

## 他誌掲載論文(2016年10月～2017年9月)

### (1) Detection of gastroenteritis viruses among pediatric patients in Hiroshima prefecture, Japan, between 2006 and 2013 using multiplex reverse transcription PCR-based assays involving fluorescent dye-labeled primers

(Naoki Shigemoto, Yuri Hisatsune, Yasushi Toukubo, Yukie Tanizawa, Yukie Shimazu, Shinichi Takao, Tomoyuki Tanaka<sup>\*1</sup>, Mamoru Noda<sup>\*2</sup>, Shinji Fukuda<sup>\*3</sup>, J Med Virol, 89, 791-800, 2017)

小児の下痢症ウイルスを包括的に検査するため、これまでの4種のウイルス(ノロウイルスGI, ノロウイルスGII, サポウイルス, アストロウイルス)を検出する蛍光RTマルチプレックスPCR検査系にさらに2つの検査系(アイチウイルス, パレコウイルス, ボカウイルス)の検出系とA群ロタウイルス, C群ロタウイルス, アデノウイルスの検出系)を追加し、計10種のウイルスの包括的検査系を構築した。

2006年1月から2013年12月までに広島県内の小児下痢症患者から収集した便312検体を用い、本検査系でウイルスの検出を行ったところ、186検体から1つ以上のウイルスが検出された。ノロウイルスGIIが最も検出数が多く(32.7%), 以下A群ロタウイルス(10.6%), パレコウイルス(10.3%)であった。また、複数のウイルスが同時に検出された検体が37検体あり、その多くが2歳以下の患者から採取したもので、検出ウイルスの組み合わせではノロウイルスGIIとパレコウイルスが同時に検出される割合が高かった。

<sup>\*1</sup>堺市衛生研究所, <sup>\*2</sup>国立医薬品食品衛生研究所, <sup>\*3</sup>中国学園大学

### (2) Molecular evolution of the RNA-dependent RNA polymerase and capsid genes of human norovirus genotype GII.2 in Japan during 2004-2015

(Fuminori Mizukoshi<sup>\*1</sup>, Koo Nagasawa<sup>\*2</sup>, Yen H. Doan<sup>\*3</sup>, Kei Haga<sup>\*4</sup>, Shima Yoshizumi<sup>\*5</sup>, Yo Ueki<sup>\*6</sup>, Michiyo Shinohara<sup>\*7</sup>, Mariko Ishikawa<sup>\*8</sup>, Naomi Sakon<sup>\*9</sup>, Naoki Shigemoto, Reiko Okamoto-Nakagawa<sup>\*10</sup>, Akie Ochi<sup>\*11</sup>, Koichi Murakami<sup>\*2</sup>, Akihideo Ryo<sup>\*12</sup>, Yoshiyuki Suzuki<sup>\*13</sup>, Kazuhiko Katayama<sup>\*4</sup>, Hirokazu Kimura<sup>\*2,\*12</sup>, Front Microbiol, 8, 705, 2017)

2004～2015年に日本国内で収集された51株のノロウイルスGII.2をフルゲノムシーケンスし、RdRp及びVP1遺伝子についてベイジアンMCMC法により時系列系統樹解析を行った。4種類のRdRp-VP1の遺伝子型が認められ、そのうちGII.P2-GII.2とGII.P16-GII.2が主要な遺伝子型であった。時系列解析の結果から、GII.2のVP1

遺伝子の共通祖先は1956年頃に出現したと推定され、進化速度は $10^3$ 置換/部位/年と見積もられた。また、VP1遺伝子の進化はRdRp遺伝子に依存しており、これらによってノロウイルスGII.2は独自の進化をしたと考えられた。

<sup>\*1</sup>栃木県保健環境センター, <sup>\*2</sup>国立感染症研究所感染症疫学センター, <sup>\*3</sup>感染症研究所ウイルス第二部, <sup>\*4</sup>北里大学北里生命科学研究所, <sup>\*5</sup>北海道衛生研究所, <sup>\*6</sup>宮城県保健環境センター, <sup>\*7</sup>埼玉県衛生研究所, <sup>\*8</sup>川崎市健康安全研究所, <sup>\*9</sup>大阪府公衆衛生研究所, <sup>\*10</sup>山口県環境保健センター, <sup>\*11</sup>愛媛県立衛生環境研究所, <sup>\*12</sup>横浜市立大学, <sup>\*13</sup>名古屋市立大学

### (3) カルバペネマーゼ産生腸内細菌科細菌の検出状況及びその検査法

(増田加奈子, 秋田裕子, 平塚貴大, 高尾信一, 広島県獣医学会雑誌 32, 97-101, 2017)

2015～2016年に広島県で届出のあったカルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)感染症のうち、カルバペネマーゼ産生腸内細菌科細菌(CPE)による感染症の割合を調査するとともに、CPEの検査法の検討を行った。ディスク法及びPCR法により、CPEと判定されたのは31.6%(6/19株)であり、約7割がカルバペネマーゼ非産生腸内細菌科細菌(non-CPE)によるものであった。カルバペネマーゼ産生の簡易検査法(Carba NPテスト)及びCarbapenemase Inactivation Method(CIM)を行った結果、両検査法ともCPEの検出に有用であった。CPEはnon-CPEに比べ、多剤耐性傾向が強く、拡散伝播経路も複雑になりやすいため、両者を区別し、感染対策を講ずる必要がある。そのためには、CREの基準を満たすかどうかの確認だけでなく、CIMなどによりCPEであるかの確認を行うことが望まれる。

### (4) 犬からのメチシリン耐性コアグララーゼ陰性ブドウ球菌の検出

(増田加奈子, 秋田裕子, 平塚貴大, 上岡尚民<sup>\*1</sup>, 高尾信一, 広島県獣医学会雑誌, 31,121-124, 2016)

動物病院に来院した犬及び猫計17頭18検体からブドウ球菌(Staphylococci)の分離を試み、耐性菌の保有状況を調査したところ、犬4頭5検体からコアグララーゼ陰性ブドウ球菌(CNS: Coagulase-negative staphylococci)を分離した。猫からは4頭4検体全てで分離されなかった。犬から分離した5株うち4株がメチシリン耐性CNS(MRCNS)であり、それらは各種抗菌薬に耐性を示す傾向があった。MRCNSは、医学領域において術後感染などで問題となっているため、獣学領域においても耐性

菌を伝播させないために、標準予防策を遵守することが重要であると考えられる。

\*<sup>1</sup>うえおか動物病院

(5) 最近話題の食中毒菌エシェリキア・アルベルティイ  
(増田加奈子, 村上光一\*<sup>1</sup>, 食と健康, 719,8-14, 2016)

\*<sup>1</sup>国立感染症研究所 感染症疫学センター

エシェリキア・アルベルティイは2003年に新種として発表された菌種で、最近、本菌による食中毒が立て続けに発生している。本菌は同定するのが難しく、解明されていない点が多いため、今後も注目していく必要がある。