

1 学会誌への投稿

※当研究所職員は下線で示した。

Matsuda S, Kiyota N, Yoshizumi M, Noda M. Alteration in Serum Levels of Inflammatory Cytokines during Parainfluenza Virus Type 1 Infection in Patients with Severe Multiple Disabilities. *Jpn J Infect Dis.* 2014; 67(5): 392-6.

An epidemic of parainfluenza virus type 1 (PIV1) infection occurred in a hospital ward housing patients with severe motor and intellectual disabilities. Twenty-three infected patients exhibited persistent high fever for 4–16 days and decreased lymphocyte counts. One-half of the symptomatic patients had increased blood monocyte counts and the other half progressed to bronchitis or pneumonia. We also compared levels of 27 cytokines in the sera of 21 patients during the acute and normal phases of infection. Cytokine levels were measured with a bead immunoassay performed using the Luminex Multiplex System. Serum levels of interleukin (IL)-1Ra, C-C-motif chemokine (CCL) 2, and C-X-C-motif chemokine (CXCL) 10 significantly increased during the acute phase. In contrast, the serum level of CXCL8 decreased slightly. These results suggest the involvement of monocytes/macrophages and respiratory epithelial cells in the initial stage of PIV1 infection. A previous report using nasal wash samples also found a significant increase in levels of CXCL10 during the acute phase. Hence, CXCL10 may be a useful marker of a cytokine storm produced upon viral infection. However, alterations in levels of IL-1Ra, CCL2, and other cytokines differed between the 2 studies, suggesting that the cytokine profile produced systemically at viral infection is different from that produced at mucosal sites. Further analysis is required to clarify the mechanisms underlying cytokine production during PIV1 infections.

Hirano E, Kobayashi M, Tsukagoshi H, Yoshida LM, Kuroda M, Noda M, Ishioka T, Kozawa K,

Ishii H, Yoshida A, Oishi K, Ryo A, Kimura H. Molecular evolution of human respiratory syncytial virus attachment glycoprotein (G) gene of new genotype ON1 and ancestor NA1. *Infect Genet Evol.* 2014; 28C:183-191.

We conducted a comprehensive genetic analysis of the C-terminal 3rd hypervariable region of the attachment glycoprotein (G) gene in human respiratory syncytial virus subgroup A (HRSV-A) genotype ON1 (93 strains) and ancestor NA1 (125 strains). Genotype ON1 contains a unique mutation of a 72 nucleotide tandem repeat insertion (corresponding to 24 amino acids) in the hypervariable region. The Bayesian Markov chain Monte Carlo (MCMC) method was used to conduct phylogenetic analysis and a time scale for evolution. We also calculated pairwise distances (p-distances) and estimated the selective pressure. Phylogenetic analysis showed that the analyzed ON1 and NA1 strains formed 4 lineages. A strain belonging to lineage 4 of ON1 showed wide genetic divergence (p-distance, 0.072), which suggests that it might be a candidate new genotype, namely ON2. The emergence of genotype NA1 was estimated to have occurred in 2000 (95% of highest probability density, HPD; 1997-2002) and that of genotype ON1 in 2005 (95% HPD; 2000-2010) based on the time-scaled phylogenetic tree. The evolutionary rate of genotype ON1 was higher than that of ancestral genotype NA1 (6.03×10^{-3} vs. 4.61×10^{-3} substitutions/site/year, $p < 0.05$). Some positive and many negative selection sites were found in both ON1 and NA1 strains. The results suggested that the new genotype ON1 is rapidly evolving with antigenic changes, leading to epidemics of HRSV infection in various countries.

Mizuta K, Tsukagoshi H, Ikeda T, Aoki Y, Abiko C, Itagaki T, Nagano M, Noda M, Kimura H. Molecular evolution of hemagglutinin-neuraminidase (HN) gene in human parainfluenza virus type 3 (HPIV3) isolates from children with acute respiratory illness in Yamagata prefecture, Japan. *J Med Microbiol.*

2014;63(Pt 4):570-7.

We conducted detailed genetic analyses of the hemagglutinin-neuraminidase (*HN*) gene in 272 human parainfluenza virus type 3 (HPIV3) isolates from children with acute respiratory illness during the period 2002–2009 in Yamagata prefecture, Japan. A phylogenetic tree constructed by the Bayesian Markov Chain Monte Carlo (MCMC) method showed that the strains diversified at around 1946 and the rate of molecular evolution was 1.10×10^{-3} substitutions/site/year. Identity was high among the present strains (<90%) and the *p*-distances were short. Furthermore, we found four positive selection sites and some key amino acid substitutions in active/catalytic sites of the *HN* protein. The results suggest that the *HN* gene of HPIV3 in the present strains rapidly evolved, similarly to other virus genes such as the *G* gene of respiratory syncytial virus. However, the biological functions and detailed structures of the *HN* glycoprotein in some of these strains may have been altered.

Kimura H, Tsukagoshi H, Ryo A, Oda Y, Kawabata T, Majima T, Kozawa K, Shimojima M. Ebola Virus Disease: A Literature Review. Journal of Coastal Life Medicine. 2014; 4(1):930-5.

Ebola virus disease (EVD) is a life-threatening viral disease with a fatality rate ranging from around 30% to 90%. The first EVD outbreak was reported in the 1970s in Zaire (now the Democratic Republic of the Congo). Until 2013, most outbreaks occurred in the central Africa region, including Zaire, Sudan, and Uganda. However, between March and October 2014, over 10,000 cases of EVD have been recorded in West Africa, such as in Guinea, Liberia, Sierra Leone, and Nigeria, and a few hospital or secondary infections of EVD have occurred in Spain and the United States of America. EVD is presently one of the world's most feared diseases. In this literature review, we describe the epidemiology, clinical features, diagnosis, and treatment of EVD.

Tsujimoto S, Tsukagoshi H, Inai I, Yoshimoto Y, Daida A, Kusakawa I, Tanaka-Taya K, Ishii H, Saraya T, Kurai D, Oishi K, Ryo A, Kimura H. Apnea, dyspnea, and wheezing in primary lower respiratory infections due to human rhinovirus in Japanese infants. JMM Case Rep. 2014;1(3).

Human rhinovirus (HRV) is generally recognized as a common cold agent, but it can be associated with severe acute respiratory infection and result in illnesses such as pneumonia. Here, we report on manifestations of severe respiratory infection, including apnoea, dyspnea and wheezing, that might have been due to primary HRV infection, in two Japanese infants. Although both cases had a good outcome, the infants, a 40-day-old male and 2-month-old male, displayed the aforementioned symptoms with life-threatening bronchitis and hyperinflation, and received aggressive respiratory care (intubation or oxygen tent). HRV alone was detected in respiratory specimens. Genetic and phylogenetic analysis of the detected HRV revealed strains that are prevalent in various countries (HRV-A, genotype HRV-96 and HRV-C, genotype HRVC46). The results suggest that, besides respiratory syncytial virus, primary HRV infection in infants can be associated with severe respiratory symptoms such as apnoea, dyspnoea and wheezing in lower respiratory infections, although these cases may be rare.

Doi I, Nagata N, Tsukagoshi H, Komori H, Motoya T, Watanabe M, Keta T, Kawakami M, Tsukano T, Honda M, Ishioka T, Takeda M, Ryo A, Kuroda M, Oishi K, Kimura H. An outbreak of acute respiratory infections due to human respiratory syncytial virus (HRSV) in a nursing home for the elderly in Ibaraki, Japan, 2014. Jpn J Infect Dis. 2014;67(4):326-8.

Human respiratory syncytial virus (HRSV) may cause severe ARI such as pneumonia in infants. However, the epidemiology and pathogenicity of HRSV in elderly persons is not exactly known. We encountered an outbreak of ARI due to HRSV

infection in a nursing home for the elderly in Ibaraki during winter 2014. Here we report the molecular epidemiological analysis of the outbreak. Epidemiological investigation suggested that 3 of the 99 residents showed symptoms, such as cough, sore throat, acute wheezing, and pneumonia, in the middle of January 2014. Within 9 days, 21 other residents were identified as having similar symptoms. During this outbreak, the prevalence of infection in residents was around 24% (24/99) but the infection route could not be determined. Patients were aged from 68 to 97 years (81.5 ± 8.5 years; mean \pm standard deviation [SD]). The majority of the patients (21/ 24) resided on the second floor of the nursing home. We obtained 10 nasopharyngeal swab samples after obtaining verbal informed consent from the patients. HRSV alone was detected in 7 of the 10 samples and no other pathogens were found. The nucleotide identity of the analyzed regions (*G* gene) among the present strains was 100%. Phylogenetic analysis based on the HRSV *G* gene nucleotide sequences showed that the strains were HRSV subgroup B (HRSV-B) genotype BA. In addition, the present strains genetically resembled other domestic HRSV-B genotype BA strains detected in nearby areas (within a 100km radius) including in Gunma, Tochigi, and Kanagawa prefectures (93.2–99.9% nucleotide identity). All patients recovered without sequelae. Primary HRSV infection mainly occurs in infants. Moreover, HRSV reinfections in the elderly may be associated with severe respiratory infection (pneumonia) or exacerbation of asthma and chronic obstructive pulmonary disease. However, the epidemiology of HRSV infection in adults including elderly people is not exactly known. In the present cases, HRSV was detected in 70% of the collected samples. HRSV infection should be considered a possible cause in outbreaks among elderly persons with ARI presenting with pneumonia and acute wheezing.

Saraya T, Kurai D, Ishii H, Ito A, Sasaki Y, Niwa S, Kiyota N, Tsukagoshi H, Kozawa K, Goto H,

Takizawa H. Epidemiology of virus-induced asthma exacerbations: with special reference to the role of human rhinovirus. Front Microbiol. 2014;26(5):226.

Viral respiratory infections may be associated with the virus-induced asthma in adults as well as children. Particularly, human rhinovirus is strongly suggested a major candidate for the associations of the virus-induced asthma. Thus, in this review, we reviewed and focused on the epidemiology, pathophysiology, and treatment of virus-induced asthma with special reference on human rhinovirus. Furthermore, we added our preliminary data regarding the clinical and virological findings in the present review.

Saraya T, Kurai D, Nakagaki K, Sasaki Y, Niwa S, Tsukagoshi H, Nunokawa H, Ohkuma K, Tsujimoto N, Hirao S, Wada H, Ishii H, Nakata K, Kimura H, Kozawa K, Takizawa H, Goto H. Novel aspects on the pathogenesis of Mycoplasma pneumoniae pneumonia and therapeutic implications. Front Microbiol. 2014;11(5):410.

Mycoplasma pneumoniae (Mp) is a leading cause of community acquired pneumonia. Knowledge regarding Mp pneumonia obtained from animal models or human subjects has been discussed in many different reports. Accumulated expertise concerning this critical issue has been hard to apply clinically, and potential problems may remain undiscovered. Therefore, our multidisciplinary team extensively reviewed the literature regarding Mp pneumonia, and compared findings from animal models with those from human subjects. In human beings, the characteristic pathological features of Mp pneumonia have been reported as alveolar infiltration with neutrophils and lymphocytes and lymphocyte/plasma cell infiltrates in the peri-bronchovascular area. Herein, we demonstrated the novel aspects of Mp pneumonia that the severity of the Mp pneumonia seemed to depend on the host innate immunity to the Mp, which might be accelerated by antecedent Mp

exposure (re-exposure or latent respiratory infection) through up-regulation of Toll-like receptor 2 expression on bronchial epithelial cells and alveolar macrophages. The macrolides therapy might be beneficial for the patients with macrolide-resistant Mp pneumonia via not bacteriological but immunomodulative effects. This exhaustive review focuses on pathogenesis and extends to some therapeutic implications such as clarithromycin, and discusses the various diverse aspects of Mp pneumonia. It is our hope that this might lead to new insights into this common respiratory disease.

Mizukoshi F, Kuroda M, Tsukagoshi H, Sekizuka T, Funatogawa K, Morita Y, Noda M, Katayama K, Kimura H. A food-borne outbreak of gastroenteritis due to genotype G1P[8] rotavirus among adolescents in Japan. *Microbiol Immunol.* 2014;58(9):536-9.

Six high school students in Tochigi prefecture, Japan, developed gastroenteritis after eating at a pork cutlet shop. Molecular epidemiologic analyses showed that the causative agent was genotype G1P[8] rotavirus (RV), this being detected in stool samples from both the patients and the asymptomatic food handlers. The detected RV strains were closely related genetically. The only uncooked food that all victims had eaten was raw sliced cabbage. These findings results suggest that uncooked foods contaminated with RV may be sources of infectious gastroenteritis in adolescents.

Kuroda M, Niwa S, Sekizuka T, Tsukagoshi H, Yokoyama M, Ryo A, Sato H, Kiyota N, Noda M, Kozawa K, Shirabe K, Kusaka T, Shimojo N, Hasegawa S, Sugai K, Obuchi M, Tashiro M, Oishi K, Ishii H, Kimura H. Molecular evolution of the *VP1*, *VP2*, and *VP3* genes in human rhinovirus species C. *Sci Rep.* 2015;2(5):8185.

Human rhinovirus species C (HRV-C) was recently discovered, and this virus has been associated with various acute respiratory illnesses (ARI). However, the molecular evolution of the

major antigens of this virus, including VP1, VP2, and VP3, is unknown. Thus, we performed complete *VP1*, *VP2*, and *VP3* gene analyses of 139 clinical HRV-C strains using RT-PCR with newly designed primer sets and next-generation sequencing. We assessed the time-scale evolution and evolutionary rate of these genes using the Bayesian Markov chain Monte Carlo method. In addition, we calculated the pairwise distance and confirmed the positive/negative selection sites in these genes. The phylogenetic trees showed that the HRV-C strains analyzed using these genes could be dated back approximately 400 to 900 years, and these strains exhibited high evolutionary rates (1.35 to 3.74×10^{-3} substitutions/site/year). Many genotypes (>40) were confirmed in the phylogenetic trees. Furthermore, no positively selected site was found in the VP1, VP2, and VP3 protein. Molecular modeling analysis combined with variation analysis suggested that the exterior surfaces of the VP1, VP2 and VP3 proteins are rich in loops and are highly variable. These results suggested that HRV-C may have an old history and unique antigenicity as an agent of various ARI.

長谷川就一, 米持真一, 山田大介, 鈴木義浩, 石井克巳, 齊藤伸治, 鴨志田元喜, 熊谷貴美代, 城裕樹, 2011年11月に関東で観測された PM_{2.5} 高濃度の解析. *大気環境学会誌*, 2014;49(6):242-51.

2011年11月2~6日に関東地方で高濃度の PM_{2.5} が観測された。PM_{2.5} の全国的な状況を見たところ、高濃度になっていたのは関東地方が中心であったことから、本事例は長距離輸送や越境汚染によるものではなく、関東地方内の発生源の影響が大きかったと推測された。この期間は全般に弱風により大気が滞留し、3~4日は接地逆転層形成による安定、5~6日は中立となっていたことが高濃度を招いたと考えられる。関東各地で観測した PM_{2.5} の成分は、NO₃⁻と OC が顕著に高いのが特徴であった。NO₃⁻は特に 5~6日に高くなっていたが、これは夜間の高湿度の影響で NO から HNO₃ への生成過程が顕著に起こったことが要因であると考えられる。ま

た、3～4日にもNO₃⁻は比較的高濃度になったが、NOの時空間的挙動から、農作物残渣（バイオマス）の燃焼が影響していた可能性が考えられる。NO₃⁻と同様にOCも高く、加えてK⁺やchar-EC、レボグルコサンなど、バイオマス燃焼の寄与を示す成分も高かったことから、全般的にこの時期に盛んになる農作物残渣燃焼の影響が大きかったと推測される。ただし、SO₄²⁻やVなどの挙動から、南部を中心に化石燃料燃焼の影響も一定程度あったと考えられる。また、PM_{2.5}質量濃度は水分の影響を抑える方法により測定されているが、成分からの再構築濃度などによる検討から、この期間の高濃度時は水分の影響が比較的大きかったと推測された。

齊藤由倫, 田子博, 遠藤庸弘, 小澤邦壽. 科学的な環境教育を目指した大気環境に関する体験学習の試み —地方環境研究所を活用したプログラム開発—. 日本環境教育学会誌, 2015;58: 48-59.

今日的な環境教育に対する要請としては、生活の利便性向上と不可分な関係にある環境問題に、合理的な解・妥協点を見出していくための科学リテラシーの醸成がある。全国に存在する地方環境研究所（以下、地環研という）は、専門ノウハウを持って地域の環境問題に科学的知見を付加することに務めている。この地環研の専門ノウハウは、科学リテラシー向上に資する環境教育の軸になるかもしれない。本研究は試行的に、群馬県の地環研が持つノウハウを活用して、大気汚染物質の一つであるSPMを実際に測定する体験学習プログラムを開発した。これを児童・生徒に対し実践し、学習効果を測るためのアンケートを学習前後で2回実施した。

学習者たちは、学習前には漠然としたイメージで大気環境を捉えていたのに対し、学習後ではSPMの測定結果から大気環境の状態を客観的に捉えられるようになったことが示された。このことは、学習前のアンケートにおいて「大気の質をどう思うか」という問いに「わからない」と回答する割合が高かったのに対し、学習後では「わからない」が減少し、「きれい」の回答が上昇したことに現れていた。大気汚染の程度をSPMの値から分析し、その現状をデータ

から定量的かつ客観的に判断する学習は、環境問題を冷静に考える科学リテラシーの醸成に寄与することが期待できた。この研究成果は群馬県の一つの事例紹介にとどまるが、仮に今後他の地環研でも環境教育が積極的に展開された場合、各地の科学リテラシーの醸成に貢献できるかもしれない。

2 学会等での発表

※当研究所職員は下線で示した。

塚越博之, 清田直子, 野田雅博, 木村博一. 本邦で 2008~2011 年に検出された RS ウイルス G 遺伝子の分子進化について, 第 88 回日本感染症学会学術講演会, 福岡市 (2014 年 6 月)

Respiratory syncytial ウイルス (RSV) は、分子疫学解析を行う上で重要な抗原である G 蛋白の多様性から 2 つのサブグループ (RSV-A と RSV-B) に分類され、それらの分子進化を解明することは重要である。そこで、我々は本邦における 2008~2011 年に検出された RSV G 蛋白の C 末端超可変領域をコードしている G 遺伝子を標的とした分子進化に関する検討を行った。2008 年 10 月から 2011 年 9 月までに急性呼吸器感染症から得られた 739 人の検から検出された 55 株について解析を行った。鼻咽頭ぬぐい液から RNA を抽出し、上述した標的遺伝子の増幅および塩基配列解析を行った。時系列系統解析法には、ベイジアンマルコフ連鎖モンテカルロ法を用いた。解析した 55 株のうち、38 株は RSV-A (すべて遺伝子型 NA-1) に属し、17 株は RSV-B (遺伝子型 GB2 あるいは BA) であった。時系列系統解析の結果から、NA-1 は、1998 年頃に出現し、BA は 1994 年頃に出現し、塩基置換速度は、それぞれ 3.63×10^{-3} および 4.56×10^{-3} substitutions/site/year と推定された。塩基置換速度の平均は、RSV-A よりも RSV-B の方が早く、インフルエンザウイルス A 型とほぼ同等の進化速度であることが分かった。また、株間の遺伝的な距離は短かった (p-distance 0.06 未満)。さらに、解析株特有と推定される positive selection site があったことから、RSV G 蛋白の C 末端超可変領域は、株特有の抗原変異を生じていると同時に早い進化をしていることが明らかとなった。

熊谷貴美代, 伏見暁洋, 田邊 潔, 佐藤 圭, 藤谷雄二, 高見昭憲, 2013 年夏季関東における微小粒子状物質の広域観測—極性有機成分の測定結果—, 第 31 回エアロゾル科学・技術研究討論会, 茨城県つくば市 (2014 年 8 月)

Atmospheric fine aerosol measurements were carried out at three sites in Kanto area in summer 2013. We focused on polar organic compounds; C3-C9 dicarboxylic acids and pinonic acid as tracers for secondary formation, levoglucosan as a tracer for biomass burning emission. Temporal variations of concentrations of malonic acid, succinic acid and pinonic acid were approximately similar to that of organic carbon. High concentrations of these compounds were observed in daytime due to photochemical reaction. The maximum concentration of malonic acid was observed at Maebashi (rural site). The concentration of levoglucosan at Kazo (suburban site) was the highest of the three sites. Organic carbon was significantly correlated with malonic acid and pinonic acid whereas poorly correlated with levoglucosan in summer.

藤井佑介, 東野達, 小田雅史, Mastura Mahmud, 溝畑朗, 熊谷貴美代, 関口 和彦, マレーシアのバンギにおける PM_{2.5} エアロゾルの化学性状. 第 31 回エアロゾル科学・技術研究討論会, 茨城県つくば市 (2014 年 8 月)

We conducted intensive field studies with ground-based PM_{2.5} samplings in Bangi, Selangor, Malaysia in September, 2013 and characterized PM_{2.5} carbonaceous and water-soluble ions. PM_{2.5} aerosols were collected with two sets of filter-based PM_{2.5} samplers equipped with VOCs denuders. We analyzed the carbonaceous content (organic carbon (OC) and elemental carbon (EC)) by a thermal optical reflectance technique, total water soluble organic carbon content by a TOC analyzer, inorganic ions by an ion chromatography, and the major organic components by a gas chromatography/mass spectrometry. PM_{2.5} mass concentration was $49 \pm 9.3 \mu\text{g m}^{-3}$ during the sampling period and primarily composed of OC (50% of PM_{2.5} mass) and EC (20% of PM_{2.5} mass). The char-EC/soot-EC ratios ranging from 5.9 to 26 were much higher than those of coal combustion and vehicle emissions. This result suggests the considerable contribution of biomass burning

whose ratio is 22.6.

齊藤由倫, 田子博, 小澤邦壽. 大気環境に関する新しい体験型学習の開発と評価 -地方環境研究所の活用-. 日本環境教育学会第 25 回大会, 東京 (2014 年 8 月)

地方環境研究所がもつ調査ノウハウを活用して、大気汚染物質の一つである SPM を実際に測定する体験型の環境学習プログラムを開発した。これを児童・生徒に対し実践し、学習効果を測るためのアンケートを学習前後で 2 回実施した。その結果、学習前は漠然としたイメージで大気環境を捉えていたのに対し、学習後では SPM の測定結果から大気環境の状態を客観的に捉えられるようになったことが示された。このことは、学習前のアンケートにおいて「大気の質をどう思うか」という問いに「わからない」と回答する割合が高かったのに対し、学習後では「わからない」が減少し、「きれい」の回答が上昇したことに現れていた。大気汚染の程度を SPM の値から分析し、その現状をデータから定量的かつ客観的に判断する学習は、環境問題を冷静に考える科学リテラシーの醸成に寄与することが期待できた。

佐々木佳子, 丹羽祥一, 塚越博之, 吉住正和, 黒澤肇, 小澤邦壽, 皿谷健, 倉井大輔, 石井晴之, 木村博一. 成人呼吸器感染症患者からのウイルス検出状況, 平成 26 年度 地方衛生研究所全国協議会 第 29 回関東甲信静支部ウイルス研究部会, 長野市 (2014 年 9 月)

急性呼吸器感染症や気管支喘息などの呼吸器疾患には、種々のウイルスが関与することが知られている。しかし、成人の呼吸器疾患に関与するウイルスの種類や頻度には不明点が多い。そこで、肺炎を中心とした成人呼吸器疾患患者を対象に、RT-PCR 法によるウイルスの検索を行った。対象は呼吸器症状を有する成人患者 306 名とし、症例の内訳は、市中肺炎 137 名、気管支喘息 49 名、慢性閉塞性肺疾患 (COPD) 33 名、その他の疾患 87 名であった。検出されたウイルスは、HRV 18 例 (30%)、HMPV 11 例 (18%)、CMV 9 例 (15%)、InfA 7 例 (12%)、RSV 5 例 (8%)、HPIV 4 例 (6%)、AdV 1 例 (2%) であっ

た。さらに、5 例 (8%) で重複感染が疑われた。疾患ごとのウイルス検出数は、それぞれ、市中肺炎 23 例 (17%)、気管支喘息 14 例 (29%)、COPD 6 例 (18%)、その他の疾患 17 例 (20%) であり、ウイルス検出率に有意差は認められなかった。しかし、疾患ごとに検出されたウイルスを比較すると、市中肺炎では CMV、HMPV、HRV の検出頻度が高く、気管支喘息では HRV と RSV の検出頻度が高かった。今回の検討で、疾患によって検出されるウイルスの種類と頻度が異なることが示された。

丹羽祥一, 佐々木佳子, 塚越博之, 黒澤肇, 小澤邦壽, 宮地裕美子, 木村博一. 小児の急性呼吸器疾患におけるウイルスと重症度の関連性について, 平成 26 年度 地方衛生研究所全国協議会 第 29 回関東甲信静支部ウイルス研究部会, 長野市 (2014 年 9 月)

急性呼吸器感染症、急性喘鳴、気管支喘息は小児における主要な急性期疾患として知られている。これらの発症や増悪の原因の大半はウイルス感染症によると推定されているが、その症状は病原体側の要因のみならず感染後の免疫反応などが複雑に関与していると考えられるため、病態や発症・増悪には不明な点が多い。本研究では急性呼吸器症状を呈する小児患者の重症度とウイルス感染症との関連性について調査した。214 名中 151 名 (70.6%) の小児患者からウイルスが同定された。最も多く検出されたウイルスは HRV が 65 例 (30.4%)、次いで RSV が 37 例 (17.3%)、HPIV が 18 例 (8.4%) であった。また、RSV 単独検出例では HRV、HPIV、AdV 単独検出例と比較して重症度スコアは有意に高かった。RSV の軽症例において重複検出例は、HRV、HPIV、AdV 単独検出例と比較して重症度スコアは有意に高かった。RSV は、G 蛋白質の多様性により 2 つのサブグループ (RSV-A と RSV-B) に分けられる。検出されたウイルスの遺伝子型は、RSV-A では NA1 と ON1 に、RSV-B では BA に分類された。一方で、HRV は軽症例から重症例まで多様な遺伝子型が関与していた。検出されるウイルスと重症度の関連性はウイルスによって異なることが示唆された。

熊谷貴美代, 山神真紀子, 橋本貴世, 高士昇吾, 野口邦雅, 長谷川就一, 菅田誠治, 2014年2月におけるPM_{2.5}高濃度事例の解析. 第55回大気環境学会年会, 松山市 (2014年9月)

2014年2月25~27日にかけてPM_{2.5}の全国広域的な高濃度事象が観測された。このとき北陸地方や西日本を中心にのべ12府県で注意喚起がなされ、実際に日平均値(速報値)が70 µg/m³以上となった府県が複数あった。本研究では、複数の地方環境研究所共同でPM_{2.5}の同時観測を実施し、その成分分析結果から2014年2月に発生した高濃度要因について解析した。

PM_{2.5}濃度1時間値は2014年2月25日午前中に日本海側の地域を中心に上昇し始め、26日には西日本で広範囲にわたって高濃度となった。27日は西日本では濃度は低下した一方で、関東地方全域で高濃度となった。白山や名古屋、観音寺、福岡ではPM_{2.5}濃度の増加時にはSO₄²⁻が優勢な成分であった。25、26日の後方流跡線は、アジア大陸から日本へと流れ込むルートであったことから、SO₄²⁻の増加は越境汚染の影響と考えられる。一方、関東地域の前橋と加須では、PM_{2.5}成分は25日にSO₄²⁻の増加は見られたがその濃度は西日本の地点の半分程度にすぎず、むしろNO₃⁻の増加に伴いPM_{2.5}濃度が上昇する様子がうかがえた。関東では、汚染物質が滞留しやすい状況下で地域汚染によるNO₃粒子の生成が加わり、PM_{2.5}が高濃度になったものと推察された。

熊谷貴美代, 田子博, 寺本佳宏, 橋本貴世, 山神真紀子, 牧野雅英, 長谷川就一, 菅田誠治, 全国PM_{2.5}成分測定結果から見た高濃度日における地域別化学組成の特徴. 第55回大気環境学会年会, 松山市 (2014年9月)

2009年のPM_{2.5}環境基準の設定以降、地方自治体ではPM_{2.5}質量濃度測定に加えて成分分析調査が順次開始されている。本研究では、全国モニタリングによるPM_{2.5}成分分析結果を利用して、高濃度日におけるPM_{2.5}組成の特徴を把握することを目的に解析を行った。

平成23年度常時監視PM_{2.5}成分測定結果(環境省)を用いて、PM_{2.5}濃度が35 µg/m³以上だった日を高濃度日としてデータを抽出し、地域

毎に組成パターン等の解析を行った。高濃度日は全体的に秋・冬に集中し、PM_{2.5}濃度レベルに大きな地域差はなかったが、組成は地域によって違いが見られた。冬季の九州ではSO₄²⁻が大きな割合を占めていたのに対し、関東ではNO₃⁻の割合が最も大きかった。また東海近畿では、秋にOCの割合が大きいことが特徴的であった。高濃度要因をパターン分けするため、PM_{2.5}濃度に対する含有率が高い成分で分類し、出現頻度を集計した。関東甲信静では硝酸塩系、それ以外の地域では硫酸塩系の頻度が大きく、関東甲信静および東海近畿では有機物系の頻度も比較的大きかった。このように発生頻度の高いPM_{2.5}高濃度要因は地域によって異なることが分かった。

熊谷貴美代, PM_{2.5} 中有機マーカ成分の測定と群馬県における観測結果, 第55回大気環境学会年会・都市大気エアロゾル分科会, 松山市 (2014年9月)

PM_{2.5}の環境基準達成率は低い状況であり、PM_{2.5}の改善が行政課題となっている。PM_{2.5}の対策を効果的に進めるためには、PM_{2.5}がどの発生源から排出されているかを精度よく推定することが重要である。PM_{2.5}の主要成分の一つである有機粒子(OA)は、多種の微量な化学種から構成されるため、環境中での動態や発生源に関して未解明な部分が多い。OAの発生源情報を得るには、各発生源の指標となる成分(有機マーカ)を測定することが有用な手法としてあげられる。多くの有機マーカを分析することで、発生源寄与割合の推定精度の向上が期待できる。

当研究所では、これまでにバイオマス燃焼マーカであるレボグルコサンや光化学反応マーカであるジカルボン酸等の極性有機マーカに着目したPM_{2.5}観測を行ってきた。これら極性有機マーカ成分の測定法と群馬県における観測結果について紹介した。

一条美和子, 熊谷貴美代, 田子博, 齊藤由倫, 小澤邦壽, 飯島明宏. PMF法を用いた群馬県におけるPM_{2.5}の発生源寄与評価, 松山市 (2014年9月)

群馬県内における各季節の PM_{2.5} 質量濃度および成分データを対象とし、発生源の指標となり得る有機マーカー成分も加えて、正値行列因子分解 (PMF) モデルを用いて PM_{2.5} の発生源寄与解析を行った。その結果、夏は光化学反応による二次生成、冬は硝酸系二次生成由来が多く、群馬県においては年間を通して二次生成の寄与が大きいことがわかった。PM_{2.5} を構成する有機炭素成分に着目すると、水溶性有機炭素成分 (WSOC) の大部分は光化学反応による二次生成由来であるが、秋冬はバイオマス燃焼の寄与が高まることが示された。今回、バイオマス燃焼の指標であるレボグルコサンを解析に加えたことで、燃焼由来の炭素成分についての知見が得られた。今後、有機マーカー成分を増やすことによって、より詳細な発生源寄与評価が期待される。

山神真紀子, 橋本貴世, 熊谷貴美代, 高士昇吾, 松岡靖史, 野口邦雅, 菊池一馬, 長谷川就一, 菅田誠治, 2014年3月におけるPM 2.5 高濃度事例の解析, 第55回大気環境学会年会, 松山市 (2014年9月)

環境省がPM_{2.5}の注意喚起のための暫定的な指針を示してから、愛知県では初の注意喚起情報が2014年3月18日に発表され、同日に香川県、三重県でも注意喚起情報が発表された。この高濃度事例について、全国各地で測定したPM_{2.5}の成分分析結果等を基に高濃度要因を推定した。

16日は、SO₄²⁻濃度が四日市で高濃度となり、後方流跡線解析や衛星データから越境汚染の影響があったことが推定された。17日は、各地点でSO₄²⁻濃度がこの期間中の最高濃度を示した。NO₃⁻濃度は四日市、名古屋などでは高濃度となり、地点により傾向が分かれた。OCやEC濃度も上昇した。引き続き越境汚染の影響があったと推定されるが、地点によって地域汚染の影響が上乘せされていると推定された。18日は、各地点でSO₄²⁻濃度が低下傾向であり、NO₃⁻濃度は観音寺で大幅に上昇し、名古屋では横ばいだった。名古屋ではOC、EC濃度も上昇した。越境汚染の影響は確認されず、注意喚起情報が出された観音寺、四日市、名古屋では風が弱く、PM_{2.5}が拡散しにくかったことが高濃度につながった

と推定される。

高見昭憲, 佐藤圭, 伏見暁洋, 藤谷雄二, 古山昭子, 吉野彩子, 森野悠, 田邊潔, 小林伸治, 平野靖史郎, 萩野浩之, 長谷川就一, 熊谷貴美代, 齊藤勝美, 二次有機エアロゾルの酸化ストレス評価のための関東域での粒子状物質の総合的観測 - 概要とAMS観測. 第55回大気環境学会年会, 松山市 (2014年9月)

大気環境中で捕集された粒子状物質に含まれる二次生成有機粒子 (SOA) に対する酸化ストレスの評価を行うため、2013年夏に関東域 (九段、加須、前橋) において粒子状物質の総合的観測を行った。酸化ストレス発現の要因を理解するため、粒子中の酸化物、水溶性の有機化合物 (WSOC)、WSOCの化学組成、金属成分なども測定した。その観測の概要を述べるとともにエアロゾル質量分析計 (AMS) による観測結果を報告した。

古山昭子, 佐藤圭, 伏見暁洋, 藤谷雄二, 吉野彩子, 森野悠, 田邊潔, 小林伸治, 平野靖史郎, 萩野浩之, 長谷川就一, 熊谷貴美代, 齊藤勝美, 高見昭憲, 2013年夏季関東における粒子状物質を曝露した細胞の酸化ストレス反応. 第55回大気環境学会年会, 松山市 (2014年9月)

大気粒子状物質中には、発がん物質である Benzo[a]pyrene (BaP)をはじめとする有害な多環芳香族炭化水素 (PAH) が存在することから、これらが毒性発現に寄与していると考えられている。粒子状物質中には PAH 以外にも様々な有害物質が存在して、呼吸器疾患や循環器疾患を悪化させることが報告されているが、二次有機エアロゾル (SOA) の健康影響に関する知見は少ない。そこで SOA のエイジングと毒性の関係についてあきらかにするために、PM_{2.5} 水溶性抽出物を培養細胞に曝露して、酸化ストレス応答酵素であるヘムオキシゲナーゼ-1 (HO-1) 遺伝子の発現増加を指標として評価を行った。

藤谷雄二, 佐藤圭, 伏見暁洋, 齊藤勝美, 萩野浩之, 熊谷貴美代, 古山昭子, 平野靖史郎, 田邊潔, 高見昭憲, 2013年夏季関東における微小粒子状物質の粒子酸化能の評価. 第55回大気環

境学会年会, 松山市 (2014 年 9 月)

チオスレイトール (DTT) アッセイによる粒子状物質の酸化能はヘムオキシゲナーゼ-1 (HO-1) の遺伝子発現変化と強い相関を持つことから、生体内の酸化ストレスの指標になると言われている。また、粒子状物質の曝露と酸化ストレスに起因する喘息などの病気の関連を明らかにする疫学研究においても DTT 酸化能が良い指標になることが示されている。本研究では、2013 年夏季の PM_{2.5} 環境試料を対象に DTT アッセイを行い、二次生成粒子 (SOA) のエイジングをはじめとした、DTT 酸化能に与える要因について明らかにした。

伏見暁洋, 齊藤勝美, 佐藤 圭, 藤谷雄二, 古山昭子, 熊谷貴美代, 萩野浩之, 田邊 潔, 高見昭憲, 2013 年夏季関東における微小粒子状物質中の炭素成分の観測. 第 55 回大気環境学会年会, 松山市 (2014 年 9 月)

大気汚染物質の PM_{2.5} は様々な起源をもつ複雑な混合物であり、燃焼等で生成する一次粒子のほか、ガス状成分から大気中での反応で生成される二次粒子が大きな割合を占める。しかし二次粒子の起源や生成メカニズムは特に有機物 (二次有機粒子) に関して複雑で、不明な点が多い。我々は 2013 年夏季に関東において、二次有機粒子の起源、動態と毒性を明らかにするため、集中観測を実施した。炭素成分の測定結果について報告した。

佐藤圭, 伏見暁洋, 藤谷雄二, 古山昭子, 田邊潔, 熊谷貴美代, 齊藤勝美, 萩野浩之, 高見昭憲, 2013 年夏季関東における微小粒子状物質中オキシダントのヨウ素滴定. 第 55 回大気環境学会年会, 松山市 (2014 年 9 月)

大気中の二次有機エアロゾル (SOA) 粒子のエイジングが健康に及ぼす影響を調べるため、夏季の関東地方における PM_{2.5} 中のオキシダントをヨウ素滴定 (KI) 法により観測した。大気中の PM_{2.5} に KI 法を適用する場合、KI 法の結果は過酸化水素および有機過酸化物のような光化学オキシダントだけでなく金属やその酸化物などの影響も受けると予想される。KI 法の結果と様々な微小粒子状物質中の金属成分、水溶性

有機エアロゾル成分などの化学成分濃度や細胞曝露試験の結果とを相互に比較することによって、大気中の PM_{2.5} の化学成分のエイジングによる変化やそれによる細胞毒性の変化を調査した。

田子博, 熊谷貴美代, 一条美和子. PM2.5 サンプラー中での採取済み濾紙の保存性, 平成 26 年度 全国環境研協議会関東甲信静支部大気専門部会, 千葉市 (2014 年 10 月)

PM_{2.5} サンプラー中での採取済み試料の保存性 (主として揮散による減少) を水溶性イオンと炭素成分について確認した。夏季の高温多湿時に、サンプラー中に 2~7 日間放置したサンプルの濃度変化を調べた。試料数が少なく、限定的な結果であることを予めお断りしておく。

硝酸塩エアロゾルと OC については若干の濃度の減少がみられた。これは、濾紙上の粒子の偏在等、必ずしも成分の揮発にだけによるものとは言えないが、その量は多くとも 20% 程度であった。環境省のマニュアルによると、二重測定における誤差許容範囲が 30% であり、今回の実験結果は数日間サンプラー中に採取済みの濾紙を放置しても、その許容範囲内には収まることを示唆している。ただし、より正確性を求めるのであれば、放置 2 日でも濃度減少が起こっているため、サンプリング終了後直ちに試料を回収し、適切に保管する必要がある。

また、今回の実験では主要成分のみを対象としており、試料の揮散という観点しか考慮に入れていない。とくに OC を構成する有機物の中には揮散だけでなく変質する恐れのある物質も存在すると考えられる。今後重要となる発生源寄与解析においては、質量濃度にはあまり寄与しない主要成分以外の物質も正確な測定が求められるため、このような成分にも十分留意する必要があるだろう。

梅澤真一, 須藤和久, 町田仁, 小澤邦壽. 県内河川における汚濁負荷量分布とその解析, 平成 26 年度全国環境研協議会関東甲信静支部水質専門部会, 静岡市 (2014 年 10 月)

河川水質改善の効率的対策のためには、より精度の高い汚濁負荷量分布の把握および解析が

必要である。

本研究では、各汚濁負荷量をこれまでの行政区単位ではなく、各河川流域単位として評価することを目的とした。そこで、群馬県利根川流域別下水道整備総合計画等各資料を参考に、流域ごとの汚濁負荷量を算出した。さらに、県内全域を3次標準地域メッシュ(1km²)区画に区切り、これに算出された各負荷量データを配分し、負荷量分布図を作成した。

流域別に流出負荷量の大きさを比較すると、利根川中流域が最も大きく、次いで烏川流域、矢場川・谷田川流域の順であった。これらの流域には、平成22年度、BOD環境基準値を超過した9基準点が全て含まれていた。流出負荷量の内訳をみると、県全体としては生活系が70%、産業系が19%でこの両方で全負荷量の約9割を占めていた。流域別に見ると山間部の奥利根、吾妻川および神流川の各流域では、自然系の割合が5~6割と最も多かった。これに対し都市部に位置する矢場川・谷田川、渡良瀬川、烏川および利根川中流域では、産業系が1~2割、生活系が6~8割であり圧倒的に生活系の割合が大きく、水質の改善にはやはり生活系負荷量の削減が必要と考えられた。

Mayuko Yagishita, Fumikazu Ikemori, Kimiyo Kumagai, Makoto Kinoshita, Nguyen Quang Trung, Thao Thanh Nguyen, Kiwao Kadokami, and Daisuke Nakajima, Measurement of Polycyclic Aromatic Hydrocarbons in PM2.5 Collected by Impactor for High Volume Air Sampler, International Conference on Asian Environmental Chemistry (ICAEC), THAILAND (Nov. 2014)

Particulate matters, PM, exist in various particle sizes from 0.003 to 100µm and have many compositions. The PM being smaller than 2.5 µm is called PM2.5, which is easy to be absorbed by breathing, and reaches to lung. Then, PM2.5 inhalation is serious influence upon respiratory and circulatory system. In fact, there is correlation between day to day variation of PM2.5 concentrations and daily change of the number of deaths. Although it is difficult to consider a

counterplan for atmospheric PM2.5 concentration reduction, to investigate concentration and chemical component of PM2.5 is demanded.

小林美保, 野田雅博, 梁明秀, 木村博一. 近年本邦で検出されたRSウイルスのG遺伝子の分子進化について, 第62回日本ウイルス学会, 横浜市 (2014年11月)

RSウイルスは急性呼吸器感染症の主要な原因ウイルスの一つである。主要抗原のG蛋白のC末端コード領域には超可変領域が存在し、この領域の変異がRSV再感染の大きな原因であると考えられる。そこで本研究では、本邦において2008年1月から2013年12月に検出されたRSVの当該領域の分子進化に関する研究を行った。系統樹解析により、供試したRSV180株中、133株がサブグループA(RSV-A)に、47株がサブグループB(RSV-B)に分類された。さらに、RSV-Aは88株が遺伝子型NA1に、45株がON1に分類された。また、RSV-BはBA10が23株、BA9が21株、BA1、BA7、GB2がそれぞれ1株に分類された。進化速度はRSV-Aが 5.0×10^{-3} substitutions/site/year、RSV-Bが 4.21×10^{-3} substitutions/site/yearであった。またRSV-AおよびRSV-Bに複数のPositive selection siteが認められた。当該シーズンにおいては、RSV-AのNA1が主要な遺伝子型であった。さらに2012年以降、ON1の検出数が増加していることも明らかになった。RSV-A ON1はNA1から派生した新しい遺伝子型であり、2011年にカナダで初めて検出された。一方RSV-Bでは、BA10やBA9が多く検出されている。今後、これらの変異がRSV感染症の流行に及ぼす影響を考慮するため、継続的な分子疫学研究が必要であることが示唆される。

中曽根佑一, 佐藤侑介, 宮川剛史, 町田仁, 小澤邦壽. 渡良瀬川周辺土壤中の重金属が河川に与える影響の把握, 第41回環境保全・公害防止研究発表会, 神戸市 (2014年12月)

群馬県が桐生市及び太田市と協力して実施している渡良瀬川上流域の平水時調査及び降雨時調査から、降雨により河川水中の重金属濃度が上昇することが判明している。降雨時には河

川底質や流域の地表面に存在する汚濁物質が河川に流入するため、河川水中の物質の濃度変化について議論するには、汚濁物質の存在位置等を把握する必要がある。しかし、底質など河川周辺土壌中の重金属含有量が未調査であるため、降雨時の重金属濃度上昇の原因を考察するために必要な基礎的な知見が不足している。

本研究では、重金属濃度上昇の原因を解明することを目的とし、渡良瀬川上流域の底質の重金属含有量調査等を実施した。

降雨時に1時間おきに採水し河川水中の重金属濃度等を調査したところ、降雨によりSSが上昇し、それに伴い重金属濃度が上昇することが判明した。また、ろ過により懸濁物質を除去すると重金属が検出されなくなることから、重金属は河川水中に懸濁物質として存在していることが判明した。また、河川底質の重金属含有量を調査したところ、調査地域最下流部の底質の重金属含有量が最も高いことが判明した。

Yoshinori Saitoh, Hiroshi Tago. Development of Experience-based Learning about Atmospheric Environment with Quantitative Viewpoint aimed at Education for Sustainable Development, American Geophysical Union FALL MEETING 2014, San Francisco (Dec. 2014)

Environmental education is recognized as one of the most important ESD (Education for Sustainable Development), but most of those are still mainly experiences in nature. Those could develop “Respect for Environment” of the educational targets of ESD, however we would have to enhance “Ability of analysis and thinking logically about the environment” which are also targets of ESD. Thus, we developed experienced-learning program about PM2.5, for understanding the state of the environment objectively based on quantitative data. This program was tested on junior high school students, and the questionnaire survey was also conducted to them before and after the program for evaluating educational effects.

Students experienced to measure the concentration of PM2.5 at 5 places around their school in a practical manner. The measured

concentration of PM2.5 ranged from 19 to 41 $\mu\text{g}/\text{m}^3/\text{day}$, the concentration at the most crowded roadside exceeded Japan’s environmental standard (35 $\mu\text{g}/\text{m}^3/\text{day}$). Many of them expressed “The concentration (value) of PM2.5 is high” in their individual discussion notes. Accordingly, the answer “Don’t know” to the question “What do you think about the state of the air?” markedly decreased after the program, on the other hand the answer “Polluted” to the same question increased instead. For those reasons, it was considered that they could judge the state of the air objectively. Consequently, the questionnaire result “Concern about Air Pollution” increased significantly after the program compared to before. Additionally, they seemed to try to think logically about what influenced PM2.5, focusing on various factors such as traffic (car), wind direction and velocity, which were frequently-appearing words in the text-mining of discussion notes.

井上伸子, 佐々木佳子, 塩野雅孝, 黒澤肇, 横田陽子, 松田錦弥, 小澤邦壽. 牛肝臓におけるカンピロバクター属菌の分布状況, 平成26年度関東・東京合同地区獣医師大会, 甲府市(2014年9月), 地研全国協議会関東甲信静支部 細菌研究部会, 川崎市 (2015年2月)

平成24年7月に生食用牛肝臓の提供が禁止されたが、平成25年8月には違法に提供された生レバーを原因としたカンピロバクター食中毒が発生しており、細菌による危険性を十分認識していない例もある。そこで、牛肝臓の細菌による汚染についてカンピロバクター属菌の検索を行い、汚染状況および肝臓全体の分布状況を調査した。

平成25年8月～11月の期間にと畜場に普通搬入された、11頭の牛(肥育牛)から採材した肝臓(18ブロックに分割)、胆汁および盲腸便を検体とし、カンピロバクター属菌を検出した。検出されたカンピロバクター属菌に対して、薬剤耐性試験及びパルスフィールドゲル電気泳動法(PFGE)を実施した。

盲腸便の82%(11頭中9頭)から、胆汁及び肝臓(それぞれ11頭中5頭)からカンピロバク

ター属菌が検出され、牛消化管内では本菌による汚染度は高いと考えられた。肝臓においては胆管付近である方形葉や、離れた左葉、右葉、尾状葉などほぼ全体から検出された。肝臓全体の内部からカンピロバクター属菌が検出されたことから、牛レバーの喫食時には引き続き加熱が必要であると思われた。カンピロバクター属菌については、近年ニューキノロン系薬剤に対する耐性菌が増加しているという報告があり、今回の調査においてもその存在が認められ、多剤耐性となる傾向があった。また、PFGE において個体内の異なる部位から同一泳動パターンが得られたことから、一種あるいは数種の菌株が体内に分布していることが推察された。

梅澤真一、須藤和久、町田仁、小澤邦壽. 群馬県内河川における汚濁負荷量分布とその解析, 第 49 回日本水環境学会年回, 金沢市 (2015 年 3 月)

河川水質の改善が進まない流域における効率的対策として、精度の高い汚濁負荷量の把握および解析が挙げられる。本研究では、負荷量をより詳細に把握するため、県内全域を 3 次標準地域メッシュ (1km²) 区画に区切り、生活系、産業系、畜産系、観光系および自然系と発生源ごとに 5 種類に分けられた各負荷量データを配分することで、負荷量分布図の作成を試みた。また、群馬県利根川流域別下水道整備総合計画等各資料を参考に、流域ごとの汚濁負荷量を算出した。同様の作業を平成 7 年度から平成 24 年度までのデータを用いて行い、汚濁負荷量の変遷を調査した。

作成した負荷量分布図によると、負荷量の大きい地域は西部から県央、さらに東部地域に多くみられることがわかった。負荷量については年々減少傾向にあり、特に生活系の負荷量が減少していたことから、下水道や合併浄化槽の普及による効果が大きいことが示唆された。また、流域ごとの流出負荷量から各環境基準点における BOD を計算し、相関係数を求めたところ 0.850 と高い相関が得られたため、精度の高い汚濁負荷量解析方法が確立できたと考えられる。そこで、この解析方法を用いて将来推計を行ったところ、平成 32 年度には群馬県内河川

における BOD 環境基準達成率は 90% を達成できると予測された。

佐藤侑介、町田仁、松田錦弥、小澤邦壽. 水生生物の保全に関する要監視項目の一斉分析法について, 平成 26 年度全国環境研協議会研究集会, 金沢市 (2015 年 3 月)

化学物質による公害を防ぐため、特定の物質について環境省が環境基準の設定を行なっている。また、各地方自治体はその管轄区域における基準達成状況を調査するため、定期モニタリングを実施している。しかし、モニタリング業務に係る予算や人員が削減されていく中で、その調査項目数は年々増加していく傾向にあり、これまでと同等の調査頻度や質を落とさず継続していくためには、調査・分析方法の効率化が求められている。

本研究では現在水生生物の保全に関する要監視項目に設定されている、フェノール、4-t-オクチルフェノール、アニリン、2,4-ジクロロフェノールについて一斉分析法を検討し、実際の県内河川数地点における環境水の分析を行った。

各物質を誘導體化することでフェノール類については精度の高い一斉分析法を確立することができた。確立した分析法を用いて県内河川水の分析を行ったところ、指針値を大きく下回っている状況であった。対象物質の一つであるアニリンは液性の違いが原因と考えられる回収率の低下が確認されたため、今後検討が必要である。

高坂真一郎、佐藤侑介、中曽根佑一、梅澤真一、町田仁. 1,4-ジオキサンの分析法に関する研究について, 平成 26 年度全国環境研協議会研究集会, 金沢市 (2015 年 3 月)

1,4-ジオキサンは、国際がん研究機構 (IARC) が Group 2B (ヒトに対して発がん性があるかもしれない) に分類するなど、毒性が指摘されている化学物質である。環境分野においては、平成 21 年 11 月水質汚濁及び地下水の水質汚濁に係わる環境基準に設定 (0.05 mg/L) され、平成 24 年 5 月に排水基準項目 (0.5 mg/L) に追加された。今後そのモニタリング調査の重要性は高まっていくと予測されるが、当所でその分析法につい

て十分な検討が行われていなかった。そこで、1,4-ジオキサンの分析法について、公定法の一つであるヘッドスペースガスクロマトグラフ質量分析法を用いて、環境水の分析可能性を検討した。

1,4-ジオキサンの分析法について、公定法の塩化ナトリウムを水酸化ナトリウム水溶液にすることで、環境基準値の1/10である5 ppbを満たす高感度分析を行うことができた。また、実際の河川水を使用した添加回収試験でも良好な回収率で分析できることを確認した。

田子博, 飯島明宏, 馬場龍樹, 大学生による水に関する e-learning 教材の開発. 第49回日本水環境学会年会, 金沢市 (2015年3月)

より効果的な環境教育を実践していくために、現在の「感性教育」に偏重した学習カリキュラムではなく、包括的な環境教育プログラムの開発を目指した。このプログラムでは、従来から行われている体験型だけでなく、セミナー型、e-ラーニング型、ワークショップ型の教育モジュールが加わっており、環境を多面的・科学的に捉えることを目標としている。

まずは比較的親しみやすい「水環境」をテーマに、カリキュラムの作成にとりかかった。その中のe-ラーニング教材を大学生主体で開発したので、その内容について紹介した。

小林美保, 後藤考市, 佐々木佳子, 丹羽祥一, 塚越博之, 塩野雅孝, 黒澤肇, 横田陽子, 松田錦弥, 小澤邦壽. 本県における麻しん全例検査体制導入後の発生状況とその解析, 平成26年度(第2回)群馬県地域保健研究発表会, 前橋市 (2015年3月)

本県における遺伝子検査導入後の麻しん発生状況について解析した。平成22年7月から平成26年12月までに、麻しん疑い患者として報告され、当所で遺伝子検査を実施した72件について集計した。このうち、2種類以上の検体が提出された事例は71件であった。発病から検体提出までの平均日数は6.6日であった。発病後、9日以上経過してから検体が採取された事例が16件あった。遺伝子検査で陽性となったのは2014年に報告があった3事例のみであった。陽

性事例の遺伝子型はB3型が2事例、D9型が1事例でいずれも輸入例であった。

麻しん遺伝子検査では発疹出現後7日以内に検体を採取することが望ましい。しかし本県の事例の中には発病後、2週間以上経過してから採取されたものもあった。これは、医療機関からの届け出が遅れた事例や、検査に対する認識不足で検体採取ができなかった事例である。今後改めて麻しん遺伝子検査の重要性を周知していくことが重要であると考えられる。

また、近年、日本の土着株だったD5型の検出報告は無いが、海外の流行株が国内で定着する可能性は否定できない。したがって、ウイルスの遺伝子型別と疫学情報を併せて引き続き注視していく必要がある。