研究期間
R6～R8

長野県内における感染症原因菌の分離状況を把握します

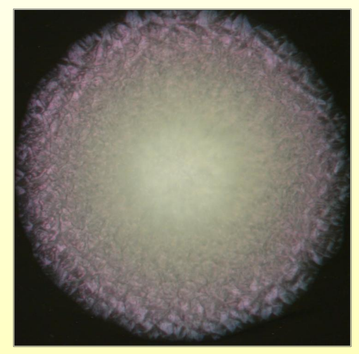
～レジオネラ属菌をはじめとする感染症原因菌の分子疫学的解析等に関する研究～

長野県環境保全研究所 感染症部

長野県内で検出されたレジオネラ属菌等の感染症原因菌について、分子疫学的解析を実施することで、県内の傾向を把握して健康被害の拡大防止につなげます。

なぜ研究が必要なの？

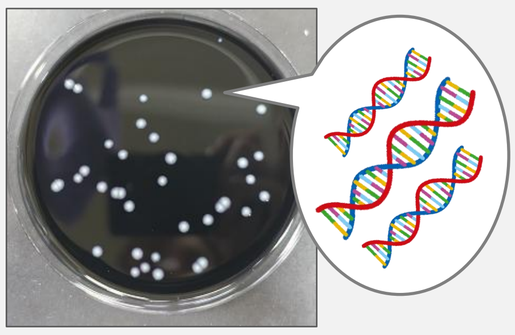
- レジオネラ症は、レジオネラ属菌を含んだ水や土を吸い込むことで感染しますが、全国では入浴施設等を原因とした集団発生が度々発生しています。
- 患者や患者が利用した入浴施設などからレジオネラ属菌が分離された場合は、その菌株の分子疫学的解析を行うことで、感染経路を推定します。
- レジオネラ属菌の分子疫学的解析の方法として、世界的に普及しているSequance-based typing（SBT）法を取り入れます。



Legionella pneumophila のコロニー外観（集落辺縁部がモザイク・カットグラス様）
参照：国立健康危機管理研究機構 感染症情報提供サイト

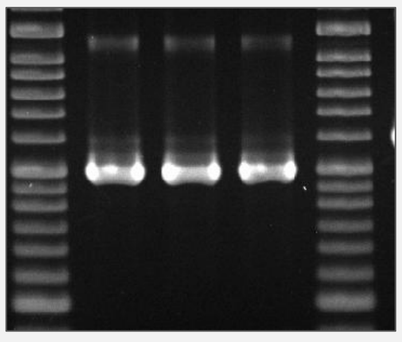
どうやって把握するの？

抽出



感染症発生動向調査等で搬入された検体から病原体の遺伝子を抽出します。

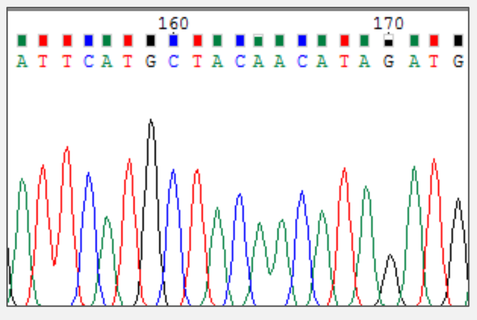
PCR



（電気泳動で遺伝子が増えたか確認）

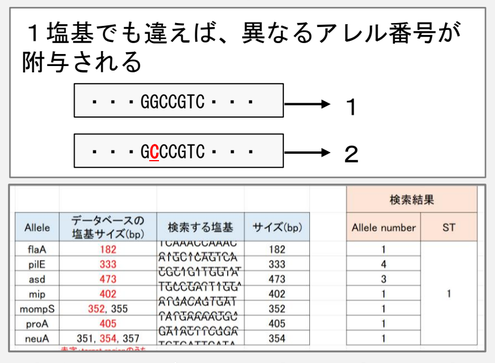
レジオネラ属菌のSBT法では、７つの遺伝子領域をPCRで増やします。

シーケンス



各領域の遺伝子配列をシーケンサーで読み取ります。

解析



Allele	データベースの塩基サイズ(bp)	検索する塩基	サイズ(bp)	Allele number	ST
flaA	182		182	1	
pilE	333		333	4	
asd	473		473	3	
mip	402		402	1	1
mompS	352, 355		352	1	
proA	405		405	1	
neuA	351, 354, 357		354	1	

遺伝子ごとに割り振られたアレル番号の並びで遺伝子型（ST）を決定します。

これまでの成果

同一施設から複数回検出されている*L. pneumophila* の分子疫学的解析について

公衆浴場等のレジオネラ属菌検査で複数回*L. pneumophila* 血清群１が検出された施設に着目し、当該施設から得られた菌株６株についてSBT解析とPFGE解析を実施しました。

SBT解析では、ST138が３株、ST1092が１株、残りの２株は新規STでした。異なる時期に採取された菌株で同一ST（ST138）が確認され、遺伝子学的関連性が認められました。特に男湯Aと女湯Aから同一系統株が検出されたことから、施設内の複数の浴槽水に同一系統株が分布している可能性が示唆されました。

PFGE解析では、同一事例内で類似パターンを示す菌株や、異なる時期に採取された菌株間で類似性が認められました。

これらの結果から、*L. pneumophila* 血清群１が施設の配管系に長期間定着している可能性が高く、清掃や消毒後も菌の再増殖により再汚染が生じている可能性が示唆されました。

結果一覧

事例	検体搬入年月	採取場所	SBT解析結果	PFGE解析結果
事例１	令和４年１月	男湯 A	ST138	A
事例２	令和５年８月	D	ST1092	B
事例３	令和７年３月	男湯 B	新規ST	C
		男湯 C		C’
事例４	令和７年８月	男湯 A	ST138	A
		女湯 A		A’