

3・3 誌上発表論文抄録

First Complete Genome Sequences of Human Sapovirus Strains Classified as GI.3, GI.4, GI.6, GI.7, and GII.7

Genome Announcements, Volume 6 Issue 12 e00168-18, (2017).

Tomoichiro Oka^{*1}, Nobuhiro Iritani^{*2}, Mineyuki Okada^{*3}, Tomoko Ogawa^{*4}, Setsuko Iizuka^{*5}, Chika Tatsumi^{*5}, Seiya Harada, Kei Haga^{*1}, Yen Hai Doana^{*1}

^{*1} Department of Virology II, National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan

^{*2} Division of Microbiology, Osaka Institute of Public Health, Osaka, Japan

^{*3} Chiba Prefecture Toso Meat Inspection Office, Chiba, Japan

^{*4} Division of Virology, Chiba Prefectural Institute of Public Health, Chiba, Japan

^{*5} Division of Virology, Shimane Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, Shimane, Japan

We report the first complete genome sequences of genotype GI.3, GI.4, GI.6, GI.7, and GII.7 sapovirus strains, detected from fecal samples of acute gastroenteritis patients. Complete or nearly complete genome sequences of all 18 genotypes of human sapoviruses are now available for phylogenetic analysis and primer design.

Recombinant type Human mastadenovirus D85 associated with epidemic keratoconjunctivitis since 2015 in Japan

Journal of Medical Virology Volume 90, Issue 5, May 2018, Pages 881-889

Shintaro Hashimoto, Gabriel Gonzalez^{*1}, Seiya Harada, Hideo Oosako, Nozomu Hanaoka^{*2}, Rikutarō Hinokuma^{*3}, Tsuguto Fujimoto^{*2}

^{*1} Division of Bioinformatics, Research Center for Zoonosis Control, Hokkaido University, Sapporo, Japan

^{*2} Infection Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Disease, Tokyo, Japan

^{*3} Hinokuma Eye Clinic, Kumamoto, Japan

The aim of this study was to report the emergence of a recombinant human mastadenovirus (HAdV) type 85 (HAdV-85) and to describe its genomic and clinical characteristics. The strains were detected and identified in Japan in cases of adenoviral conjunctivitis including epidemic keratoconjunctivitis (EKC). The type was designated as HAdV-85 based on the novel combination of penton base (P = HAdV-37), hexon (H = HAdV-19), and fiber (F = HAdV-8). The whole genome sequence determined for HAdV-85 was compared against sequences of other types in the same species. The results of the phylogenetic analysis suggested a recombinant origin between HAdV-53 and HAdV-64, which have been two major causes of adenoviral EKC in Japan over the past decade. During the period between 2008 and 2016 in Kumamoto city, southwest of Japan, 311 cases diagnosed with conjunctivitis were diagnosed as being the consequence of adenoviral infections. Among them, 11 cases were determined to have been caused by HAdV-85 since 2015. Thus, HAdV-85 could be an emerging causative agent of adenoviral conjunctivitis.

3・4 学会・研究会発表抄録

3・4・1 所外における学会・研究会

8年間にわたる眼科定点調査で検出されたヒトアデノウイルス流行型の推移と新たに発見された流行性角結膜炎起因病原体

第58回日本臨床ウイルス学会 平成29年5月27日 長崎県

橋本慎太郎*

* 現阿蘇地域振興局保健福祉環境部

流行性角結膜炎（EKC）はヒトアデノウイルス（HAdV）の感染を主因とする感染症であり、近年、HAdV D種の8型、19型、37型等に加え、新型である53型、54型、56型の検出報告が増加している。そこで今回、熊本県で2008～2015年度に検出されたHAdVの分子疫学解析を行った。結膜ぬぐい液692件中295件（43%）から13種類の型のHAdVが検出された。その内訳は37型が74件（25.0%）、54型が60件（20.3%）、56型が43件（14.6%）等であり、4型、8型、37型、53型および54型には流行年度がみられた。また、2015年11月以降、Penton領域/37型、Hexon領域/19型、Fiber領域/8型の新型と考えられる組み換えウイルスが8名から分離された。今回の新型候補株もEKCの全国流行など公衆衛生的に大きな影響を与える可能性を内在し、疫学的な精査が必須である。

猪から分離した多剤耐性サルモネラの薬剤耐性伝達試験結果

第66回九州地区獣医師大会 平成29年10月15日 沖縄県

松本一俊

サルモネラ属菌（Sal）は、家畜や家禽の消化管内に存在し、食中毒を引き起こす最近として重要である2016年2月に、猪の肝臓から分離した本邦初の多剤耐性S.Cholerasuis biotype Kunzendorf（SCK）の薬剤耐性機構について解析を行った。SCKの薬剤耐性遺伝子は約50kbのIncFIIA型プラスミド（Pls）にコードされ、接合伝達試験で耐性遺伝子が伝達された。Plsにより薬剤耐性が伝達されることから、野生動物間での薬剤耐性菌の拡大も懸念される。今後も野生鳥獣肉の検査を継続し、薬剤耐性菌等の浸潤状況を調査する予定である。

HUS患者から分離されたEHEC 76:H7（stx2陽性）について

第21回腸管出血性大腸菌感染症研究会 平成29年11月17～18日 鹿児島県

第66回九州地区獣医師大会 平成29年10月15日 沖縄県

第43回九州衛生環境技術協議会 平成29年10月12～13日 北九州市

小原敦美 松本一俊 近藤ひとみ 原田誠也 大迫英夫 李謙一* 伊豫田淳* 大西真*

* 国立感染症研究所細菌第一部

溶血性尿毒症症候群（HUS）を発症し、腸管出血性大腸菌（EHEC）の感染が疑われた患者便から、市販の病原大腸菌免疫血清（デンカ生研）には含まれていない、希なO血清型のEHEC O76:H7を分離した。しかし、患者便を塗抹培養した分離培地上のEHEC様のコロニーは、ほとんどが志賀毒素遺伝子（stx）陰性の腸管病原性大腸菌（EPEC）O76:H7であり、感染時にstx陽性であったEHEC O76:H7からStxファージが脱落したものと結論づけた。

平成28年度水生生物調査で見られた指標生物減少に関する考察

内田大智 前田敏孝*¹ 渡邊和博*²

*¹ 現環境生活部環境保全課 *² 現病院局診療部

第43回九州衛生環境技術協議会生物分科会 平成29年10月12～13日 北九州市

県内35地点で実施している水生生物（底生生物）の平成28年度モニタリング調査において、観察された指標生物の総個体数の減少が確認されたため、その要因等について考察した。

県内35地点のうち6地点では特に大きな影響を受けており、その要因は1地点が熊本地震、残る5地点が平成28年6月の大雨と推察された。また、25種の指標生物のうち、生活型が固着型のものや摂食機能群がコレクターであるものが大きく影響を受けていると考えられた。

3・4・2 第18回熊本県保健環境科学研究所研究発表会(平成29年11月17日)

イヌ等の動物由来感染症病原体の保有状況について

松本一俊 原田誠也 小原敦美 大迫英夫

動物由来感染症とは、動物から人に感染する病気の総称である。日常生活において、ペット（伴侶動物）や食品としての野生動物（ジビエ）等に接する機会があるが、それらの動物にはどのような病原体を持っているか不明なことがあり、直接感染、節足動物及び動物性食品（獣肉等）媒介等により健康被害が起きる可能性がある。そこで身近な動物がどのような感染症の病原体を保有しているかについて調査した。

熊本県におけるエンテロウイルス感染症の流行状況と分子疫学的解析

酒井崇 日高直子*¹ 吉岡健太*² 橋本慎太郎*³ 原田誠也 大迫英夫

*¹ 芦北地域振興局保健福祉環境部 *² 健康福祉部健康危機管理課

*³ 現阿蘇地域振興局保健福祉環境部

エンテロウイルスは手足口病やヘルパンギーナなど主に小児の間で様々な感染症の原因となるウイルスである。

今回は、近年のエンテロウイルスの検出状況を疾患別に報告すると共に、2017年度に流行した手足口病の病原エンテロウイルスの1つであるコクサッキーウイルス A6について解析を行った。

クワズイモ食中毒検査事例—LC/MS/MSによるシュウ酸分析法の開発—

西名武士

クワズイモは、葉及び葉柄の様子がサトイモとよく似ていることから、誤って喫食されることによる食中毒事例が後を絶たず、本県においても、平成27年度に、クワズイモをサトイモと誤認したことによる食中毒事例が発生した。

当所では、本事例において、クワズイモに含まれるシュウ酸を、LC/MS/MSを用いて分析・同定する手法を検討し、良好な結果が得られた。

LC/MS/MSによる食品添加物の迅速一斉分析法の開発

山口奈穂 西名武士

食品添加物は、食品の加工若しくは保存の目的で使用される物質であり、食品毎に使用基準が設定されている。本県では、使用実態及び過去の検査結果から違反の蓋然性の高い食品添加物を中心に約40項目の検査を行っているが、そのほとんどが個別分析法であるため、操作が煩雑で時間がかかっていた。

そこで、今回、検査の迅速化を目的に、食品添加物計38項目を対象とした迅速一斉分析法の検討を行ったところ、良好な結果が得られた。

大気環境測定車を用いた PM2.5 による大気汚染状況調査(菊陽町編)

山本裕典 北岡宏道 宮本俊*¹ 出納由美子*² 松崎達哉

*¹ 環境生活部環境保全課 *² 現(公財)熊本県環境整備事業団

平成 25 年 1 月における深刻な大気汚染を機に、日本国内でも大気汚染物質 PM2.5 への関心が急速に高まり、本県では現在 28 ヶ所の測定局において、PM2.5 を常時監視し、注意喚起を発出する際は、県内を 4 地域に区分して実施している。今回、測定局が設置されていない菊陽町に大気環境測定車を設置し、PM2.5 による大気汚染状況を調査し、既存の PM2.5 の測定局との類似性を検証した。

WRF/CMAQ を用いた PM2.5 の発生源寄与解析

—PMF モデルによる発生源寄与との比較—

松崎達哉 出納由美子*¹ 古澤尚英*² 豊永悟史*²

*¹ 現(公財)熊本県環境整備事業団 *² 環境生活部環境保全課

熊本県の PM2.5 主要発生源および越境・地域汚染の影響を把握するために、化学輸送モデル CMAQ を用いて 2014 年冬季の熊本県を対象とした発生源寄与を求めた。PMF モデルによる発生源寄与と比較したところ、越境汚染の寄与について有意な相関が得られ、両モデルの結果の妥当性が支持された。PMF の「2 次生成硝酸塩+塩化物」因子は CMAQ の「九州」寄与と有意な相関が得られたが、宇土と益城で相関が違い、このことは NH₃ の地域汚染と類似性がみられた。

県内河川における重金属等の調査結果

渡邊和博* 本田智宣

* 現病院局診療部

熊本県内河川の重金属等 19 項目の調査結果を平成 18 年 4 月から平成 29 年 1 月までとりまとめ、重金属等 19 項目から河川の環境変化及び特徴について考察した。河川の環境変化について、この 11 年間で大きな濃度変化は見られなかったが、海水の影響により一時的に高濃度となる河川及び同一河川で合流の影響により上流から下流にかけて濃度変化する河川が確認された。

平成 28 年度水生生物調査で見られた指標生物減少に関する考察

前田敏孝*¹ 渡邊和博*²

*¹ 現環境生活部環境保全課 *² 現病院局診療部

平成 28 年に実施した熊本県内河川の水生生物調査では、例年と比べて出現した指標生物の個体数が大きく減少していた。その原因を考察したところ、平成 28 年に起きた自然災害(平成 28 年熊本地震及び梅雨時期の豪雨)との関連性が高いことが示唆された。また、指標生物の減少が大きかった地点のデータを解析したところ、漂流物や堆積物を餌とする定住性の高い生物が共通して大きな影響を受けたと考えられた。