

3・3 誌上发表論文抄録

A confirmation of sapovirus re-infection gastroenteritis cases with different genogroups and genetic shifts in the evolving sapovirus genotypes, 2002–2011

Seiya Harada, Tomoichiro Oka^{*1}, Eisuke Tokuoka, Naoko Kiyota, Koichi Nishimura^{*2}, Yasushi Shimada^{*3}, Takehiko Ueno^{*4}, Shigeru Ikezawa^{*5}, Takaji Wakita^{*6}, Qihong Wang^{*1}, Linda J. Saif^{*1}, and Kazuhiko Katayama^{*6}

Archives of Virology, 157, 1999–2003 (2012)

At present, there is no clear evidence for gastroenteritis cases caused by re-infection with SaV. We found that two individuals were sequentially infected with SaVs of two different genogroups and had gastroenteritis after each infection, although in one of the subsequent cases, both SaV and norovirus were detected. We also found a genetic shift in SaVs from gastroenteritis outpatients in the same geographical location. Our results suggest that protective immunity may be at least genogroup-specific for SaV.

^{*1}Department of Veterinary Preventive Medicine, Food Animal Health Research Program, Ohio Agricultural Research and Development Center, The Ohio State University, ^{*2} Present Address : Division of Pharmacology, Department of Health and Social Services, Kumamoto Prefectural Government, ^{*3}Shimada Children's Clinic, Kumamoto, ^{*4}Ueno Pediatric Clinic, Kumamoto, ^{*5}Ikezawa Children's Clinic, Kumamoto, ^{*6}Department of Virology II, National Institute of Infectious Diseases

Follow-up survey of Japanese encephalitis virus infection in Kumamoto Prefecture, South-West Japan: status during 2009–2011

Eiji Konishi^{*1*2*3}, Yoko Kitai^{*1}, Koichi Nishimura^{*4}, and Seiya Harada

Japanese Journal of Infectious Diseases, 65, 448-450 (2012)

The present follow-up survey in Kumamoto Prefecture during the 2009–2011 period found that annual infection rates estimated by NS1 antibody prevalence and the percentage of population that was neutralizing antibody-positive but had no history of JE vaccination were similar to those obtained in 2004–2008 in the same prefecture. Although correlations were not always observed among the yearly JE incidence, JEV antibody prevalence in swine, and annual infection rates estimated in this study, these results provide strong evidence of continuous JEV circulation in Kumamoto and suggest a recent exposure of the human population in south-west Japan to JEV infection.

^{*1}Division of Infectious Diseases, Department of International Health, Kobe University Graduate School of Health Sciences, ^{*2}Division of Vaccinology, Center for Infectious Diseases,

Kobe University Graduate School of Medicine, ^{*3}BIKEN Endowed Department of Dengue Vaccine Development, Faculty of Tropical Medicine, ^{*4}Present Address : Division of Pharmacology, Department of Health and Social Services, Kumamoto Prefectural Government

Molecular and serological investigation of *Leptospira* and leptospirosis in dogs in Japan.

Nobuo Koizumi^{*1}, Maki Mizutani Muto^{*1}, Shigehiro Akachi^{*2}, Shou Okano^{*3}, Seigo Yamamoto^{*4}, Kazumi Horikawa^{*5}, Seiya Harada, Sadayuki Funatsumaru^{*6}, and Makoto Ohnishi^{*1}

Journal of Medical Microbiology, 62, 630-636 (2013)

Among 283 clinically suspected cases of canine leptospirosis diagnosed from August 2007 to March 2011 in Japan, 83 cases were laboratory diagnosed as leptospirosis by blood culture, a rise in antibody titres in paired sera using a microscopic agglutination test (MAT) and/or DNA detection using *flaB*-nested PCR. The infected dogs comprised hunting dogs (31 dogs) and companion animals (50 dogs) and two unknown; 63.4% of the infected dogs were males. The mortality rate was 53.2%. A rise of at least fourfold in MAT titre was detected in 30 dogs whose paired serum samples were obtained, and the predominant reactive serogroup was Hebdomadis (53.3 %), followed by Australis (16.7%) and Autumnalis (16.7 %).

^{*1}Department of Bacteriology I, National Institute of Infectious Diseases, ^{*2}Mie Prefecture Health and Environment Research Institute, ^{*3}Okinawa Prefectural Institute of Health and Environment, ^{*4}Miyazaki Prefectural Institute for Public Health and Environment, ^{*5}Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences, ^{*6}Saga Prefectural Institute of Public Health and Pharmaceutical Research

Molecular epidemiology of the attachment glycoprotein (G) gene in respiratory syncytial virus in children with acute respiratory infection in Japan in 2009/2010.

Ayako Yoshida^{*1}, Naoko Kiyota, Miho Kobayashi^{*2}, Koichi Nishimura^{*3}, Rika Tsutsui^{*1}, Hiroyuki Tsukagoshi^{*2}, Eiko Hirano^{*4}, Norio Yamamoto^{*5}, Akihide Ryo^{*6}, Mika Saitoh^{*2}, Seiya Harada, Osamu Inoue^{*1}, Kunihisa Kozawa^{*2}, Ryota Tanaka^{*7}, Masahiro Noda^{*8}, Nobuhiko Okabe^{*8}, Masato Tashiro^{*5}, Katsumi Mizuta^{*9}, and Hirokazu Kimura^{*2*8}

Journal of Medical Microbiology, 61, 820–829(2012)

This study performed a detailed genetic analysis of the glycoprotein (G) gene of respiratory syncytial virus (RSV) detected in 50 Japanese children with acute respiratory infection (ARI) in the

2009/2010 season. A phylogenetic tree constructed by the neighbour-joining method showed that 34 and 16 of the RSV strains could be classified into subgroups A and B, respectively. Strains belonging to subgroups A and B were further subdivided into GA2 and BA, respectively. The nucleotide and deduced amino acid sequence identities were relatively high among these strains (>90 %). The deduced amino acid sequences implied that a relatively high frequency of amino acid substitutions occurred in the C-terminal 3rd hypervariable region of the G protein in these strains. In addition, some positively selected sites were estimated. The results suggest that RSV with genotypes GA2 and BA was associated with ARI in Japanese children in 2009/2010.

^{*1}Aomori Prefectural Institute of Public Health and Environment, ^{*2}Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences, ^{*3}Department of Health and Social Services, Pharmaceutical Affairs Division, Kumamoto Prefectural Government, ^{*4}Fukui Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, ^{*5}Influenza Virus Research Center and Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases, ^{*6}Yokohama City University Graduate School of Medicine, ^{*7}Institute of Medical Sciences, Kyorin University, ^{*8}Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases, ^{*9}Yamagata Prefectural Institute of Public Health

Genetic analysis of the VP4/VP2 coding region in human rhinovirus species C in patients with acute respiratory infection in Japan.

Naoko Kiyota, Izumi Kushibuchi ^{*1}, Miho Kobayashi ^{*2}, Hiroyuki Tsukagoshi ^{*2}, Akihide Ryo ^{*3}, Koichi Nishimura ^{*4}, Asumi Hirata-Saito ^{*1}, Seiya Harada, Mika Arakawa ^{*2}, Kuniyoshi Kozawa ^{*2}, Masahiro Noda ^{*5}, and Hirokazu Kimura ^{*5}

Journal of Medical Microbiology, 62, 610–617(2013)

Detailed genetic analysis was carried out of the VP4/VP2 coding region in human rhinovirus species C (HRV-C) strains detected in patients with acute respiratory infection in Japan. Phylogenetic trees were constructed by the neighbour-joining (NJ) and maximum-likelihood (ML) methods. The NJ phylogenetic tree assigned 11 genotypes to the present strains, whilst the ML tree showed that the strains diversified sometime in the early 1870s. Moreover, the pairwise distance among the present strains was relatively long, and the rate of molecular evolution of the coding region was rapid (3.07×10^{-3} substitutions per site per year). The results suggest that the present HRV-C strains have a wide genetic divergence and a unique evolutionary timescale.

^{*1}Tochigi Prefectural Institute of Public Health, ^{*2}Gunma Prefectural Institute of Public Health and Environmental Sciences, ^{*3}Yokohama City University Graduate School of Medicine, ^{*4}Department of Health and Social Services, Pharmaceutical Affairs Division, Kumamoto Prefectural Government, ^{*5}Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases

Determination of Nitenpyram and Its Metabolites in Agricultural Products by Using Hydrophilic Interaction Liquid Chromatography-Tandem Mass Spectrometry

Tatsuo Yoshida, Hiroshi Murakawa, and Kei Toda^{*1}

Journal of Pesticide Science, 38, 27-32 (2013)

A simple and rapid method for the measurement of a neonicotinoid pesticide, nitenpyram, and its metabolites, CPMA and CPMF, was investigated. The three compounds were determined individually and simultaneously by simple ultrasonic extraction followed by hydrophilic interaction liquid chromatography – tandem mass spectrometry (HILIC-MS/MS). Good chromatograms were obtained using a non-modified silica gel column. The calibration curves were straight ($R^2 > 0.999$) for each compound; they were 0.002–2 mg/kg for 5 g of agricultural product sample with limits of detection ($S/N=3$) of 0.24–0.36 $\mu\text{g/kg}$ (nitenpyram), 0.12–0.19 $\mu\text{g/kg}$ (CPMA), and 0.13–0.18 $\mu\text{g/kg}$ (CPMF). Good recoveries were obtained for sweet pepper, mandarin orange, onion, and brown rice (93.0–106.6% in recovery). For contaminated samples, data by the presented method agreed well with nitenpyram data by HPLC-UV and the total of CPMA and CPMF by derivatization followed by gas chromatography – flame thermionic detection.

^{*1}Department of Chemistry, Kumamoto University

九州中部の山岳における光化学オキシダント濃度の挙動および高濃度要因について

村岡俊彦, 林英明, 豊永悟史, 北岡宏道

大気環境学会誌, 48, 101-109(2013)

光化学オキシダント（以下、「Ox」という）濃度上昇要因とされている大陸越境移流、地域内汚染および成層圏オゾン沈降について、その各寄与の程度を観測により見積もることを目的として、2011年度に九州中部に位置する標高 930 m の阿蘇カルデラの外輪山にて自動計測器により Ox 濃度を通年観測した。Ox 濃度の平均日変化の振幅は小さく、夜間に観測される Ox 濃度は、バックグラウンド Ox とみなされた。春季は、地上局と外輪山が、日中ほぼ同じ濃度レベルとなっていたことから、平均的に見れば、この時期は、上層のバックグラウンド Ox 気塊が、鉛直混合により、日中の地表 Ox 濃度レベルを主に決定しているものと推測された。外輪山の平均日変化の振幅より、日中最大濃度に対する地域内 Ox 平均生成量の寄与割合を見積もったところ、夏季を除けば、その影響は平均的には 10% 以下であった。ただし、個別の高濃度事例で見れば、大陸越境移流時においても 20 ppb を超える地域内 Ox 生成の寄与もあり得る可能性が見られた。春季の Ox 日平均値に対して、比湿および硫酸塩濃度を変数とする重相関分析を行ったところ、この時期のバックグラウンド Ox 濃度は、成層圏オゾン沈降分をベースに、大陸越境移流分が上乘せされたものと考えられた。

3・4 調査, 研究報告抄録

熊本県におけるイノシシ, シカ及びブタのE型肝炎ウイルス汚染実態調査 —平成24年度—

原田誠也, 西村浩一^{*1}, 田中智之^{*2}, 石井孝司^{*3}, 李 天成^{*3}

厚生労働科学研究費補助金(食品の安心・安全確保推進研究事業)「食品中の病原ウイルスのリスク管理に関する研究」(平成24年度 総括・研究分担報告)

イノシシ, シカ及びブタを対象に, Nested RT-PCR法によりE型肝炎ウイルス(HEV)検査を行った。イノシシ31頭及びシカ2頭からは検出されなかったが, ブタ305頭中3頭(1.0%)から遺伝子型3型のHEV遺伝子が検出された。HEV遺伝子が検出されたブタの内訳は, 血液225頭中1頭(0.4%)及びと畜検査で合格となった肝臓80頭中2頭(2.5%)であり, 血液及び肝臓の各1頭は同一養豚場由来であった。また, 今回のブタの調査で, 22養豚場中2養豚場(9.1%)のHEV汚染が判明した。

^{*1}熊本県健康福祉部薬務衛生課, ^{*2}堺市衛生研究所, ^{*3}国立感染症研究所ウイルス第二部

熊本県におけるイノシシ, シカ及びブタのE型肝炎ウイルス汚染実態調査 (平成22~24年度)

原田誠也, 田中智之^{*1}, 西村浩一^{*2}, 大迫英夫, 吉岡健太, 石井孝司^{*3}, 李 天成^{*3}

厚生労働科学研究費補助金(食品の安心・安全確保推進研究事業)「食品中の病原ウイルスのリスク管理に関する研究」(平成22~24年度 総合研究報告書)

熊本県内のイノシシ, シカ及びブタのE型肝炎ウイルス(HEV)汚染実態調査を行ったところ, イノシシ173頭中13頭(7.5%)及びブタ1,634頭中15頭(0.9%)からHEV遺伝子が検出された。シカ63頭からは検出されなかった。イノシシのHEVの遺伝子型は, 地域特異的に3型(G3)と4型(G4)に分かれた。ブタのHEVはG3のみで, 各養豚場に特異的であった。特にブタでは, と畜検査の合格肝臓からも80検体中2検体(2.5%)からHEV遺伝子が検出された。また, ブタ血清966頭中695頭(71.9%)が抗HEV-IgG抗体陽性であった。Specific Pathogen Free (SPF)ブタと通常ブタを比較すると, SPFブタは11.9%, 通常ブタは79%が抗体陽性で, 抗体保有率に大きな差があった。

^{*1}堺市衛生研究所, ^{*2}熊本県健康福祉部薬務衛生課, ^{*3}国立感染症研究所ウイルス第二部

九州地区における食品由来感染症調査における分子疫学的手法に関する研究

—IS-printing Systemのデータ共有化と九州地区での非O157EHEC検出状況—

堀川和美^{*1}, 麻生嶋七美^{*2}, 寺西泰司^{*3}, 成瀬佳奈子^{*4}, 右田雄二^{*5}, 江原裕子^{*6}, 緒方喜久代^{*7}, 徳岡英亮^{*8}, 杉谷和加奈^{*9}, 吉野修司^{*10}, 濱田まどか^{*11}, 久高潤^{*12}, 江藤良樹^{*1}, 前田詠里子^{*1}

厚生労働科学研究費補助金(新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業)

「病原体解析手法の高度化による効率的な食品由来感染症探知システムの構築に関する研究」(平成24年度 総括・研究分担報告書)

九州ブロックでは, 1) IS-printing System (ISPS)のデータ共有化, 2)九州地区での非O157腸管出血性大腸菌(EHEC)検出状況の解析, 3) ISPS精度管理について取り組んだ。さらに, 4)大分県及び5)福岡市で発生したEHEC O157集団事例におけるISPSでの解析事例, 6)沖縄県でのサルモネラ食中毒事例のパルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)による分子疫学的解析, 7)宮崎県での毒素原性大腸菌のPFGEによる分子疫学的解析, 8)北九州市で発生した黄

色ブドウ球菌食中毒事例に関して報告する。本稿では、1) ISPSデータの共有化状況、及び2) 九州地区での非O157EHEC検出状況について報告する。九州地区におけるISPSデータ登録数（平成24年12月現在）は207件であった。ISPSの結果及び疫学調査により、7事例が集団発生と確認された。一方、九州地区で検出または収集された非O157は343株であった。非O157による集団発生事例は、O103が5事例、O26及びO111が各4事例、O145が2事例、及びO186が1事例、計16事例であった。

^{*1}福岡県保健環境研究所、^{*2}福岡市保健環境研究所、^{*3}北九州市環境科学研究所、^{*4}佐賀県衛生薬業センター、^{*5}長崎県環境保健研究センター、^{*6}長崎市保健環境試験所、^{*7}大分県衛生環境研究センター、^{*8}現熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課、^{*9}熊本市環境総合センター、^{*10}宮崎県衛生環境研究所、^{*11}鹿児島県環境保健センター、^{*12}沖縄県衛生環境研究所

本邦におけるヒトライノウイルス C の分子疫学

清田直子、榑淵泉美^{*1}、小林美保^{*2}、塚越博之^{*2}、原田誠也、野田雅博^{*3}、木村博一^{*3}

厚生労働科学研究費補助金（新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業）

「重症呼吸器ウイルス感染症のサーベイランス・病態解明及び制御二関する研究」

（平成24年度 総括・分担研究報告書）

本邦における急性呼吸器感染症(ARIs)患者から検出されるヒトライノウイルス(HRV) species C (-C) の VP4/VP2 領域の分子疫学解析を行うため、2009年4月～2011年12月の間に熊本県および栃木県の ARIs 患者から採取された鼻咽腔ぬぐい液あるいは気管吸引液 1,345 検体の HRV 検索を実施した。その結果、165 検体(12.3%)から HRV が検出され、そのうち 63 株が HRV-C であった。代表的な 19 株の HRV-C について、近隣結合(NJ)法と最尤(ML)法による系統樹解析を行い、これら 19 株は 11 の genotype に分類され、いずれも 1870 年代前半を起源として、その後分岐した可能性が考えられた。また、塩基置換速度は 3.07×10^{-3} substitutions/site/year と推定され、インフルエンザウイルス A のヘマグルチニン遺伝子とほぼ同等の速度であることが示唆された。

^{*1}栃木県保健環境センター、^{*2}群馬県衛生環境研究所、^{*3}国立感染症研究所

重症心身障害児（者）施設における呼吸器感染症の原因ウイルス検索

清田直子、松田俊二^{*1}、鈴木由美^{*2}、野田雅博^{*3}、木村博一^{*3}

厚生労働科学研究費補助金（新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業）

「重症呼吸器ウイルス感染症のサーベイランス・病態解明及び制御二関する研究」

（平成 24 年度 総括・分担研究報告書）

重症心身障害児（者）施設において 2011 年 10 月～2012 年 8 月に発生した急性呼吸器感染症 (ARIs) 9 事例について、原因ウイルスの探索を試みた。その結果、ヒトライノウイルス (HRV) が 3 事例、パラインフルエンザウイルス (PIV) が 2 事例、ヒトメタニューモウイルス (HMPV) が 1 事例、ヒトコロナウイルス (HCoV) が 1 事例から検出された。HMPV や HRV はこれまでも当該施設にて流行が確認されており、一定の比率で病棟内流行を引き起こすことが考えられた。また、今年度研究で PIV および HCoV が初めて原因特定された。

^{*1}国立病院機構愛媛病院、^{*2}国立病院機構下志津病院、^{*3}国立感染症研究所

熊本県における放射能調査

村岡俊彦，豊永悟史，北岡宏道

文部科学省：第 54 回環境放射能調査研究成果論文抄録集（平成 23 年度）

文部科学省委託として平成 23 年度に実施した環境放射能水準調査結果について報告した。降水，大気浮遊じん，降下物，降水（蛇口水），土壌，精米，茶，牛乳，野菜（大根及びホウレン草）及び空間放射線量率について調査した結果，ゲルマニウム半導体検出器による核種分析測定調査については， ^{134}Cs が，大気浮遊じん，降下物及び茶から， ^{137}Cs が大気浮遊じんから，いずれも調査開始以来初めて検出され， ^{131}I についても平成 23 年 3 月に引き続いて降下物から検出された。これらの検出については福島原発事故の影響の可能性が考えられた。一方，環境試料中の全ベータ放射能及び空間放射線量率ともに前年度までの過去 3 年間の値とほぼ同程度であり，特に異常な値は認められなかった。

3・5 学会，研究会発表抄録

3・5・1 所外における学会・研究会

熊本県における日本脳炎ウイルスの活動状況及びヒトの自然感染率調査

原田誠也

第53回日本臨床ウイルス学会 平成24年6月16日～17日 豊中市

熊本県における日本脳炎ウイルス（JEV）の活動状況及びヒトの自然感染率を把握するため、日本脳炎患者やJEVの増幅動物である飼育ブタの調査を強化した。その結果、▼2004年以降の患者6名中3名からI型JEVの遺伝子が検出された。▼I型JEVは、1991年には本県に侵入していた。▼2005年以降に分離又は検出されたJEVは全てI型であり、従来の流行型であるIII型からI型へシフトが起こったと考えられた。▼飼育ブタからのJEV遺伝子検出時期は、主に7月下旬～9月初旬の約1.5ヶ月間であった。▼ヒトのJEV-NS1抗体保有率から求めた県民の年間自然感染率は1.5%であった。などのことが明らかとなった。

熊本県におけるヒトライノウイルスとRSウイルスの分子疫学

清田直子，西村浩一^{*1}，水田克巳^{*2}，野田雅博^{*3}，木村博一^{*3}

第53回日本臨床ウイルス学会 平成24年6月16～17日 大阪府

急性呼吸器感染症(ARIs)の主たる原因はウイルスであり、特に小児や高齢者では重症化しやすい重要な感染症である。熊本県ではインフルエンザウイルスを除き、これまでARIsウイルスの感染実態は不明であった。そこで、県内のARIsウイルスの疫学を明らかにすることを目的としてARIsウイルスサーベイランスを強化した。今回は、ヒトライノウイルス(HRV)およびRSウイルス(RSV)の分子疫学に関する検討を行った。ウイルス検索の結果、239検体中100検体から検索対象のARIsウイルスが検出された。特に、HRVは通年、RSVは冬季に高率に検出され、本県の主要なARIsの原因ウイルスであると考えられた。HRVの系統解析の結果、検出株の多くはspecies AまたはCに分類され、さらに多数のtypeに分類されたことから、本県において多様なtypeのHRVが流行していたと考えられた。RSVの系統解析の結果、RSV-AはすべてGA2型、RSV-BはすべてBA型に分類され、本県で流行していた遺伝子型はわが国で検出される遺伝子型と同様であることが示唆された。

^{*1} 熊本県健康福祉部薬務衛生課，^{*2} 山形県衛生研究所，^{*3} 国立感染症研究所

ザルコシスティス食中毒事例とその対応

原田誠也，古川真斗，徳岡英亮*

衛生微生物技術協議会第33回研究会 平成24年6月28日～29日 横浜市

熊本県は、平成21年度末から国の「生食用生鮮食品を共通食とする原因不明有症事例研究班」に参加し、馬刺し関連有症事例の原因究明と予防策の研究を行った。その結果、馬の筋肉に寄生するザルコシスティス フェアリー (*S.fayeri*) が原因であることを確認し、予防策として冷凍処理が有効であることをつきとめた。この研究で得られた研究成果（冷凍条件）は、厚生労働省の審議会を経て「平成23年6月17日付け食安発0617第3号」で全国の都道府県等に通知された。

熊本県では関係各課が一丸となって、馬刺し業界の行政指導や支援を行っており、平成23年10月以降、馬刺し関連の有症事例は発生していない

* 現熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課

*Escherichia albertii*が主因と推定された食中毒事例について

徳岡英亮^{*1}，古川真斗，東竜生^{*2}，徳永晴樹^{*3}，浴永圭吾^{*2}，大岡唯祐^{*4}，林哲也^{*4}，原田誠也

平成24年度九州地区食品衛生監視員協議会研修会 平成24年9月7日 沖縄県

平成24年度全国食品衛生監視員研修会 平成24年10月25～26日 東京都

第33回日本食品微生物学会学術総会 平成24年10月25～26日 福岡県

本菌種は散発性下痢症の報告はあるものの、集団食中毒事例の報告は見当たらない。平成23年5月に本県で発生した食中毒事例の主因は、非典型的な腸管病原性大腸菌と推定された。しかし、宮崎大学と共同で追加試験を実施した結果、本菌が大腸菌属の新菌種*Escherichia albertii*であることが判明した。本菌種は比較的新しい菌種であり、散発事例だけでなく集団事例においても、より注意が必要である。

^{*1} 現熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課，

^{*2} 天草広域本部天草地域振興局保健福祉環境部，

^{*3} 熊本県環境生活部環境局廃棄物対策課， ^{*4} 宮崎大学

熊本県で発生したボツリヌス症事例について

古川真斗，徳岡英亮^{*}，原田誠也

第33回日本食品微生物学会学術総会 平成24年10月25～26日 福岡県

本県南地域で、ボツリヌス症疑いの患者が発生した。本所でボツリヌス毒素検出及び便からのボツリヌス菌の分離を実施した。患者便からA型及びB型ボツリヌス毒素遺伝子を保有しているボツリヌス菌が分離された。分離菌を用いて毒素産生試験及び中和試験を実施したところ、A型ボツリヌス毒素の産生を確認した。よって、本事例からはサイレントのB型ボツリヌス毒素遺伝子を保有したA型ボツリヌス毒素産生ボツリヌス菌が検出された。

* 現熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課

本邦におけるヒトライノウイルス C (Human rhinovirus species C) の分子疫学

清田直子, 小林美保^{*1}, 塚越博之^{*1}, 西村浩一^{*2}, 原田誠也, 野田雅博^{*3},
木村博一^{*3}

第 82 回日本感染症学会西日本地方会学術集会 平成 24 年 11 月 5~7 日 福岡市

ヒトライノウイルス(HRV)は, 急性呼吸器感染症(ARI)を引き起こす主要な病原体である。HRV はウイルス学的に, HRV-A, B 及び C に分類される。HRV-C は, A 及び B と同様に種々の ARI に関与するという報告があるが, 疫学には未だ不明な点が多い。今回, 国内(栃木県及び熊本県)で ARI 患者から検出された HRV の VP4/VP2 coding region の詳細な解析を行った。HRV 検索の結果, 1345 検体中 165 検体から HRV が検出された(HRV-A:98 株, B:4 株, C:63 株)。HRV-C は上気道炎, 気管支炎並びに肺炎など種々の ARI から検出され, この内 19 株を用いて NJ 法による解析を試みたところ, 11 遺伝子型に分類された。また, ML 法による解析の結果, これらの株は 1870 年代前半に分岐した可能性が示唆された。また, 検出された株間の p-distance は比較的長く, 解析領域の塩基置換速度はインフルエンザウイルスのヘマグルチニン遺伝子とほぼ同じ速さであることが示唆された。なお, 解析領域に positive selected site は見られなかった。以上のことから, 本邦における HRV-C は多様な遺伝子型を有し, 様々な ARI に関与していることが示唆された。

^{*1}群馬県衛生環境研究所, ^{*2}熊本県健康福祉部薬務衛生課, ^{*3}国立感染症研究所

熊本県におけるイノシシ, シカ及びブタの E 型肝炎ウイルス汚染実態調査と分子疫学解析

原田誠也, 西村浩一^{*1}, 李 天成^{*2}, 石井孝司^{*2}, 田中智之^{*3}, 野田 衛^{*4}

第 60 回日本ウイルス学会 平成 24 年 11 月 13 日~15 日 大阪市

2006 年から 2013 年の間に, 熊本県で採取されたイノシシ 142 頭, シカ 61 頭, 肥育ブタ 1,329 頭(廃棄肝臓 183 検体, 血液 1146 検体)を検査材料とし, HEV 遺伝子検査と塩基配列解析等を行った。イノシシ 13 頭(9.2%), 肥育ブタ廃棄肝臓 11 検体(6.0%), 肥育ブタ血液 1 検体(0.09%)から HEV 遺伝子が検出された。シカ 61 頭からは検出されなかった。イノシシ由来 HEV は genotype 3 と genotype 4 に分類され, 捕獲地域ごとに異なる cluster を形成する傾向が見られた。一方, 肥育ブタ由来 HEV 遺伝子は genotype 3 のみで, 農場ごとに 4 つの cluster に区分された。

^{*1}熊本県健康福祉部薬務衛生課, ^{*2}国立感染症研究所ウイルス第二部,

^{*3}堺市衛生研究所, ^{*4}国立医薬品食品衛生研究所食品衛生管理部

HILIC-MS/MSによる農産物中ニテンピラム, CPMA及びCPMF分析法

吉田達雄, 濱田寛尚*, 飛野敏明, 山本理世, 村川弘

第35回農薬残留分析研究会 平成24年11月8~9日 奈良県

第49回全国衛生化学技術協議会 平成24年11月21~22日 香川県

高極性化合物を分析可能なHILIC-MS/MSを用いることにより, ニテンピラム, CPMA及びCPMFを個別に迅速分析する方法を開発した。添加回収試験及び含有試料について分析を行った結果, すべての試料について良好な値が得られた。HILIC-MS/MS法は, 選択性が高いLC-MS/MSを用いて測定を行うため試料の精製を行う必要がなく, 非常に簡易な方法である。また, ニテンピラム, CPMA及びCPMFを同時に分析できるため, 分析時間が, 6検体あたり約1hrと短い。これは, ニテンピラム, CPMA及びCPMFを分けて測定する必要がある厚生労働省通知試験法(HPLC-UV法及びGC-FTD法)にかかる6検体あたり約7hrに比べて7分の1であり, より迅速に結果を得ることができる。また, HILIC-MS/MS法では, CPMAとCPMFを個別に分析することができ, 代謝物量をそれぞれ導くことが可能である。さらに, 有機溶媒や試薬の使用量が少ないため, 分析を行うことによる環境負荷に配慮できる利点もある。

* 現熊本県健康福祉部薬務衛生課

九州中部の山岳における光化学オキシダント濃度調査による越境移流及び地域内生成割合の評価

村岡俊彦, 林英明*, 豊永悟史, 北岡宏道

第53回大気環境学会年会 平成24年9月12~14日 横浜市

本研究では, 越境移流と地域内生成の寄与分を見積もることを目的として, 九州中部山岳(阿蘇外輪山)でOx濃度調査を行った。調査地点は, 大気混合層内に位置することから, 日中は鉛直混合により, 周辺常時監視局と同レベルのOx濃度を示した。一方, 夜間・早朝は, 周辺常時監視局よりも高いレベルのOxが観測された。

* 現熊本県天草地域振興局保健福祉環境部

九州・山口地方有害大気汚染物質共同調査結果について

村岡俊彦, 林英明*, 今村修, 北岡宏道

第39回環境保全・公害防止研究発表会 平成24年11月21日 22日 熊本市

九州・山口地域における有害大気汚染物質について, 越境移流の影響を把握することを目的として, 九州衛生環境技術協議会大気分科会及び山口県環境保健センターとの共同調査を実施した。調査解析の結果, 越境移流の影響を受けた高濃度日事例は出現するものの, Ox, 酸性雨の様に越境移流の影響が経年的に増加し, 懸念される状況となっているわけではなく, むしろ測定地点周辺の影響の方が大きい状況にあるものと結論づけられた。

ただし、1,2-ジクロロエタンについてのみは、越境移流の影響と結論づけることはできなかったものの、経年的に増加傾向にある可能性も見られた。このことから、指針値を大幅に下回っており健康的影響のあるレベルではないものの、今後のモニタリングにおいて、その挙動には注意すべきであると考えられた。

* 現熊本県天草地域振興局保健福祉環境部

3・5・2 第13回熊本県保健環境科学研究所研究発表会（平成25年1月16日）

大腸菌属の新菌種 *Escherichia albertii* が主因と推定された食中毒事例について
徳岡英亮^{*1}，古川真斗，東竜生^{*2}，徳永晴樹^{*3}，浴永圭吾^{*2}，大岡唯祐^{*4}，林哲也^{*4}，
原田誠也

平成23年5月，県内の飲食店で，下痢，腹痛を主症状とする食中毒事例が発生した。検査の結果，患者便等の多数から乳糖非発酵性，*eae* 遺伝子陽性の大腸菌様細菌（*eae* 陽性菌）が分離された。本菌を詳細に検討したところ，大腸菌属の新菌種 *Escherichia albertii* であることが判明した。本菌種による散发下痢症事例の報告はあるものの，集団食中毒事例の報告はなく，今回が世界的にも初めての集団事例と思われる。

^{*1} 現熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課，

^{*2} 天草広域本部天草地域振興局保健福祉環境部，

^{*3} 熊本県環境生活部環境局廃棄物対策課， ^{*4} 宮崎大学

熊本県で発生した原因不明ボツリヌス症事例について

古川真斗，徳岡英亮*，原田誠也

平成24年6月，県内の保健所からボツリヌス症疑い症例の検査依頼があった。患者（男性，76歳）検体を検査した結果，糞便からA型ボツリヌス菌（サイレントB型毒素遺伝子保有，タンパク分解性I群菌）が検出された。本症例の原因食品等は不明であったが，症状の進行が緩慢な珍しい症例であったので，検査依頼に至った経緯及び検査概要を報告する。

* 現熊本県健康福祉部健康局薬務衛生課

健康食品中の医薬品成分等の迅速一斉分析法の開発

濱田寛尚*，山本理世，吉田達雄，飛野敏明，村川弘

近年，医薬品成分を含有する健康食品による健康被害等が増加傾向にある。そこで，LC/MS/MSを用い健康食品中の医薬品成分等を従来よりも迅速に分析する方法を開発した。この方法は，これらの医薬品成分等に起因する健康危機発生時における原因究明に有用であると考えられる

* 現熊本県健康福祉部薬務衛生課

HILIC-MS/MSによる農産物中ニテンピラム及びその代謝物分析法

吉田達雄，濱田寛尚*，飛野敏明，山本理世，村川弘

HILIC-MS/MS を用い、従来一斉分析が困難であった農薬成分ニテンピラム及びその代謝物 CPMA と CPMF を簡易迅速に分析する方法を開発した。4 種類の農作物を用いて行った添加回収試験において、すべて良好な値が得られた。また、本分析法と通知試験法による分析値を比較した結果、同等の値を示した。本分析法は、迅速分析法として有効な方法であると考えられる。

* 現熊本県健康福祉部薬務衛生課

九州・山口地方有害大気汚染物質共同調査結果について

村岡俊彦，林英明*，北岡宏道

九州・山口地域における有害大気汚染物質について、越境移流の影響を把握することを目的として、九州・山口の地方環境研究所による共同調査を実施した。調査解析の結果、越境移流の影響を受けた高濃度日事例は出現するものの、Ox，酸性雨の様に越境移流の影響が経年的に増加し、懸念される状況となっているわけでは無く、むしろ測定地点周辺の影響の方が大きい状況にあるものと結論づけられた。

* 現熊本県天草地域振興局保健福祉環境部

平成 24 年春季における微小粒子状物質 (PM_{2.5}) 高濃度事例の解析

豊永悟史，北岡宏道

全国的に環境基準超過が問題となっている微小粒子状物質 (PM_{2.5}) の汚染状況把握のため、平成 24 年度より県による常時監視を行っている。4～6 月にかけて、広域的な濃度上昇が複数確認されたため、特に規模が大きかった事例について解析を行った。解析結果より、いずれの事例についても大陸越境移流の影響を強く受けていた可能性が示された。

緑川下流左岸地域におけるふっ素濃度と井戸深度の関係

小笹康人

阿蘇カルデラ内には、火山由来と考えられるふっ素を含む井水、湧水が分布しているが、基準 (≤ 0.8 mg/L) を超えるふっ素を含む井戸の深度は 2～200 m と幅広い。一方、緑川下流左岸地域では、基準を超えるフッ素を含む井戸の深度は、10～50 m に多いことから、地下水のふっ素濃度について、井戸深度と地質分布の面からの考察を行った。

有明海・八代海における底質からの栄養塩の溶出について

大津一哲，中堀靖範

有明海・八代海の各 10 地点において底質中の間隙水及び、底質直上水の栄養塩濃度を測定し、底質からの溶出速度を算出した。その結果、三態窒素は $0.1\sim 27 \text{ mg/m}^2/\text{day}$ 、 $\text{PO}_4\text{-P}$ は $-0.05\sim 1.8 \text{ mg/m}^2/\text{day}$ 程度の溶出があり、両海域への窒素・リン負荷の一因となっていると考えられた。

ダイヤルインシステムによる

各部室への直通電話のご案内

(市外局番 0964)

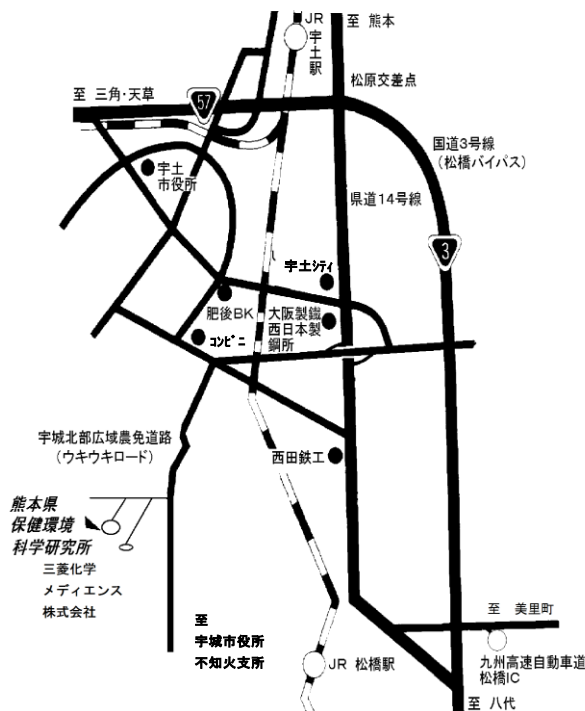
総務課 (代) 23-5771

微生物科学部 23-5794

生活化学部 23-5795

大気科学部 23-5924

水質科学部 23-5936



平成 24 年度版 所報編集委員会

委員長 古田 祥史

副委員長 坂本 富明

委員 吉岡 健太 吉田 達雄

豊永 悟史 永田 武史

熊本県保健環境科学研究所報

平成 24 年度 第 42 号

2012

編集

熊本県保健環境科学研究所

〒869-0425

熊本県宇土市栗崎町 1240-1

T E L (0964) 23-5771 (代)

F A X (0964) 23-5260

熊本県保健環境科学研究所

〒869-0425 熊本県宇土市栗崎町1240-1

TEL (0964)23-5771(代) FAX (0964)23-5260

Kumamoto Prefectural Institute
of Public-Health and Environmental Science
1240-1 Kurisaki-machi, Uto City
Kumamoto 869-0425, Japan

発行者：熊本県

所属：保健環境科学研究所

発行年度：平成25年度