

# Molecular evolution of human respiratory syncytial virus attachment glycoprotein (G) gene of new genotype ON1 and ancestor NA1

Eiko Hirano, Miho Kobayashi<sup>\*1</sup>, Hiroyuki Tsukagoshi<sup>\*1</sup>, Lay Myint Yoshida<sup>\*2</sup>, Makoto Kuroda<sup>\*3</sup>, Masahiro Noda<sup>\*4</sup>, Taisei Ishioka<sup>\*4</sup>, Kunihiisa Kozawa<sup>\*1</sup>, Haruyuki Ishii<sup>\*5</sup>, Ayako Yoshida<sup>\*6</sup>, Kazunori Oishi<sup>\*4</sup>, Akihideo Ryo<sup>\*7</sup>, and Hirokazu Kimura<sup>\*4</sup>,

<sup>\*1</sup> Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences <sup>\*2</sup> Department of Pediatric Infectious Diseases, Institute of Tropical Medicine, Nagasaki University <sup>\*3</sup> Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases <sup>\*4</sup> Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases <sup>\*5</sup> Department of Respiratory Medicine, Kyorin University, School of Medicine <sup>\*6</sup> Aomori Prefectural Institute of Public Health and Environment <sup>\*7</sup> Department of Microbiology and Molecular Biodefense Research, Yokohama City University Graduate School of Medicine

Infection, Genetics and Evolution, 28, 183-191, (2014)

We conducted a comprehensive genetic analysis of the C-terminal 3rd hypervariable region of the attachment glycoprotein (G) gene in human respiratory syncytial virus subgroup A (HRSV-A) genotype ON1 (93 strains) and ancestor NA1 (125 strains). Genotype ON1 contains a unique mutation of a 72 nucleotide tandem repeat insertion (corresponding to 24 amino acids) in the hypervariable region. The Bayesian Markov chain Monte Carlo (MCMC) method was used to conduct phylogenetic analysis and a time scale for evolution. We also calculated pairwise distances (p-distances) and estimated the selective pressure. Phylogenetic analysis showed that the analyzed ON1 and NA1 strains formed 4 lineages. A strain belonging to lineage 4 of ON1

showed wide genetic divergence (p-distance, 0.072), which suggests that it might be a candidate new genotype, namely ON2. The emergence of genotype NA1 was estimated to have occurred in 2000 (95% of highest probability density, HPD; 1997–2002) and that of genotype ON1 in 2005 (95% HPD; 2000–2010) based on the time-scaled phylogenetic tree. The evolutionary rate of genotype ON1 was higher than that of ancestral genotype NA1 ( $6.03 \times 10^{-3}$  vs.  $4.61 \times 10^{-3}$  substitutions/site/year,  $p < 0.05$ ). Some positive and many negative selection sites were found in both ON1 and NA1 strains. The results suggested that the new genotype ON1 is rapidly evolving with antigenic changes, leading to epidemics of HRSV infection in various countries.

## 福井県における飛来物質の実態に関する研究 —粒子状物質の簡易採取法の検討—

吉川昌範・谷口佳文・福島綾子・高岡 大・酒井忠彰<sup>\*1</sup>・坪内 彰<sup>\*2</sup>・三浦 麻<sup>\*3</sup>

<sup>\*1</sup> 福井県安全環境部 <sup>\*2</sup> 福井大学地域環境研究教育センター <sup>\*3</sup> 福井大学教育地域科学部

福井大学地域環境研究教育センター研究紀要「日本海地域の自然と環境」No.21,25-30 (平成 26 年 11 月)

近年、微小粒子状物質 (PM<sub>2.5</sub>) や黄砂などの粒子状物質の越境汚染が深刻な環境問題となっていることから、当センターでは、福井大学と連携して、県内に飛来する黄砂などの粒子状物質の分布状況や寄与割合を解明するための研究を実施している。

当該研究の第一段階として、粒子状物質 (TSP) を安価かつ簡易に採取するため、自動流量調整機能を有する吸引ポンプと積算流量計およびフィルターホルダー (アスベスト採取用) を用いた簡易なサンプリング装置 (簡易採取法)

を独自に作成し、当該装置の信頼性について検討した。

採取装置 (5 台) の平行試験を行った結果、装置間の変動幅は -8% ~ +11% の範囲にあり、信頼性のある装置であることが確認された。

また、TSP の採取法として一般に用いられているハイボリウムエアサンプラー法との比較試験を実施した結果、簡易採取法の方が僅かに高めの濃度 (+5% 程度) になるものの、両採取法で得られた TSP 濃度に強い相関関係が認められた。