

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<sup>\*1</sup>、山本正悟<sup>\*1</sup>、三浦美穂<sup>\*1</sup>、塩山陽子<sup>\*1</sup>、河野喜美子<sup>\*1</sup>、川畑紀彦<sup>\*1</sup>、影山努<sup>\*2</sup>、水谷哲也<sup>\*2</sup>、酒井宏治<sup>\*2</sup>、永田典代<sup>\*2</sup>、森川茂<sup>\*2</sup>、小田切孝人<sup>\*2</sup>  
○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）

<sup>\*1</sup>：宮崎県衛生環境研究所，<sup>\*2</sup>：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<sup>\*1</sup>、山本正悟<sup>\*1</sup>、三浦美穂<sup>\*1</sup>、川畑紀彦<sup>\*1</sup>、成松将吾<sup>\*2</sup>、鈴木祥広<sup>\*2</sup>

○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）

<sup>\*1</sup>：宮崎県衛生環境研究所，<sup>\*2</sup>：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<sup>\*1</sup>、山本正悟<sup>\*1</sup>、三浦美穂<sup>\*1</sup>、川畑紀彦<sup>\*1</sup>、岡智一郎<sup>\*2</sup>、片山和彦<sup>\*2</sup>、武田直和<sup>\*2</sup>

○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）

\*1: 宮崎県衛生環境研究所, \*2: 国立感染症研究所

2002年5月に宮崎県内で発生したサポウイルス(SaV)の集団感染事例について、糞便中のSaV-RNAについて経時的な定量解析を行った。小学校で発生した集団嘔吐下痢症事例41人中7人からSaVが検出され、そのうち経時的な追跡調査が可能であった6名(生徒, 4名教員2名)について調査を施行した。また、障害者更生関連施設での集団嘔吐下痢症事例17人中13人からSaVが検出され、そのうち11名(12歳~20歳の入所者)について調査を施行した。これらの事例の便検体は、保健所の協力の元、患者から糞便を採取し、リアルタイムRT-PCRを用いて定量的にSaV遺伝子の検出を行った。発症後7日間以内のSaV遺伝子のコピー数を測定したところ、糞便1gあたりの排泄コピー数は、 $1.9 \times 10^5 \sim 8.3 \times 10^9$ copiesであった。発症後、SaV遺伝子の排泄が7日間以上確認されたのは、小学校の事例で3名(A:10歳, B:11歳, C:12歳の小学生)、障害者更生関連施設事例では3名(D:15歳, E:14歳, F:12歳)の計6名であった。これら6名の患者(A~F)の発症後の日数と糞便1gあたりSaV遺伝子のコピー数は、A;発症後3日に $8.3 \times 10^9$ copies, 12日後に $4.4 \times 10^6$ copies, B;10日後に $5.3 \times 10^7$ copies, C;14日後に $9.4 \times 10^5$ copies, D;発症後6日に $2.9 \times 10^8$ copies, 14日に $2.7 \times 10^6$ copies, 28日後に $2.4 \times 10^5$ copies, E;3日後に $2.2 \times 10^9$ copies, 11日後に $2.3 \times 10^5$ copies, F;1日後に $2.2 \times 10^7$ copies, 11日後に $7.9 \times 10^5$ copiesであった。A, D, E, およびFでは、いずれもSaV遺伝子の排泄量の経時的な減少が認められた。BとCについては2回目以降陰性となった。発症後31日で全症例のSaV遺伝子は陰性となった。急性感染性胃腸炎患者糞便中のSaV遺伝子は発症後数日から約2週間、長い例では約1ヶ月間にわたって排出されていることが明らかとなった。

・山本正悟\*1, 岩切章\*1, 三浦美穂\*1, 安藤秀二\*2, 岸本壽男\*2

○宮崎県南部における日本紅斑熱のベクター

第82回日本感染症学会総会

(2008年4月17日 島根県)

\*1: 宮崎県衛生環境研究所, \*2: 国立感染症研究所

[目的] 日本紅斑熱は、*Rickettsia (R.) japonica*を原因とする急性熱性発疹性疾患で、病原体を保有するマダニによって媒介される。宮崎県においても、年間数例の感染例が確認されており、2007年7月にも宮崎県南部で患者が確認された。このため、感染地区におけるベクターを推定することを目的に、マダニの調査を実施したので報告する。

[方法] 2007年9月初旬および10月初旬に、患者が感染したと推定される畑周辺と住居近くの竹林で、フランネル布を用いた旗振り法により、植生上からマダニを採取した。採取したマダニをイソジン加エタノールで消毒した後、1個体ずつ滅菌したガラス棒でつぶして内容物をphosphate-glutamate-sucrose液に取り出し、その一部を単層培養したL929細胞に接種して、*R. japonica*の分離を試みた。分離株は、*R. japonica*の17kDaタンパク質をコードする遺伝子の断片を特異的に増幅するPCR法により、*R. japonica*であることを同定した。また、リケッチア属の17kDaタンパク質遺伝子を増幅するプライマーを用いてPCRを行い、ダイレクトシーケンシング法により増幅産物の塩基配列を決定し、標準株(YH株)と比較した。

[結果および考察] タカサゴキララマダニ、ヤマアラシチマダニ、キチマダニ、タカサゴチマダニ、フタトゲチマダの2属5種のマダニが採取され、宮崎県で通常見られるマダニ相であった。また、これらのマダニのうち、ヤマアラシチマダニの若虫からリケッチア様の短桿菌が分離され、特異的なPCR法及び17kDaタンパク質遺伝子の塩基配列から、*R. japonica*であることが確認された。これらの結果から、調査地区におけるベクターはヤマアラシチマダニであることが示唆される。

・山本正悟\*1

○九州本土域にみる日本紅斑熱の発生と媒介マダニ—広がる掘り起こし—

第60回日本衛生動物学会(2008年4月19日)