行うとともに，家族内調査においてワクチン既接種の無症状者から菌が分離されたのでその概要を報告する．

【方法】百日咳と診断された乳児の家族 8 名から同意を得て鼻咽頭ぬぐい液を採取し，DNA 抽出後, IS*481*, IS*1001*, B2M (beta-2 microglobulin : ヒト陽性コントロール）を標的とした real-time PCR 法を行った．IS*481* が陽性の場合は LAMP 法で *B. pertussis* の確認を行った．菌の分離は独自に改良した最終濃度 5mM のピルビン酸 Na 添加 CSM 培地を用いた．なお，菌が分離された場合は *Xba I* を用いた PFGE を実施した．

【結果】家族 8 名中 5 名が LAMP 法陽性，百日咳菌分離陽性であった．PFGE の結果から，分離された 5 株は同一由来と考えられた．5 名中 2 名は無症状の小児で，ワクチンをそれぞれ 3，4 回接種していた（最終接種からそれぞれ 1，7 年経過）．さらに，B2M との比較から無症状でも菌量が多いことが推測された．

【考察】近年，海外での動物感染実験や疫学解析等の結果から，現行ワクチンは症状を軽減させるが，感染や菌の増殖は抑えられないことが報告されている．今回の結果から，本県においても同様の事例があると考えられた．また，ワクチン未接種の乳児に対する感染源として，青年・成人層が問題にされているが，加えて無症候性保菌者も感染源になる可能性があり，抗菌薬の予防投与範囲は慎重に設定する必要があるものと思われた．

なお，ピルビン酸 Na 添加 CSM 培地は原法に比べ百日咳菌のコロニーが大きく，数も 2～3 倍多く検出できることから，日常検査における百日咳菌の分離に有用であると考えられた．

○比較ゲノムによる腸管出血性大腸菌O145:H28 の多様性解析

・中村佳司[1]，村瀬一典[2]，伊藤武彦[3]，ジャック メニエール[4]，吉野修司[5]，黒木真理子[5]，木全恵子[6]，磯部順子[6]，勢戸和子[7]，江藤良樹[8]，前田詠里子[8]，緒方喜久代[9]，成松浩志[9]，齋藤志保子[10]，八柳潤[10]，伊豫田淳[11]，大西真[11]，大岡唯祐[12]，後藤恭宏[1]，小椋義俊[1]，林哲也[1]

[1]九大院・医・細菌，[2]京大院・医・微生物感染症，[3]東工大院・生命理工，[4]リエージュ大・獣医・細菌，[5]宮崎県衛環研・微生物，[6]富山県衛研・細菌，[7]大阪府公衛研・感染症，[8]福岡県保環研・保健科学，[9]大分県衛環研・微生物，[10]秋田県健康環境センター・細菌，[11]感染研・細菌第一，[12]鹿児島大院・医歯学・微生物学

「第 90 回日本細菌学会総会(平成 29 年 3 月 19 日～21 日　仙台市)」

腸管出血性大腸菌（EHEC）は志賀毒素（Shiga toxin，Stx1 およびStx2）など，様々な病原因子を産生する．当研究室では，EHEC の代表的なO 血清群であるO157，O26，O111，O103 の全ゲノムを解読し，病原性進化機構の解明等を進めている．本研究では，国内外でO157 に次いで重要とされる血清群の一つであるO145 のゲノム多様性の実体解明を目的として，血便患者由来10942 株の全ゲノム配列決定とこれを参照配列とした比較ゲノム解析を行った．10942 株の染色体は 5,374 kb で，93 kb の病原プラスミドを保持していた．他のEHEC 血清群と同様に，染色体上に多数のプロファージを有し，3 型分泌系エフェクターなどの病原因子レパートリーも他のEHEC と類似していた．このことから，O145 もO157 等と同じく水平伝播により多数の病原遺伝子を獲得し，EHEC へ進化したと考えられた．国内とベルギーで分離された50 株の概要ゲノム配列を取得し，ゲノム配列に基づく高精度系統解析を実施するとともに，Stx2 ファージゲノムの配列決定とStx2 産生量の測定を行った．その結果，O145 には複数の亜系統が存在すること，さらに亜系統によってStx2 ファージの挿入部位およびゲノム構造が異なり，Stx2 産生量も亜系統による違いが見られた．以上のことから，O145 には比較的多様な遺伝系統の菌株が存在していることが推察された．各株のStx2 産生量の違いとStx2 ファージのタイプの関連性等については，各株の系統を考慮したより詳細な解析を行う必要があると考えられた．

○国内外で分離された521 株の腸管出血性大腸菌O26 の全ゲノム系統解析と病原遺伝子レパートリー解析

・小椋義俊[1]，黒木真理子[2]，吉野修司[2]，木全恵子[3]，磯部順子[3]，勢戸和子[4]，前田詠里子[5]，江藤良樹[5]，楠本正博[6]，秋庭正人[6]，石嶋希[7]，李謙一[7]，伊豫田淳[7]，大西真[7]，大岡唯祐[8]，後藤恭宏[1]，

林哲也[1)]
[1)]九州大院・医・細菌，[2)]宮崎県衛環研・微生物，[3)]富山県衛研・細菌，[4)]大阪府公衛研・感染，[5)]福岡県保環研・保科，[6)]動衛研・細菌・寄生虫，[7)]感染研・細菌第一，[8)]鹿児島大院・医歯・微生物
「第90回日本細菌学会総会(平成29年3月19日～21日　仙台市)」
【目的】腸管出血性大腸菌（EHEC）感染症では，O157 による症例が最も多いが，non-O157 EHEC による集団感染事例も世界中で頻発している．国内のnon-O157 EHEC では，O26 による事例が最も多い．O26はMLST 解析によりST21 とST29 に大別される．EHEC の主要病原因である志賀毒素（Stx）には，Stx1 とStx2 が存在し，Stx2 産生性が重症化に深く関わっていることが知られているが，近年，欧州諸国において, ST29 のStx2 単独陽性の高病原性クローンが問題となっており，世界各地への伝播が警戒されている．本研究では，国内外のO26 株について，系統分布の解析とStx2 やその他病原遺伝子の分布を解析した．
【方法】国内分離株284（32 株はウシ由来）と海外分離株56 株（27 株はウシ由来）を収集し，Illumina HiSeq でシーケンスした．また，公共DB から，国内外の137 株（44 株はウシ由来）のゲノム情報を取得した．計521 株について，Stx型別，MLST，全ゲノム系統解析，病原遺伝子の保存性を解析した．
【結果と考察】国内分離株の大部分はST21 であり，欧州のST29 Stx2単独陽性株は，わずかに存在する程度であった．一方，ST21 の様々な亜系統において，Stx2 の伝播が次々と起こっていることが判明し，新たな強毒クローンの出現が懸念される．その他の病原遺伝子については，各O26株間で高く保存されていた．

○九州・沖縄・山口地方酸性雨共同調査研究（第Ⅳ期）について
・岡田守道[1)]，赤﨑いずみ，三角敏明
[1)] 現　宮崎県延岡保健所
「第 42 回九州衛生環境技術協議会
（平成 28 年 10 月 13 日　福岡市)」
九州・沖縄・山口地方酸性雨共同調査研究（第Ⅳ期）により平成 14～26 年度のデータを解析した結果，本地方の pH の平均は，平成 17 年度までは全国平均より高い値であったが，平成 24 年度以降は全国平均が上昇しているのに対し，本地方では低下の傾向にあった．NO_3^-濃度は九州北部で最も高く，大陸からの季節風が吹く冬季に増加傾向にあることから，大陸からの影響が示唆された．非海塩性 SO_4^{2-}濃度は，平成 18 年度から 19 年度を境に増加傾向からわずかに減少傾向に変わっており，これは大陸での SO_2 排出量の変動と連動した挙動であったが，一方，九州西部及び南部では平成 23 年度以降濃度が逆に増加していることから，活動が活発化している桜島や阿蘇山など，火山の影響が示唆された．

○河川環境保全のための養豚場に対する重点監視指導について
・中山能久，島田玲子，三角敏明
「第 42 回九州衛生環境技術協議会
（平成 28 年 10 月 13 日　福岡市)」
本県は，肉用牛や豚などの畜産業が盛んであり，畜産施設を原因とする悪臭や水質汚濁に係る苦情も多い．今回，日間平均排出水量が 50 ㎥未満のため，排出水の水質検査のみでは指導に限界がある複数の養豚場に対し，保健所と連携した集中的な指導を実施した．排出水の水質測定を実施し，結果を当所が独自に開発したペンタダイアグラムを用いて解析した．解析結果に基づき各養豚場における水処理の改善点を推定した資料を保健所に提供し，改善指導を行った結果，いくつかの養豚場においては排出水の水質が改善し，河川の水質改善につなぐことができた．

○宮崎県における『水辺環境学習・調査』の充実化に向けた取組
・廣池勇太[1)]
[1)] 現　宮崎県都城保健所
「第 42 回九州衛生環境技術協議会
（平成 28 年 10 月 13 日　福岡市)」
本県では，平成 17 年度に「五感を使った水辺環境指標」を創設し，同時に「水辺環境調査時の指導者用マニュアル」を作成，小中学生を対象とした水辺環境学習・調査を実施している．マニュアルは，保健所職員や市町村職員を指導者の対象