

患者とその家族、患者の入院時に接触した医療関係者および衛環研職員等計 46 名の疫学調査を実施した。同意を得て採取された血清について、感染研で中和試験と蛍光抗体法による血清学的検査が行われた結果、患者以外は全て陰性（検出限界値以下）であった。今回分離されたウイルスは通常オオコウモリなどに存在し、ヒトへの感染例は過去に 2 例の報告（論文報告は 1 例のみ）しかない。今回の事例では、コウモリとの接触は確認されておらず、感染源は不明であった。東南アジア地域から帰国後に急性呼吸器感染症を呈した患者の病原体診断にあたっては、高病原性鳥インフルエンザの鑑別診断とともに原因ウイルスを正確に決定し、保健所や医療機関との連携、情報還元・提供することが必要である。

・ Nobuo Koizumi^{*1}, Maki Muto^{*1}, Seigo Yamamoto^{*2}, Yoshitaka Baba^{*3}, Momotoshi Kudo^{*3}, Yoshinobu Tamae^{*4}, Koji Shimomura^{*5}, Ichiro Takatori^{*2}, Akira Iwakiri^{*2}, Koji Ishikawa^{*6}, Hirotohi Soma^{*6} and Haruo Watanabe^{*1}

○ Investigation of Reservoir animals of *Leptospira* in the Northern Part of Miyazaki Prefecture

^{*1}: National Institute of Infectious Disease, ^{*2}: Miyazaki Prefectural Institute for Public Health and Environment, ^{*3}: Nobeoka Public Health Center, ^{*4}: Takachiho Public Health Center, ^{*5}: Hyuga Public Health Center, ^{*6}: Department of Public Welfare and Health.

We surveyed reservoir animals of leptospires in the northern part of Miyazaki Prefecture, where a cluster of human leptospirosis had occurred during the summer of 2006. *Leptospira* was isolated from 6 of 57 large Japanese field mice (*Apodemus speciosus*). The serogroups of the isolates were Autumnalis(5 strains) and Hebdomadis(1 strain) and the partial nucleotide sequences of their *flaB* genes suggested that the isolates belonged to *L. interrogans*. The human patient sera reacted specifically with the *Leptospira* strain isolated from the mice captured around the area where each patient occurred, suggesting that mice are the source of human infection. We also detected leptospiral DNAs by

flaB-polymerase chain reaction in the kidneys of large feral animals; wild boars(positive ratio 10.3%; 4 of 39) and deer(19.2%; 10 of 52). The *Leptospira* spp. harbored by these animals were deduced to be *L. interrogans* (in 5 animals) and *L. borgpetersenii* (in 9 animals) by the nucleotide sequences of the amplicons. Anti-*Leptospira* antibodies were also detected among symptomatic hound dogs. These results suggest that these feral animals may cause leptospirosis and pose a potential risk to hunters and workers in the meat processing industry.

2 学会及び研究発表会

・ 塩山陽子, 山本正悟, 岩切章, 佐藤弘^{*1}, 中島一敏^{*1}, 大山卓昭^{*1}, 谷口清州^{*1}, 岡部信彦^{*1}, 鈴木智之^{*2}, 高橋亮太^{*2}, 小泉信夫^{*3}

○宮崎県におけるレプトスピラ症の発生とその対応

第 82 回日本感染症学会総会

(2008 年 4 月 17 日, 18 日 島根県松江市)

^{*1}: 国立感染症研究所 感染症情報センター, ^{*2}: 国立感染症研究所 実地疫学専門家養成コース (FETP), ^{*3}: 国立感染症研究所 細菌第一部

宮崎県では平成 18 年 8 月から 9 月に 8 例のレプトスピラ症患者が発生した。このため、本事例の全体像の確認、感染経路・感染源・感染危険因子を特定するための積極的疫学調査と動物の調査を実施した。

積極的症例探索の結果、新たな患者は確認されなかった。8 例中 7 例は県北部、1 例は県中部に居住し、男女比 5:3、年齢 53 歳-77 歳（中央値 62.5 歳）であった。症例の居住地は広域に分布し共通の行動場所はなく、居住地域毎に異なる 4 血清型のレプトスピラ感染が示唆された。症例対照研究の結果、感染の危険因子は農作業時・野鼠接触時の防護具の未使用、接触皮膚面の創傷であることが示され、感染源は山に近い農地における汚染された土・水と野鼠、それらへの直接接触等が感染経路と考えられた。

患者の居住地・農地付近で捕獲された野鼠、県北部で捕獲されたイノシシ(4/39 頭)、シカ(12/52 頭)、タヌキ(1/1 頭)の腎臓から *flaB* 遺伝

子が検出された。また、ほぼ県内全域の臨床獣医師より愛玩犬及び狩猟犬での発生が報告された。

8 症例は、単一の感染源による集団発生ではなく、慢性的な地域流行の一部と考えられ、本症は把握されている以上に存在していることが示唆された。また、動物や生活環境が広い範囲でレプトスピラに汚染されていることが示唆され、県内全域で感染する可能性があることが推定された。宮崎県では、これらの調査結果から県民への啓発、医療従事者・獣医師等に対する講演会等を実施した。また、平成 19 年度はヒトとイヌの強化サーベイランスを実施し、本症への感染予防に取り組んでいる。

なお、衛生微生物技術協議会第 29 回研究会（平成 20 年 6 月 24 日～25 日、東京都）のシンポジウムにおいて、同様の演題で報告を行った。

・岩切章^{*1}、山本正悟^{*1}、三浦美穂^{*1}、塩山陽子^{*1}、河野喜美子^{*1}、川畑紀彦^{*1}、影山努^{*2}、水谷哲也^{*2}、酒井宏治^{*2}、永田典代^{*2}、森川茂^{*2}、小田切孝人^{*2}
○東南アジアから帰国時に急性呼吸器症状を呈した患者からの Orthoreovirus の分離・同定
第 29 回衛生微生物技術協議会

（2009 年 6 月 25 日 東京都）

^{*1}：宮崎県衛生環境研究所，^{*2}：国立感染症研究所

平成 19 年 11 月 22 日、東南アジアからの帰国者に高病原性鳥インフルエンザの要観察例が発生し、検査の結果インフルエンザ H5N1 の感染は否定されたが、過去に国内で報告のないオルトレオウイルスが分離された。原因ウイルスの同定とともに、患者との接触者等の感染の可能性について、日南保健所、宮崎市保健所、県立宮崎病院、健康増進課および国立感染症研究所（感染研）と共同で調査した。

・岩切章^{*1}、山本正悟^{*1}、三浦美穂^{*1}、川畑紀彦^{*1}、成松将吾^{*2}、鈴木祥広^{*2}

○集団嘔吐下痢症事例と下水流入水中から検出された胃腸炎ウイルス

第 56 回日本ウイルス学会学術集会

（2009 年 10 月 26 日 岡山県）

^{*1}：宮崎県衛生環境研究所，^{*2}：宮崎大学工学部 土木環境工学科

平成 19 年 11 月～平成 20 年 4 月迄に、県内で発生があった集団嘔吐下痢症 33 事例（感染症 28 事例，調理者を介した食中毒 2 事例，カキ関連嘔吐下痢症 3 事例）の患者由来糞便および県内の 2 ヶ所の下水処理場で毎月 1 回採取した下水流入水の片山等の方法による濃縮処理材料について、ノロウイルス（NV），サポウイルス（SaV），アストロウイルス（AstV），アイチウイルス（AichiV），A 型肝炎ウイルスの分子疫学的調査を行い、検出状況を比較した。集団嘔吐下痢症 33 事例のうち、29 事例の集団感染症と調理者を介した食中毒事例からは NV genogroup II（NVG II）が検出された。そのうち遺伝子解析を行った 6 事例からは、全て NVG II/4 が検出され、原因ウイルスと同定された。カキ関連嘔吐下痢症 3 事例の患者からは、NVG I/4，NVG I/11，NVG II/16 および SaVG II が検出された。下水流入水からは、毎月、 $10^1 \sim 10^3$ copies/ml の NV と SaV が検出され、NVG I/4，NVG II/3，NVG II/4，NVG II/13 と SaVG I，SaVG II が検出された。また、AstV と AichiV Genotype A が、毎月検出されたが、A 型肝炎ウイルスは検出されなかった。集団嘔吐下痢症患者と下水流入水から検出された NV や SaV では、それぞれ異なる遺伝子型が検出された。調査期間中に、SaV による集団嘔吐下痢症は確認できなかったが、下水流入水からは、毎月 NV と同程度の SaV が検出され、AstV や AichiV も頻繁に検出されることが判明した。ウイルス性集団嘔吐下痢症事例の患者由来糞便と下水流入水から検出される主な胃腸炎ウイルスの検出状況を比較・調査することは、地域の嘔吐下痢症ウイルスの流行や不顕性感染の可能性および水環境中のウイルスの生息状況を把握するのに適している。

・岩切章^{*1}、山本正悟^{*1}、三浦美穂^{*1}、川畑紀彦^{*1}、岡智一郎^{*2}、片山和彦^{*2}、武田直和^{*2}

○リアルタイム PCR 法を用いた胃腸炎患者の糞便中のサポウイルスの排泄期間の解析

第 56 回日本ウイルス学会学術集会

（2008 年 10 月 27 日 岡山県）