誌上発表(1)

Molecular evolution of the hypervariable region of the attachment glycoprotein gene in human respiratory syncytial virus subgroup B genotypes BA9 and BA10

Koo Nagasawa^{*1,2}, EikoHirano, Miho Kobayashi^{*3}, Akihide Ryo^{*4}, Kazunori Oishi^{*2}, Masatsugu Obuchi^{*5}, Naruhiko Ishiwada^{*6}, Masahiro Noda^{*2}, Makoto Kuroda^{*7}, Naoki Shimojo^{*1}, Hirokazu Kimura^{*2}

*1 Department of Pediatrics, Graduate School of Medicine, Chiba University • *2 Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases • *3Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences • *4 Department of Microbiology, Yokohama City University, Graduate School of Medicine • *5 Department of Virology, Toyama Institute of Health • *6 Division of Infection Control and Prevention Medical Mycology Research Center • *7 Pathogen Genomics Center, National Institute of Infectious Diseases

Infection, Genetics and Evolution, 36, 217-223, (2015)

We studied the molecular evolution of the C-terminal 3rd hypervariable region in the attachment glycoprotein gene of human respiratory syncytial virus subgroup B (HRSV-B) genotypes BA9 and BA10. We performed time-scaled phylogenetic analyses using BayesianMarkov chainMonte Carlo methods. We also performed a genetic distance analysis (p-distance analysis), positive and negative selection analyses, and a Bayesian skyline plot (BSP) analysis. We found that genotype BA9 diverged from the common ancestor of genotypes BA7, BA8, and BA10, while genotype BA10 diverged from the ancestor of genotypes BA7 and BA8. Strains of both genotypes were distributed worldwide. BA9 and BA10 diverged between 1999 and 2001. Both

BA9 and BA10 evolved rapidly (about 4.8 × 10–3 substitutions/site/year) and formed three distinct lineages in a 10-year period. BA10 strains belonging to lineage 3 had large genetic distances (p-distance N 0.07). Thus, it may be possible to classify these strains as a new genotype, BA11. No positive selection site was detected in either genotype. Phylodynamic analyses showed that the effective population size of BA10 decreased gradually since 2010 and BA9 slightly decreased since 2009. The results suggested that the recently prevalent HRSV-B genotypes BA9 and BA10 evolved uniquely, leading to epidemics of HRSV-B worldwide over a 15-year period.

誌上発表(2)

Development of a Practical Method to Detect Noroviruses Contamination in Composite Meals

Hiroyuki Saito*1, Miho Toho, Tomoyuki Tanaka*2, Mamoru Noda*3

*1 Akita Prefectural Research Center for Public Health and Environment *2 Sakai City Institute of Public Health
*3 Division of Biomedical Food Research, National Institute of Health Sciences

Food and Environmental Virology, 7,239-248 (2015)

Various methods to detect foodborne viruses including norovirus (NoV) in contaminated food have been developed. However, a practical method suitable for routine examination that can be applied for the detection of NoVs in oily, fatty, or emulsive food has not been established. In this study, we developed a new extraction and concentration method for detecting NoVs in contaminated composite meals. We spiked NoV-GI.4 or -GII.4 stool suspension into potato salad and stir-fried noodles. The food samples were suspended in homogenizing buffer and centrifuged to obtain a food emulsion. Then, anti-NoVGI. 4 or anti-NoV-GII.4 rabbit serum raised particles recombinant virus-like or commercially

available human gamma globulin and *Staphylococcus aureus* fixed with formalin as a source of protein A were added to the food emulsion. NoV-IgG-protein A-containing bacterial complexes were collected by centrifugation, and viral RNA was extracted. The detection limits of NoV RNA were 10–35 copies/g food for spiked NoVs in potato salad and stir-fried noodles. Human gamma globulin could also concentrate other NoV genotypes as well as other foodborne viruses, including sapovirus, hepatitis A virus, and adenovirus. This newly developed method can be used as to identify NoV contamination in composite foods and is also possibly applicable to other foodborne viruses.

誌上発表(3)

保育園で発生した腸管出血性大腸菌 O157 (HNM 集団感染事例)

小木圭子·永田暁洋*1

*1 医薬食品·衛生課

公衆衛生情報、Vol.45 No.10、17-19 (2016.1)

平成 23 年 12 月 9 日福井県嶺南振興局二州健康福祉センター管内の医療機関から腸管出血性大腸菌感染症の届出があった。

保健所での初発患者の疫学調査の結果、患者の通う保育園で園児数名と職員に有症者がいることが判明し、感染拡大防止のため検便検査を園児と職員全体に拡大した。検査の結果、園児 142 名中 14 名、職員 24 名中 2 名および家族等の濃厚接触者 77 名中 11 名から腸管出血性大腸菌 0157: HNM (VT1+VT2) が検出された。無症状菌陽性者 9 名を含む感染者 27 名の集団感染事例となったが、探

知からの初期対応が迅速にとれたことでさらなる感染拡大が防止できた。

また、医療機関からの発生届における毒素型(VT1)と当センターの検査結果との不一致が認められ混乱が生じたが、VT2 バリアント(stx2vha)によるものと考えられた。当センターでは stx2vha 保有株は RPLA 法で志賀毒素産生量が低い傾向を示すことを認識していたが、保健所および医療機関では認識していなかったため、日ごろから医療と行政と検査機関で情報を共有することが大切であると実感した。

福井市でみられたアデノウイルス 54 型による流行性角結膜炎

山岸善也*1・外川佳奈・小和田和誠・平野映子 ・野田希*2・山田聖*3

 *1 山岸眼科クリニック ・ *2 二州健康福祉センター ・ *3 福井健康福祉センター

病原微生物検出情報 Vol.36 No.11 29-30

2015年6月8日、当院に右眼の充血と眼脂で1歳女児が受診した。3日後には左眼にも同様の症状が出現したため、アデノウイルス迅速キットで検査したところ陽性であった。その後も6月19日、25日に1歳男児、3歳女児のアデノウイルス結膜炎がみられた。2例目の1歳男児は発熱もみられたため、咽頭結膜熱を疑がった。6月に8例、7月に6例、8月に5例のアデノウイルス結膜炎を迅速キットで診断した。2015年1月以降8月末までの間に、アデノウイルス陽性であった26検体を福井県衛生環境研究センターにて型別を行った。その結果、6月8日からの乳幼児3例を含む18例がアデノウイルス54型であり、その他に37型5例、19型1例、53型1例、56型1例であった。実にアデノウイルス結膜炎26例の約70%が54型であった。また18例の54型の7例が3歳以下で、成人では86歳の高齢者もみられた。

当院では2003年から福井県衛生環境研究センターとアデノウイルス病原体サーベイランスを実施して型別を行っているが、54型は2005年から2006年にかけて大流行した後は、2009年に1例見られただけであった。ところが、昨年2014年11月末に1例、12月に3例、2015年1月に4例と突然にアデノ54型が乳幼児を中心に増加した。その後2月に1例の成人で検出され、以降は見られなくなっていたが、6月に入って再び急増した。感染経路は保育園での集団感染とその後の家族内感染によるものが多かった。当院近隣の複数の眼科診療所でも、今年の夏はアデノウイルス結膜炎が多いとの情報を得ており、54型の関与が示唆される。

臨床症状は、前回の54型の大流行の時と同様に、成人では感染後約1週間が過ぎて結膜充血や眼脂が減少してきた頃から、角膜に点状あるいは雪玉状の角膜上皮下混濁が出現してくることが少なくない。このため視力障害を訴える患者もいて、混濁が消えるまでステロイド点眼剤を必要とすることが多い。

近年に検出が稀になったアデノ8型に良く似た眼障害を生じているように考える。

これに対し37型では、急性期が過ぎた頃から、点状の角膜びらんを生じてくる軽症例や、角膜の上皮が大きく剥離してくる重症例が見られる。角膜上皮が剥離してくると眼痛を訴えることも多いが、角膜混濁を残す症例は54型に比べて少ない。53型と56型は新型のため、それぞれまだ5例観察しただけであるが、角膜に軽度のびらんや混濁を生じるものが多いように見え、54型のような強い角膜混濁を残す重症例はこれまで見ていない。

アデノウイルス3型は、咽頭結膜熱を生じ眼症状は重症化しない。発熱や咽頭痛を伴うことも多く比較的鑑別し易い。今回の乳幼児の54型感染患者の中には、発熱や咽頭痛を伴い3型と間違えやすい症例が少数見られたが、結膜に小児特有の偽膜や強い角膜混濁を生じるような重症例はなく、成人に比べて眼合併症を残さずに治癒していくものがほとんどであった。

9月以降も54型の流行がどのような経過をとるのか調査し、異なる型の流行が起こっていないか調べていきたい。また、型による角膜障害の重症度の違いについても、症例を増やして調べたいと考えている。

誌上発表(5)

最終処分場モニタリング技術の現状と課題

田中宏和·山田正人*1·香村一夫*2

*1(国研)国立環境研究所資源循環・廃棄物研究センター *2 早稲田大学創造理工学部環境資源工学科

廃棄物資源循環学会誌、第27巻第1号、27-38(2016)

最終処分場の安全性を考える上で、埋立地の安定化は重要な視点であり、適正な維持管理による早期の安定化が望まれる。しかし、埋立地の安定化状況把握のための調査方法は多くの研究機関で様々な調査手法が検討されているが、一般化されるまでには至っていない。本報では、福井県内の管理型最終処分場を対象に2005年から実施しているモニタリング調査を参考事例とし、調査手法の概要と得られた知見を紹介した。安定化は「塩類洗い出し」、「塩類

不溶化」および「有機物分解」の各プロセスで進行するため、埋立地内部の塩類賦存量と有機物分解状況を把握することが重要である。また、埋立地内部は様々な廃棄物が混在して不均質であるため、局所的な調査のみでは全体を評価できない。そのため、誤った評価をしないためには複数の手法を組み合わせた解析が有効である。さらに、長期的な安定化挙動を把握するには定期的なモニタリングが必要である。

誌上発表(6)

福井県の微小粒子状物質 (PM_{2.5}) 濃度の実態

吉川昌範・谷口佳文・泉 宏導

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.22,39-47(平成 27 年 11 月)

PM_{2.5}濃度については、2010年4月から福井局で測定を 開始し、現在、9測定局において常時監視を実施している。

2014 年度までの常時監視結果について解析を行った結果、PM_{2.5} 濃度の月平均値は冬季に低く春季を中心に高くなる傾向にあった。日平均値は、嶺北地域と嶺南地域で若干異なる推移を示すとともに、時刻別濃度の変動には海陸風の入れ替わりが影響していることが示唆された。

環境基準値(1日平均値:35μg/m³)との比較では、測定日の約3%で環境基準を超過する日があり、その5割超

が黄砂日または煙霧日であった。特に、黄砂が長時間観測される日には、環境基準を超過する可能性が極めて高く、 黄砂に伴う PM_{2.5} の飛来が示唆された。

また、PM_{2.5} 濃度の日平均値や月平均値の変動および測定局間の濃度相関から、PM_{2.5} は広域性の強い大気汚染物質と推察される一方で、各測定局の濃度に差があることなどから地域発生源の影響も示唆される結果であった。

今後は、PM2.5中の成分分析結果を用いた数値モデル解析 を実施し、発生源や越境汚染の寄与を明らかにしていく。