHUS発症例から分離さ

れた病原体の一部が病原体検出情報サブシステムに登録されており, 2025年にはHUS症例17例からの報告があった。報告されたO群はO157が16例, O8が1例であった (本号3ページ特集関連資料1)。反復配列多型解析 (multilocus variable-number tandem-repeat analysis: MLVA) 法による解析結果が入力されていた報告は13例であった。その内訳は25m0226: 2例, 20m0043, 20m0185, 23m0161, 23m0311, 25m0079, 25m0157, 25m0182, 25m0204, 25m0265, 25m0277, 25m0290各1例であった。

考察

2025年に届け出られたEHEC感染症の有症状者数 (2,472例) は, 2024年 (2,294例) と比べて178例増加した。有症状者に占めるHUS発症例は59例 (2.4%) で, 2024年の73例 (3.2%) と比べ減少していた。これは, 2012~2024各年のHUS発症例数と割合 [58-112例 (2.6-4.3%)] と比較して低い値であった。

感染原因・感染経路に関する記載では, 2025年においても例年同様「肉類の喫食」が一定数報告され, うちEHEC感染リスクが高い生肉喫食の記載も依然として数例報告されていた。さらに, 推定感染地域が国外の症例においても生肉喫食に関する記載が, 2024年の2例に引き続き2025年も3例認められた。

EHEC感染にともなうHUS等の重症化の機序は不明な点が多いため, EHECの感染そのものを予防することが重要である。EHECの感染予防策としては, 国内外にかかわらず生肉および加熱不十分な肉の喫食を避けること, 基本的な食中毒予防策の実施を励行することが重要である。この他にも, 患者や動物との接触感染予防のための手洗いの実施などの基本的な感染症対策を励行することも大切である。

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

感染症サーベイランス研究部第一室

<特集関連情報>

血清診断およびEHECの分離によるHUS症例の細菌学的確定診断

腸管出血性大腸菌 (EHEC) 感染による重症例である溶血性尿毒症症候群 (hemolytic uremic syndrome: HUS) は国内で年間50-100例報告されている。このうち, EHECが分離されないHUS症例は全体の30-40%であり, これらの症例では患者便中の志賀毒素 (Stx) の検出, または患者血清中の大腸菌 (主としてO157, O26, O111, O121, O145, O165, O103等の国内でHUS症例から分離されるEHECの95%を占めるO群) に対する凝集抗体陽性でEHECによるHUS症例の細菌学的な確定診断となる。

国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所 (感染

研)・細菌第一部で2009～2025年までに実施したHUS患者の血清診断は全163例あり、このうち大腸菌凝集抗体が陽性となった事例は135例であった(陽性率82.8%)。最も陽性数の多かったO群はO157で61%を占めているが、次いで陽性数の多いO群はO111およびO121(いずれも8.5%), O165(7.1%), O145(5.7%)であった。このうち、血清群O165はEHECの総分離数としては10番目に多く、重症例から分離されたEHECとしては7番目に多い(感染研・細菌第一部での集計による)が、EHECの選択分離用として頻用される培地の多くで生育不良であることが報告されており、注意を要する<sup>1)</sup>。当初はEHECが不分離であるとされたHUS症例において、細菌第一部で実施した血清診断でO165抗体陽性となり、同時に実施した便培養(4例)からEHEC O165が分離されている。O165を含め、選択分離培地で生育しないEHECが多数存在することを念頭に、少なくともHUS症例における便培養では選択性の低い培地を併用するなどしてEHECの分離を実施していただくよう、関係各位にお知らせしたい(本知見は感染研と地方衛生研究所の間で毎年開催されている衛生微生物技術協議会の中で開催されるレファレンス会議「大腸菌」や、国立保健医療科学院主催の細菌研修等でも参加者に適宜周知している)。

さらに、細菌第一部で実施したHUS患者の便培養から、これまで3種類の*stx2f*(イムノクロマト法では全く検出されないサブタイプ)陽性株が分離されており、重症例便検体からのEHEC分離にあたっては、すべての*stx*サブタイプが検出可能なPCR系<sup>2)</sup>を用いることが必要である。

HUS症例における血清診断・便検査等のご依頼は随時受け付けております。国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・細菌第一部までご連絡ください(メールアドレス:ehc◇nih.go.jp, ◇はアットマーク)。

#### 参考文献

- 1) 秋吉充子ら, 日本食品微生物学会雑誌 Jpn J Food Microbiol 32: 192-198, 2015
- 2) 国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所, 腸管出血性大腸菌(EHEC)検査・診断マニュアル, 2025年6月改訂版  
<https://id-info.jih.go.jp/manuals/pathogen-detection/EHEC20250619.pdf>

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所細菌第一部

伊豫田 淳 李 謙一 明田幸宏

#### <特集関連情報>

##### 細菌用全ゲノム配列解析ツール「SNPcaster」の開発

近年, 集団感染調査等の病原細菌の追跡においては, 全ゲノム配列(whole-genome sequence: WGS)解析

の活用が世界的に一般化しつつある。WGSは高い識別能を有し, 菌株間の近縁性評価や感染源追跡に有用である一方で, その普及を妨げる要因として情報解析のハードルが挙げられる。細菌ゲノム解析に利用できるオープンソースソフトウェア(OSS)は数多く存在するが, 実際の利用にはコマンドライン操作や情報解析の基礎知識が求められることが多い。また, 依存関係の調整や実行環境の構築を含め, インストール自体が難しい場合も少なくない。一方, 商用ソフトウェアは一般に高価であり, 病原細菌の解析に特化した製品は限られているのが現状である。

こうした課題を解決するために, 病原細菌の全ゲノム配列解析を効率的に実施できるツール「SNPcaster」を開発した。SNPcasterは, BactSNPやSPAdesなど, 実績のある既存プログラムと独自の自動化プログラムを組み合わせ, Docker環境上で利用できるように構築した解析プラットフォームである。ショートリードデータを入力として用い, アセンブリ, 品質評価(QC), 単一塩基多型(SNP)解析までを一連の流れで実行できるよう設計されている。これにより, 利用者は複雑な環境構築や個別ツールの接続を意識することなく, 細菌ゲノム解析を進めることができる。また, NCBI AMRFinderPlusが搭載されており, 薬剤耐性遺伝子に加えて, 一部菌種では病原性遺伝子の検出も可能である。

SNPcasterの利点は, 導入が容易であること, および高精度なSNP抽出が可能であることである。インストールに関しては, Dockerを利用することで, 利用環境ごとの差異を最小限に抑え, 比較的簡便に解析環境を導入できる。また, 利用者向けのマニュアルを整備しており, 初学者でも手順を追って利用しやすいよう配慮している。さらに, 操作やトラブルシューティングを支援する, ChatGPTを利用したAIチャットボット(SNPcaster-GPT, <https://chatgpt.com/g/g-69118b0d42f48191906ba605a540cba8-snpcaster-gpt>)も用意しており, 解析経験が限られる利用者の負担軽減を図っている。加えて, SNPcasterは高精度な解析を実現しており, 実用性と信頼性の両立を目指したツールとなっている。ソフトウェアはGitHub(<https://github.com/leech-rr/SNPcaster>)で無償公開しており, 多くの研究機関や検査機関で活用可能である。

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所細菌第一部

李 謙一 森田昌知 山岸敏明

伊豫田 淳 泉谷秀昌 明田幸宏

東京都健康安全研究センター微生物部

久保田寛顕

富山県衛生研究所細菌部

木全恵子

大阪健康安全基盤研究所微生物部

若林友騎

神戸市健康科学研究所  
 第2衛生研究部 野本竜平  
 沖縄県衛生環境研究所  
 感染症研究センター 柿田徹也  
 九州大学大学院医学研究院  
 細菌学分野 中村佳司

<国内情報>

2025年に富山県で発生した腸管凝集附着性大腸菌による集団食中毒事例について

腸管凝集附着性大腸菌 (*Enteroaggregative Escherichia coli*: EAEC) は、典型的な下痢原性大腸菌カテゴリーに属し、途上国の乳幼児下痢症患者から高頻度に分離されるとされている<sup>1)</sup>。しかしながら、わが国ではEAECによる食中毒および集団発生事例の報告は少なく<sup>2-4)</sup>、自然界におけるEAECの分布も明らかでない<sup>1)</sup>。

2025年10月、富山県内の宿泊施設で井戸水を原因とするEAEC集団食中毒事例が発生したので、その概要を報告する。

事例概要

2025年10月16日、長野県から「富山県に遠征したスポーツチームの複数名が下痢、発熱、嘔吐を呈している」と富山市保健所に連絡があった。その後、同施設を利用した長野県および福井県のチームや、スポーツチーム以外（埼玉県）の利用者も同様に消化器症状を呈していることが判明した。有症者の検便が長野、福井、埼玉3県の管轄保健所において実施され、EAEC Og92:Hg33のみが共通して検出された。

疫学調査の結果、患者数は施設利用者85名のうち60名であった（表）。年齢層別では10～14歳が48名（中央値14歳）、15～19歳が8名（中央値15歳）、20～29歳、30～39歳、40～49歳および50～59歳がそれぞれ1名ずつであった。症状別では、下痢が52名、腹痛が41名、発熱が34名、嘔吐が17名であり（重複あり）、入院例等の重症例はなかった。患者発生が一峰性であり、同一曝露の可能性が推察された。患者らの共通行動は当該施設での11日夕食の喫食のみであったことから、調査

当時、感染源は11日夕食の可能性が高いと考えられた。

10月21日、富山市保健所による当該施設立ち入り検査時、厨房給水栓から採水した井戸水から残留塩素は検出されなかった。食品の残品はなかったため、この井戸水のみが富山県衛生研究所（富山衛研）に搬入された。富山衛研では、富山県水質検査業務管理要綱に準じ、水質検査として一般細菌数、大腸菌数定量および病原性大腸菌定性の項目が実施された。一般細菌数では、井戸水1 mLと標準寒天培地を混釈し、36°Cで24時間静置してコロニーカウントにより生菌数を算出した。大腸菌数定量では、井戸水を100 mL分取し、コリラートと混合してQuanti-Trayに注ぎ、密閉した。36°Cで25時間培養し、大腸菌陽性ウェル数からmost probable number (MPN) を算出した。病原性大腸菌定性では、井戸水3 Lを孔径0.45 μmのメンブレンフィルターでろ過し、フィルター上の沈渣をPBS (-) 10 mLで懸濁した。これを同量ずつ緩衝ペプトン水、mEC培地およびノボビオシン加mEC培地にそれぞれ添加して37°Cで18時間増菌培養した。各増菌培養液をDHL寒天培地およびX-MG寒天培地に塗抹して37°Cまたは42°Cで22時間培養した。大腸菌様コロニーが得られたら、釣菌してDNAを抽出し、マルチプレックスPCR法 (EpAll, ExEC)<sup>5)</sup>にて主要な病原因子を探索した。同時に、鑑別培地を用いて性状確認を行った。一連の井戸水の細菌検査の結果、一般細菌数1.4 × 10<sup>2</sup> CFU/mL、大腸菌数1.0 MPN/100 mLとなり、大腸菌Og92:Hg33が検出された（表）。病原因子は*aggR*遺伝子のみ検出されたことから、本分離菌株はEAECであることが判明した<sup>6)</sup>。したがって、井戸水にEAECが混入していたことが明らかになった。

施設調査結果等

(1) 11日夕食の調理工程

11日夕食では、カレーライス、ささみチーズカツ、ポトフ、バナナおよび千切りキャベツが提供された。千切りキャベツは前日に井戸水で洗浄後、冷蔵庫で保存されたものが当日に提供された。その他のメニューは当日に調理および提供された。食事時には、沸かしたお茶および生水（井戸水）が提供された。利用者らは

表. 患者便および使用水（井戸水）の検査状況 (n=60)

都道府県	設置主体	施設名	患者数	検体	陽性数／ 検体数	血清型*	病原因子 スクリーニング	分離株No. (富山衛研にて附番)
長野県	長野県	上田保健所	19	患者便	7/10	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	EC4418～EC4424
		伊那保健所	17	患者便	9/10	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	EC4425～EC4433
福井県	福井県	坂井保健所	3	患者便	2/3	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	
		丹南保健所	5	患者便	2/4	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	EC4434～EC4448
	福井市	福井市保健所	15	患者便	11/13	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	
埼玉県	川越市	川越保健所	1	患者便	1/1	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	EC4449
富山県	富山県	衛生研究所	0	使用水 (井戸水)	1/1	Og92:Hg33	<i>aggR</i> のみ陽性	EC4417

\*搬入時点でH抗原が未決定であった株は、富山衛研にてHg33と決定した

加熱工程のない千切りキャベツおよび飲料水を介して EAEC を摂取したと考えられた。患者 60 名が 11 日夕食を摂取してから発病までの期間は、24 時間以内が 1 名、48 時間以内が 8 名、72 時間以内 37 名、96 時間以内が 9 名、120 時間以内が 5 名であり、患者の 77% (46/60 名) が 72 時間以内に発病した。潜伏期間および症状が EAEC による食中毒事例とおおむね一致した<sup>1)</sup>。

(2) 施設の管理状況等

給水は、上水道が予備的に整備されているが、通常時は自家用井戸の井戸水が使用されている。地下に埋設された受水槽から高置水槽までポンプで押し上げられる際、井戸水に塩素が注入される。井戸水の水質検査は直近 1 年間実施されていなかったものの、本事例発生直前には業者による殺菌装置の点検が実施されていた。受水槽は、地下に埋設された構造であり<sup>7)</sup>、直近では 2025 年 1 月に槽内清掃が実施されていた。トイレからのし尿は単独処理浄化槽で処理されている。浄化槽は、法定検査未受検であったが、保守点検および清掃は定期的に実施されていた。10 月 24 日に緊急点検を実施した結果、漏水を含めた異常は確認されなかった。調理従事者 2 名は、まかないとして 11 日夕食に同メニューを喫食していたが、事例発生後健康状態には問題がなく、検便および 10 月 21 日立ち入り時の厨房等でのふき取り検査では、EAEC は検出されなかった。

食品衛生法第 60 条の規定により、当該施設を 2025 年 10 月 23~25 日まで営業停止処分とした。危害分析重要管理点 (hazard analysis and critical control point: HACCP) に沿った衛生管理を徹底し、特に井戸水の管理については営業前の残留塩素濃度の確認および記録をつけるよう指導した。

分子疫学的解析

井戸水および患者分離菌株間の同一性を明らかにするため、次世代シーケンス (NGS) による全ゲノム解析を実施した。菌株は各自治体で分離された患者分離菌株および富山衛研で分離された井戸水分離菌株計 33 株を用いた。対照株は EAEC 042 株のコンプリートゲノム配列情報 (NCBI Reference Sequence: NC\_017626.1) を用いた。その結果、全分離菌株間で検出された単一塩基多型 (SNP) 数は最大で 2 カ所であり、これらは非常に近縁であった (図)。疫学情報と照合し、本事例の病因物質は EAEC であることが明らかになった。

考察

本事例の発生原因は消毒不十分な井戸水であったが、井戸水の汚染原因は不明であった。地下受水槽では、事例発生後に清掃および受水槽内面のコーティングが実施された。しかしながら、地下受水槽自体は外部からの点検が困難な構造である<sup>7)</sup> ことから、今後も使用を継続する場合は改善が必要と考えられる。

菌株の同一性を解析する手法として、従来パルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) 法が使用されてき

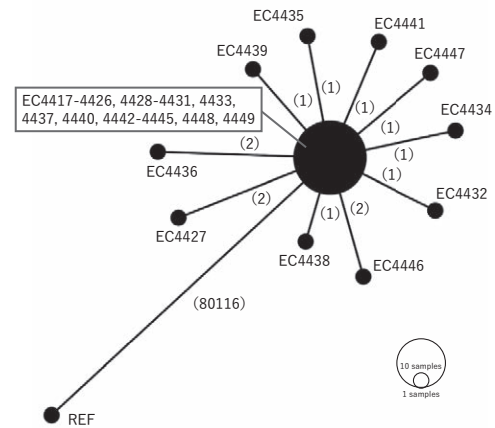


図. 分離菌株のゲノム情報を用いた SNP 解析の結果

たが、製品の販売終了および機器サポートの終了により、代替法が検討されつつある。本解析においては、代替法として全ゲノム解析を実施した。全ゲノム解析は PFGE 法と比較して、より客観的な評価が可能であることから、複数の自治体間での結果共有に有用であった。

わが国において、文献報告されている EAEC 集団食中毒事例数は少なく、井戸水による EAEC 感染事例の報告も少ない<sup>1)</sup>。本事例は井戸水を原因とした EAEC 集団食中毒事例の貴重な報告例である。富山県は地下水源が豊富であり、井戸水を使用する施設が多数存在することから、本事例は富山県において公衆衛生対策を講じるうえで貴重な情報となる。

参考文献

- 1) Jansen BH, *et al.*, Clin Microbiol Rev 27: 614-630, 2014
- 2) Harada T, *et al.*, JJID 60: 154-155, 2007
- 3) Yatsuyanagi J, *et al.*, J Clin Microbiol 40: 294-297, 2002
- 4) Itoh Y, *et al.*, J Clin Microbiol 35: 2546-2550, 1997
- 5) Ito K, *et al.*, Microbiol Immunol 58: 467-473, 2014
- 6) 伊藤健一郎ら, IASR 33: 5-7, 2012
- 7) 公益社団法人鹿児島県薬剤師会試験センター, 地下に埋設されている受水槽を設置 (管理) されている方へ

<https://kayaku.app.box.com/s/mzb3lcxpw0iow4tgrl332vvy96yzzprv>

富山県衛生研究所

齋藤和輝 木全恵子 金谷潤一  
池田佳歩 大島萌愛 清水ひな  
大石和徳

富山市保健所

山田雅俊 瀧波賢治

富山県厚生部生活衛生課

西尾恵美里

長野保健福祉事務所 塚田昌大

松本保健福祉事務所  
 長瀬有紀 (現所属:長野県健康福祉部  
 疾病・感染症対策課)  
 長野県健康福祉部食品・生活衛生課  
 福井秀樹  
 福井市保健所  
 山岸寛明 佐藤一博  
 福井県衛生環境研究センター  
 永田暁洋  
 福井県健康福祉部健康医療局  
 医薬食品・衛生課 橋本年弘  
 川越市保健所 奥野純子 丸山 浩

<国内情報>

血清型別不能事例を含むウェルシュ菌食中毒事例における全ゲノム解析の有用性

はじめに

ウェルシュ菌 (*Clostridium perfringens*) は大量調理施設を原因とする集団食中毒の主要病原菌である。従来の血清型別やパルスフィールドゲル電気泳動 (PFGE) 法では型別不能例や分解能の限界があり、疫学的関連性の評価が困難な場合がある。近年、全ゲノム解析 (WGS) は高分解能な株間比較を可能とする手法として有用性が報告されている<sup>1-3)</sup>。本市で発生した血清型別不能事例に対しWGSを実施し、有用性を検討した。

事例概要および方法

令和7 (2025) 年10月、市内で仕出し弁当を原因食品とする事例が発生した。本事例は疫学調査および検

査結果に基づきウェルシュ菌による食中毒と判断され、行政処分が行われた。患者3群および調理従事者群由来の *C. perfringens* 11株 (*cpe*陽性, Hobbs型別不能) を解析対象とした。Ubuntu環境上で一連のゲノム解析を実施した (図1)。

結果

全株のアセンブリ品質は解析に支障のない水準であった。毒素遺伝子 *colA*, *cloSI*, *nanH*, *plc*, *cpe* および耐性遺伝子 *tetA (P)*, *tetB (P)* が全株で検出され、患者株と調理従事者株で遺伝子プロファイルに差異は認められなかった (表)。multilocus sequence typing (MLST) では全株がST-149, cgMLSTでは全株がcgST-415に分類された。コアゲノム単一塩基多型 (SNP) 解析では最大5 SNP以内であり、全株が極めて近縁であった (図2)。

考察

本事例では従来の血清型別では型別不能であったが、WGSにより株間の遺伝学的近縁性を客観的に評価でき、単一汚染源由来の可能性が強く示唆され、毒素・耐性遺伝子も同時に把握できた。一方、同一ST/cgST内でも多様性が存在し得るため、解析結果は疫学情報とあわせて解釈することが重要である。本解析は一般的なLinux環境で再現可能であり、高度な計算基盤を必要としないことから、地方衛生研究所における実装は十分現実的である。

まとめ

血清型別不能事例に対するWGS解析は、分子疫学的裏付けを与える手法であり、今後の食中毒調査に有用と考えられる。

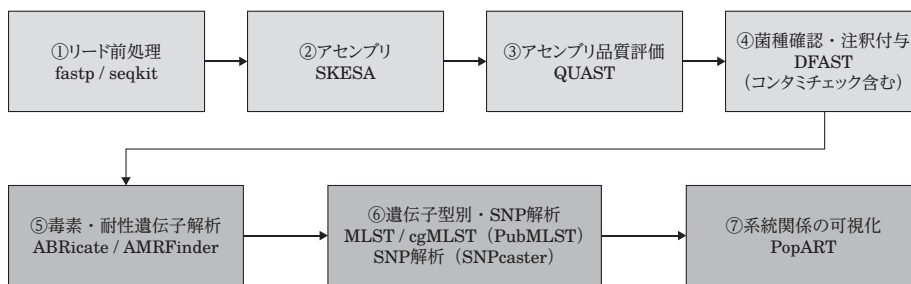
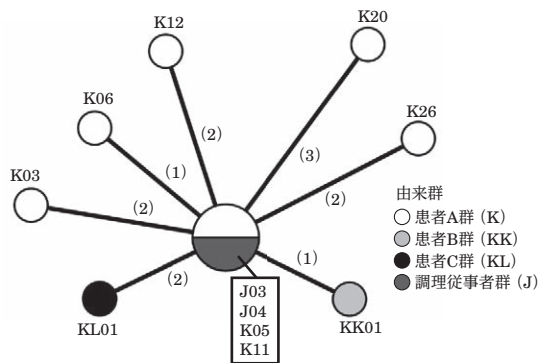


図1. 本事例における全ゲノム解析 (WGS) の解析フロー

表. 患者株および調理従事者株における毒素・耐性遺伝子プロファイル

区分	遺伝子	患者株	調理従事者株
毒素関連遺伝子	<i>colA</i>	+	+
	<i>cloSI</i>	+	+
	<i>nanH</i>	+	+
	<i>plc</i>	+	+
	<i>cpe</i>	+	+
耐性遺伝子	<i>tetA (P)</i>	+	+
	<i>tetB (P)</i>	+	+

※ 解析対象11株すべてで同一の遺伝子プロファイルを示した + : 検出あり



○: 菌株 (ノード) を示す 線上の ( ) 内の数字: 菌株間のSNP差異数  
 図2. コアゲノムSNPに基づくハプロタイプネットワーク

倫理的配慮

本解析は行政検査の一環として分離株を対象に実施したものであり、個人情報扱う研究には該当しない。

謝辞：本事例におけるゲノム解析手法の構築にあたっては、「地方衛生研究所におけるゲノム検査等に係る人身体制及び人材育成法を確立するための研究」(研究代表者：貞升健志)におけるゲノムデータ解析研修の内容を参考にした。また、SNP解析には国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・細菌第一部により公開されているSNPcasterを活用した。

参考文献

- 1) Kiu R, *et al.*, *Microb Genom* 5: e000297, 2019
- 2) Wu L, *et al.*, *Curr Res Food Sci* 11: 101149, 2025
- 3) Saito K, *et al.*, *JJID* 78: 47-50, 2025

宇都宮市衛生環境試験所

若月 章 高橋祐子 長島史子  
竹村明紀 安野良一 中田友理  
関 哲

<国内情報>

魚類に寄生する粘液胞子虫の関与が疑われる有症事例の発生状況について

目的

静岡市では、魚類に寄生する *Kudoa* 属の粘液胞子虫が原因と疑われる有症事例が、2016年以降3件発生している<sup>1)</sup>。粘液胞子虫に関しては、病原性を疑われているものが数種ある<sup>2)</sup>が、すでに食中毒の病因物質

に指定されている *Kudoa septempunctata* 以外は実態が明らかではないため、調査を実施した。

方法

2025年3月、粘液胞子虫の関与が疑われた有症事例の有無等について、全国の都道府県、政令市、保健所設置市に照会した。対象期間は2020~2024年までの5年間とし、141の自治体の回答を集計した。

結果

対象期間において事例が最も多かったのが *Kudoa iwatai* で、32件(患者数350人)であった(図)。2020年以降、4-6件/年の発生があり、2024年は13件(同155人)であった。地域別では、中部地方の19件(同188人)が最多で、次いで中国・四国地方の6件(同91人)であった(表)。北海道地方、東北地方、九州地方では発生がなかった。報告された事例で提供されていた魚種は、サワラが15件、スズキ(セイゴを含む)およびタイ・マダイがそれぞれ10件であった。季節を問わず発生があったものの、12月が7件で最も多く、7~12月で全体の7割を占めていた。

行政対応については、32件のうち、食中毒として報告された事例が6件、有症苦情として処理された事例が26件であった。前者に関して、残品から *K. iwatai* が検出(顕微鏡または遺伝子)された事例が4件、患者検便から検出(遺伝子)された事例が1件、いずれからも検出されていない事例が1件で、すべての事例が病因物質は不明とされていた。後者では、残品から検出された事例が15件、患者検便から検出された事例が11件で、うち5件は残品と検便の両方から検出されていた。

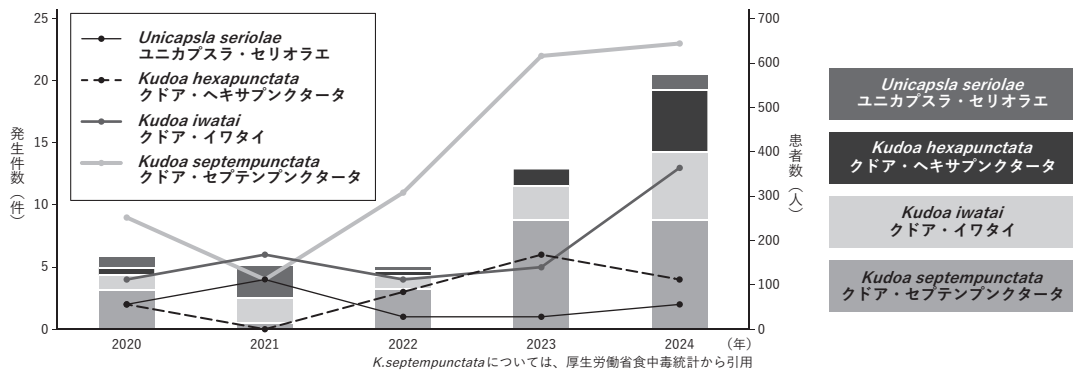


図. 年次別の有症事例の発生状況, 2020~2024年

表. 地域別の有症事例の発生件数, 2020~2024年

原因物質 (推定)	事例数 (患者数)	7地方区分						
		北海道	東北	関東	中部	近畿	中国・四国	九州
<i>Kudoa iwatai</i>	32 (350)	0 (0)	0 (0)	2 (15)	19 (188)	5 (56)	6 (91)	0 (0)
<i>Kudoa hexapunctata</i>	15 (206)	0 (0)	1 (111)	2 (4)	5 (40)	1 (5)	6 (46)	0 (0)
<i>Unicapsla seriolae</i>	9 (136)	0 (0)	0 (0)	1 (11)	1 (18)	0 (0)	4 (61)	3 (46)
<i>Kudoa septempunctata</i>	69 (684)	0 (0)	3 (37)	3 (43)	11 (142)	9 (62)	19 (182)	24 (218)

*K.septempunctata*について厚生労働省食中毒統計から引用

その他の粘液胞子虫では, *Kudoa hexapunctata*に関する事例が15件(患者数206人), *Unicapsla seriola*に関する事例が9件(同136人)発生していた。*K. septempunctata*以外の粘液胞子虫については, 検査体制が整っていない自治体もあった。

### 考察

粘液胞子虫の中では, *K. iwatai*が関与する事例が最も多く, 特に中部地方で有意に多く発生していることが示唆された。また, 同期間の *K. septempunctata* による食中毒は69件(患者数684人)<sup>3)</sup>であり, 集計方法が異なるため単純比較はできないが, 半数近くに及ぶ事例が発生していた。発生件数の推移をみると2024年が最も多かったが, コロナ禍の影響で, 2020~2022年頃までは食中毒件数自体が減っていたことも考慮しなければならない。

*K. iwatai*は多様な食用魚種に寄生するが, 魚の身に目視できるシストを作るという特徴がある。当市では, 予防啓発による防止効果が高いと考え, チラシの配布やYouTube動画の配信など, 機をみて啓発に努めている。その他の粘液胞子虫は目視で判別できないため, 発生件数は比較的少ないものの, 生鮮で生食する限り予防対策が困難である。被害を少しでも軽減するためには, 有症事例の発生状況の分析や, 寄生魚種の汚染率や分布域を明らかにすることに加え, 流通段階における簡便な検出方法の開発など, さらなる調査研究が望まれる。

本調査にご協力いただいた全国自治体の関係部署の皆様へ深く感謝いたします。

### 参考文献

- 1) 浅沼貴文ら, IASR 43: 97-99, 2022
- 2) 八木田健司, IASR 46: 12-13, 2025
- 3) 厚生労働省食中毒統計

静岡市保健所食品衛生課

浅沼貴文 山崎朝子 高橋直人

中川美乃里 佐藤征教(現・中央卸売市場)

## <国内情報>

### 全国市町村における高齢者肺炎球菌ワクチン定期予防接種の実態調査

#### 背景

わが国の予防接種法において, 高齢者の肺炎球菌感染症に対する予防接種は定期接種(B類疾病)に位置付けられている。2014年10月1日より, 23価肺炎球菌荚膜ポリサッカライドワクチン(PPSV23, ニューモバックス®NP)による65歳以上を対象とした定期接種が開始された。B類疾病では, 市町村の接種勧奨や対象者に接種の努力義務はなく, 接種には一定の自己負担が生じる。そのため, 実施主体である市町村により接種対象者への個別通知の有無や自己負担額は異なるが, その

実態は明らかでない。PPSV23による定期接種開始後10年以上が経過したが, 国内の65歳相当の定期接種率はおおむね40%未満である<sup>1)</sup>。そこで, 市町村による高齢者肺炎球菌ワクチンの定期接種事業実施状況を把握し, 定期接種率との関連を明らかにすることとした。

### 方法

調査対象は全国の市町村(n=1,741)とした。調査項目は(1)2020~2023年度における65歳相当の定期接種率, (2)個別通知の有無, (3)自己負担額, (4)任意接種への公費助成(定期接種機会を逃した高齢者を対象とした接種機会の再提供)の有無, の4項目とした。(1)はe-statで公開される65歳相当の接種者数(厚生労働省, 地域保健・健康増進事業報告)と人口(総務省, 住民基本台帳に基づく人口, 人口動態および世帯数調査)から算出した。なお, 各年の市町村別65歳人口を取得できなかったため, [“60歳~69歳人口”/10]を65歳人口として代用した。(2)-(4)はホームページ等公開情報から収集し, 確認できなかった市町村は, 郵送により調査を行った。また, 定期接種率が高い市町村(65歳人口200人以上, 接種率60%以上)に対しては接種率向上のための取り組みを電話で聴取した。

本調査は富山県衛生研究所倫理審査委員会の承認を得て実施した(受付番号: R6-8)。

### 結果

調査項目の(1)-(4)すべての情報が把握できた1,538市町村(88.3%)を解析対象とした。都道府県別の平均定期接種率は,  $38.9 \pm 4.9\%$ であった。市町村別では  $37.7 \pm 11.1\%$ であり, 定期接種率が20%以下の市町村が96市町村(6.2%)あった(次ページ図1)。個別通知を実施する市町村は1,346市町村(87.5%)あり, 自己負担額の中央値(四分位範囲)は3,000(2,200-4,000)円であった。また, 任意接種への公費助成を実施する市町村は291市町村(18.9%)あった。個別通知を実施している市町村の平均定期接種率( $39.3 \pm 9.7\%$ )は, 実施していない市町村( $26.6 \pm 13.6\%$ )と比較して, 12.7%高かった( $P < 0.001$ , 次ページ図2-A)。また, 自己負担額と定期接種率に弱い負の相関(スピアマンの順位相関係数:  $R_s = -0.320$ ,  $P < 0.001$ )が認められた(次ページ図2-B)。任意接種への公費助成をする市町村の平均定期接種率( $33.8 \pm 14.2\%$ )は, 実施しない市町村( $38.6 \pm 10.0\%$ )と比較して4.8%低かった。また, 重回帰解析を行い, 個別通知の有無や自己負担額など, 各項目間の影響を考慮しても同様の傾向であった(データ未掲載)。定期接種率が高い9市町村に接種率向上の取り組みを聴取した結果, 9市町村すべてで個別通知を実施しており, そのうち6市町村では未接種者に再通知を実施していた。

### 考察

2020~2023年度に実施した本調査において, 1,538市町村(全国の88.3%)の高齢者肺炎球菌ワクチン定期

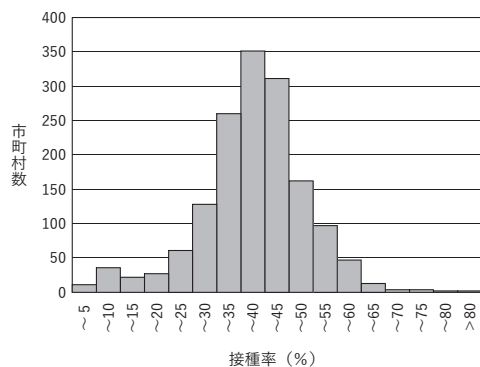


図1. 市町村別高齢者肺炎球菌ワクチン定期接種率の分布

接種率は不均一であり、個別通知を実施する市町村では定期接種率が有意に高いことを明らかにした。2015年度の定期接種率を評価した先行研究においては、1,010市町村（全国の58.0%）のうち84.8%が個別通知を実施し、定期接種率が高かった所見は本調査結果と矛盾しない<sup>2)</sup>。高齢者の肺炎球菌ワクチンとインフルエンザワクチンの接種行動を評価した横断研究では、未接種の理由として、“肺炎球菌ワクチンを知らない”が未接種者の3割を占めていた<sup>3)</sup>。本調査における接種率が高い市町村の多くが再通知を実施している結果からも、“肺炎球菌ワクチン接種を知らせる”ことが接種率向上に重要と考えられた。また、多くの市町村が接種対象者に個別通知を行っているにもかかわらず、定期接種率が低迷している現状については、対象者の費用負担が接種行動の制限になっている可能性が考えられた。2026年4月から、高齢者の肺炎球菌感染症に対する定期接種ワクチンが20価肺炎球菌結合型ワクチンに切り替わった。従来の23価肺炎球菌莢膜ポリサッカライドワクチンと比較して、含有血清型に対する高い発症予防効果が期待されるが<sup>4,5)</sup>、自己負担額の上昇が予想されることから接種率の低下が懸念される。ワクチンの有効性、安全性を踏まえ、かかりつけ医による医学的観点での接種勧奨がこれまで以上に重要となる。

謝辞：本調査にご協力いただいた市町村の予防接種事業の関係各位に深謝いたします。

#### 参考文献

- 厚生労働省, 定期的予防接種実施者数  
<https://www.mhlw.go.jp/topics/bcg/other/5.html>
- Murakami Y, *et al.*, BMJ Open 9: e030197, 2019
- Sato K, *et al.*, J Epidemiol 32: 401-407, 2022
- 厚生労働省, 第64回厚生科学審議会予防接種・ワクチン分科会, 資料1-2  
<https://www.mhlw.go.jp/content/10900000/001654124.pdf>
- 国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所, 成人用肺炎球菌ワクチンファクトシート  
<https://id-info.jihs.go.jp/immunization/basics/>

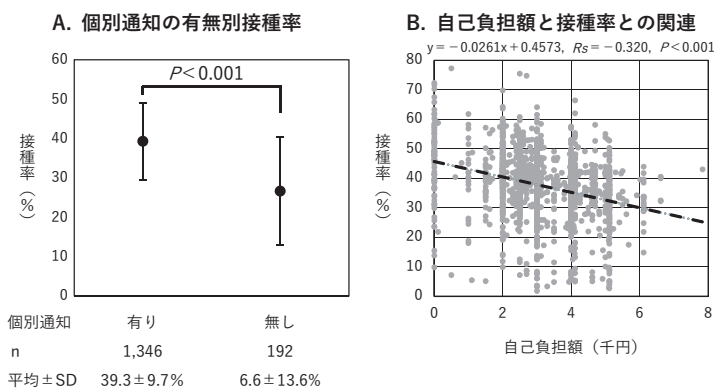


図2. 市町村別定期接種率と事業実施状況との関連

facts-sheets/Pneumococcal\_20250704.pdf

富山県衛生研究所

前西絵美 田村恒介

高田真衣（現・富山県立中央病院検査科）

中崎美峰子 高橋 敏 神吉絹子

笹島 仁 大石和徳

#### <国内情報>

#### カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (carbapenem-resistant Enterobacterales: CRE) 病原体サーベイランス, 2024年

カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE) 病原体サーベイランスは、通知（健感発0328第4号、2017年3月28日）に基づき実施されている。検体採取日が2024年1月1日～12月31日として病原体検出情報サブシステムに登録された株のうち、保菌例などCRE感染症届出患者以外からの分離株である旨が明記された株を除く1,872株（2026年2月2日現在）の概要を示す。

1,872株のうち、1,846株（98.6%）には発生動向調査届出患者由来であることを示す発生動向報告IDの記載があり、CRE感染症届出患者1,802名由来（うち40名は複数菌株分離）と考えられた。発生動向報告IDの記載がない残る26株（1.4%）にも届出患者分離株が含まれるが、その数は不明である。検査実施状況の指標として、1,872株を2024年のCRE感染症の発生動向調査届出（患者報告）数2,277例（感染症発生動向調査速報）で除した報告率は82.2%であった。

1,872株の分離検体は、尿（ $n = 540$ , 28.8%）、血液・髄液（ $n = 459$ , 24.5%）、呼吸器検体（ $n = 363$ , 19.4%）、腹腔内検体（ $n = 152$ , 8.1%）、皮膚・軟部組織検体（ $n = 115$ , 6.1%）、穿刺液（ $n = 98$ , 5.2%）、菌種は、*Klebsiella aerogenes*（ $n = 731$ , 39.0%）、*Enterobacter cloacae* complex（ $n = 540$ , 28.8%）、*Klebsiella pneumoniae*（ $n = 247$ , 13.2%）、*Escherichia coli*（ $n = 127$ , 6.8%）、*Serratia marcescens*（ $n = 68$ , 3.6%）、*Citrobacter freundii*（ $n = 45$ , 2.4%）、*Klebsiella oxytoca*（ $n = 31$ , 1.7%）の順に多く、検体の種類および上位5菌種

の順は2017年以降<sup>1-7)</sup>変わらない。

表1に、地方衛生研究所等で実施された各検査数と陽性数を示す。1,872株のうち、カルバペネマーゼ遺伝子陽性株は273株(14.6%)であった。この割合は、CRE病原体サーベイランス開始以降最も低かった2023年の13.3%<sup>7)</sup>に次いで2番目に低かった。273株のうち、3株は複数の遺伝子が陽性となった。内訳は、NDM型とOXA-48型、NDM型とKPC型、IMP型とGES型が各1株である。また、VIM型1株(塩基配列決定による遺伝子型はVIM-1)が、CRE病原体サーベイランス開始以来、はじめて報告された。

IMP型陽性195株の菌種は、*E. cloacae* complex (n=87, 44.6%), *K. pneumoniae* (n=50, 25.6%), *E. coli* (n=29, 14.9%), *C. freundii* (n=12, 6.2%), *K. oxytoca* (n=11, 5.6%), *S. marcescens* (n=3, 1.5%), および *K. aerogenes*, *Klebsiella variicola*, *Providencia* sp.

各1株であった。IMP型カルバペネマーゼ遺伝子の塩基配列が決定された115株(23道府県)の内訳と報告地域は、IMP-1が79株(19道府県)で全ブロックから、IMP-6は34株(9道府県)であり、近畿(n=20)、中国四国(n=8)、東海北陸(n=5)、九州沖縄(n=1)から報告された。それ以外に、関東甲信静よりIMP-11とIMP-14が各1株報告された。

IMP型はカルバペネマーゼ遺伝子陽性株の大半を占める遺伝子型であり、その割合は2021年までは9割前後で推移していた。しかし、2022年以降IMP型の占める割合が低下し<sup>8)</sup>、2024年には約7割(71.4%)となった。

一方、NDM型、KPC型、OXA-48型陽性株はあわせて76株であり、カルバペネマーゼ遺伝子陽性株(n=273)の27.8%を占めた。76株のカルバペネマーゼ遺伝子型および菌種の内訳を表2に示す。76株は71名より分離され、うち63名(88.7%)は海外渡航歴なし、もし

表1. 病原体検出情報サブシステム報告対象の各検査数と陽性数, 2024年

		検体採取期間	2024年1~12月 (n=1,872)			
		検査項目	検査実施機関数**	検査数 (%)	陽性数* (%***)	
原則実施	遺伝子検査	IMP型	76	1,872 (100.0)	195 (10.4)	
		NDM型	76	1,872 (100.0)	61 (3.3)	
		KPC型	76	1,872 (100.0)	9 (0.5)	
		OXA-48型	76	1,872 (100.0)	8 (0.4)	
	表現型検査	メタロ-β-ラクタマーゼ試験	76	1,872 (100.0)	255 (13.6)	
		ポロン酸試験	76	1,872 (100.0)	284 (15.2)	
推奨	遺伝子検査	VIM型	65	1,577 (84.2)	1 (0.1)	
		GES型	63	1,490 (79.6)	1 (0.1)	
		IMI型	33	524 (28.0)	1 (0.2)	
		KHM型	31	615 (32.9)	0 (0.0)	
		SMB型	30	560 (29.9)	0 (0.0)	
		FRI型****	20	160 (8.5)	0 (0.0)	
	表現型検査	CarbaNP test*****	21	230 (12.3)	32 (13.9)	
		CIM*****	56	1,023 (54.6)	158 (15.4)	
	いずれかのカルバペネマーゼ遺伝子陽性			1,872	273 (14.6)	

\*複数のカルバペネマーゼ遺伝子陽性株は、陽性となった遺伝子それぞれに計上した  
 \*\*その検査項目結果を1株でも報告した地方衛生研究所等の検査実施機関数、検査項目は2017年3月通知(健感発0328第4号)に基づく  
 \*\*\*検査株数に対する陽性率(%)  
 \*\*\*\*FRI型は、2023年3月の病原体検出情報サブシステム更改時に結果入力欄が追加された  
 \*\*\*\*\*CarbaNP test, CIMの少なくとも一方が実施された株は60施設1,148株(全体の61.3%)、カルバペネマーゼ遺伝子非検出株に絞ると58施設997株(非検出株の62.4%)

表2. NDM型, KPC型, OXA-48型陽性株の概要 (n=76), 2024年

分離患者の海外渡航歴(株数) 菌種別(株数)	NDM型 (n=61)**)							KPC型 (n=9*)		OXA-48型 (n=8**)					
	NDM-1	NDM-4	NDM-5	NDM-7	NDM-9	NDM-13	NDM-16b	型別情報なし	KPC-2	型別情報なし	OXA-48	OXA-181	OXA-244	OXA-484	型別情報なし
渡航歴なし・不明 (n=68)	8	2	22**	3	1	1	1	18	2	5	1	1	1	0	3**
菌種別内訳															
<i>Escherichia coli</i> (n=43)	1	2	18	1	1	1	1	13	0	0	1	1	1	0	2
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (n=15)	3	0	1**	1	0	0	0	3	2	5	0	0	0	0	1**
<i>Enterobacter cloacae</i> complex (n=6)	3	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Citrobacter freundii</i> (n=1)	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Klebsiella aerogenes</i> (n=1)	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Klebsiella aerogenes</i> (n=1)	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Klebsiella variicola</i> (n=1)	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
渡航歴あり (n=8)	0	0	3*	1	0	0	0	1	1*	1	0	0	0	1	1
菌種別内訳															
<i>Escherichia coli</i> (n=6)	0	0	2	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (n=1)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
<i>Klebsiella oxytoca</i> (n=1)	0	0	1*	0	0	0	0	0	1*	0	0	0	0	0	0

\*うち1株は、NDM-5とKPC-2の両方を有する株(それぞれの遺伝子型に計上)  
 \*\*うち1株は、NDM-5とOXA-48型の両方を有する株(それぞれの遺伝子型に計上)

くは不明の患者であった。海外渡航歴なし・不明患者由来株の報告地域は、2018年の12都道府県<sup>9)</sup>、2023年の17都道府県から、2024年には25都道府県へと拡大している。

NDM型カルバペネマーゼ産生菌は世界的に増加傾向であり、米国疾病予防管理センター (CDC) からその急増が報告されるなど世界的な懸念となっている<sup>10)</sup>。わが国でもその検出数の増加が顕著であり、*E. coli*に限っては2024年にNDM型陽性株数 (n = 42) がIMP型株数 (n = 29) を大きく上回った。これまでIMP型が大半を占めていたわが国においても、渡航歴の有無を問わず多様なカルバペネマーゼ遺伝子が検出されており、カルバペネマーゼの型別同定の重要性が高まっていると考えられた。

#### 参考文献

- 1) IASR 39: 162-163, 2018
- 2) IASR 40: 157-158, 2019
- 3) IASR 42: 123-124, 2021
- 4) IASR 43: 215-216, 2022
- 5) IASR 44: 130-131, 2023
- 6) IASR 45: 129-130, 2024
- 7) IASR 47: 52-54, 2026
- 8) 松井真理ら, IASR 46: 26-28, 2025
- 9) IASR 40: 158-159, 2019
- 10) CDC, CDC Report Finds Sharp Rise in Dangerous Drug-Resistant Bacteria (アクセス日: 2026年2月27日)  
<https://www.cdc.gov/media/releases/2025/2025-cdc-report-finds-sharp-rise-in-dangerous-drug-resistant-bacteria.html>

国立健康危機管理研究機構  
国立感染症研究所  
薬剤耐性研究センター  
感染症サーベイランス研究部  
全国地方衛生研究所

#### <国内情報>

#### マクロライド耐性百日咳菌と *Bordetella holmesii* 共感染の2症例 — 神戸市

##### はじめに

本邦における百日咳は、感染症法に基づき、百日咳菌によって起こる急性の気道感染症と定義されている。一方で、百日咳菌の類縁菌であるバラ百日咳菌や *Bordetella holmesii* もヒトに百日咳様症状を引き起こすことが知られており、検査診断における病原体の鑑別が必要となっている。これまでの国内サーベイランスでは、百日咳患者から百日咳類縁菌が低頻度であるものの検出されている<sup>1)</sup>。また、2010~2011年に宮崎県で発生した百日咳の集団事例においては、百日咳

様症状を呈した複数の患者から *B. holmesii* が検出されたことが報告されている<sup>2)</sup>。今回、神戸市において2025年の百日咳流行中に、マクロライド耐性百日咳菌 (MRBP) と *B. holmesii* の共感染を認めた2症例を検出したため、その詳細について報告する<sup>3)</sup>。

##### 共感染症例1

症例1 (2025-O-90) は、2025年3月に市内クリニックにてBioFire® SpotFire® Rパネル (ビオメリュー・ジャパン株式会社) (以下、Rパネル) により百日咳と診断された。神戸市健康科学研究所へ搬入された鼻腔ぬぐい検体からDNA (スワブ由来DNA) を抽出し、各遺伝子検査を実施した (次ページ表1)。4Plex real-time PCRにおいては、百日咳菌の標的であるIS481のみが陽性となり、Loopamp 百日咳菌検出試薬キットD (栄研化学) によるLAMP法でも百日咳菌陽性を確認した<sup>4)</sup>。また、23S rRNA遺伝子のシーケンス解析<sup>5)</sup> によりA2047G変異が検出され、百日咳菌感染株がMRBPであることが推定された。しかしながら、培養検査では、百日咳菌は分離されず、*B. holmesii* が分離された。分離された *B. holmesii* は、Etestを用いた薬剤感受性試験では、エリスロマイシン、クラリスロマイシン、アジスロマイシンの最小発育阻止濃度はそれぞれ、0.125 µg/mL、0.38 µg/mL、0.064 µg/mLであった。

そこで、Rパネルにおける *B. holmesii* との交差反応性について検討した。Rパネルは百日咳菌の *fim2* 遺伝子を標的としているが<sup>6)</sup>、分離した *B. holmesii* 株については、PCRにより *fim2* 遺伝子を保有していないことを確認した。さらに、*B. holmesii* 株のDNAを含浸させた綿棒を検体としてRパネルで測定した。その結果、*B. pertussis* Tohama I株のDNAを含浸させた綿棒は百日咳菌陽性と判定された一方、*B. holmesii* 株のDNAを含浸させた綿棒は陰性であった。以上より、Rパネルにおいて百日咳菌と *B. holmesii* との交差反応性は認められなかった。

さらに、4Plex real-time PCRでは *recA* 遺伝子が *B. holmesii* の標的となっているが、本症例では陰性であった。そこで、スワブ由来DNAから *B. holmesii* を検出する目的で、*B. holmesii* 特異的LAMP法および *B. holmesii* IS1001-like (hIS1001) 配列を標的としたqPCR (以下、hIS1001-qPCR) を実施した<sup>7)</sup>。その結果、LAMP法は陰性であったが、hIS1001-qPCRは陽性を示した (次ページ表2)。以上の結果から、本症例はMRBPと *B. holmesii* の共感染であったことが確認された。

##### 共感染症例2

共感染症例の後方視的調査として、2025年1~7月までの期間に、神戸市健康科学研究所へ搬入された百日咳患者または疑い患者の鼻腔ぬぐい検体181検体について、hIS1001-qPCRを実施したところ、さらにもう1検体 (2025-O-97) が陽性となった (次ページ表2)。当該検体からは培養検査で百日咳菌のみが分離され、

表1. 各遺伝子検査法のターゲット

Target	4PlexリアルタイムPCR		LAMP法 (Loopamp 百日咳菌検出試薬キットD)		<i>B. holmesii</i> 特異的LAMP法	BioFire® SpotFire® Rパネル	<i>B. holmesii</i> IS1001-like qPCR
	IS 481	recA	ptxP #1	recA		fim2 #2	hIS 1001
<i>B. pertussis</i>	+	-	+	-		+	-
<i>B. holmesii</i>	+	+	-	+		-	+

#1: 百日咳毒素遺伝子プロモーター領域, #2: 線毛構成タンパク遺伝子

表2. マクロライド耐性百日咳菌と *Bordetella holmesii* 共感染の2症例の患者情報および検査結果 (参考文献<sup>3)</sup> の改変)

患者No.	年齢	性別	ワクチン接種歴	発症日	百日咳菌				<i>B. holmesii</i>							
					4Plex real-time PCR IS 481 (Ct)	LAMP法	培養	23S rRNA gene sequence	4Plex real-time PCR		singleplex qPCR	LAMP法	培養			
									IS 481 (Ct)	recA (Ct)	hIS1001#1 (Ct)					
2025-O-90	12歳	女	DPT (4回)	2025/3/20	+	(32.5)	+	-	A2047G	+	(32.5)	-	+	(31.4)	-	+
2025-O-97	9歳	女	DPT-IPV (4回)	2025/3/26	+	(37.6)	NT	+	A2047G	+	(37.6)	-	+	(36.3)	-	-

DPT: diphtheria-pertussis-tetanus, IPV: inactivated polio vaccine, NT: not tested

#1: プライマーとプローブ (Cy5/BHQ3) の最終濃度はそれぞれ300nMと150nMである。スワブ由来DNAを4μL添加し、総反応量25μLで、既報<sup>7)</sup> に準じて、45サイクルのsingleplex qPCRを実施した

エリスロマイシン, クラリスロマイシン, アジスロマイシンの最小発育阻止濃度が > 256 μg/mL と高度耐性を示した。以上の結果より, 2例目の共感染であったと推定された。

考察

2025年の百日咳流行下において, 神戸市ではMRBPと *B. holmesii* の共感染が2症例確認された。宮崎県の *B. holmesii* の事例では, ヒト間伝播の可能性が示唆されている<sup>2)</sup>。今回の共感染2症例の発症日は6日の差しかなく, 学年は異なるものの同一小学校に通学していたことから, 学校コミュニティ内でMRBPと *B. holmesii* が同時に流行していたことが示唆された。

本研究の2症例では, 4Plex real-time PCRにおける *B. holmesii* の標的遺伝子である *recA* はいずれも陰性となり, 同法では *B. holmesii* 感染を検出することができなかった。一方, 分離された *B. holmesii* は全ゲノム解析の結果, *recA* は1コピーのみ有するのに対し, hIS1001は68コピー有することが明らかとなった<sup>3)</sup>。このことから, hIS1001配列を標的としたqPCRは, *B. holmesii* をより高感度に検出できることが示唆された。以上の結果より, より正確な疫学的サーベイランスを実施するために, hIS1001を標的にした *B. holmesii* 検出系の導入を検討する必要があると考えられた。

謝辞: 検体提出にご協力いただいた神戸市内医療機関および神戸市保健所保健課の皆様へ深謝いたします。また, *B. holmesii* 特異的LAMP試薬をご提供いただいた, 国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・細菌第二部第一室・大塚菜緒先生に深謝いたします。

参考文献

1) Kamachi K, *et al.*, New Microbes New Infect 8: 70-74, 2015  
 2) Kamiya H, *et al.*, Emerg Infect Dis 18: 1166-1169, 2012  
 3) Komatsu S, *et al.*, Research Connections 1:

vmag011, 2026

<https://doi.org/10.1093/rescon/vmag011>

4) 国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所, 病原体検出マニュアル 百日咳 第4.0版  
<https://id-info.jihs.go.jp/manuals/pathogen-detection/Pertussis20240327.pdf>  
 5) Wang Z, *et al.*, Clin Microbiol Infect 20: O825-O830, 2014  
 6) bioMérieux, BIOFiRE SPOTFiRE Respiratory (R) Panel  
<https://www.biofiredx.qarad.eifu.online/ITI/JP/all?keycode=ITI1013>  
 7) Tatti KM, *et al.*, J Clin Microbiol 49: 4059-4066, 2011

神戸市健康科学研究所  
 第2衛生研究部

小松頌子 岩本智花 中西典子  
 たかのこどもクリニック  
 高野智子