

鳥取県病原微生物検出情報

(令和5年5月～6月検出分；検体採取 令和5年3月～6月)

令和5年6月16日

鳥取県衛生環境研究所

1 インフルエンザ

臨床診断名がインフルエンザ、インフルエンザ様疾患の検体2件（検体採取4月上旬～5月上旬）について、検査を行ったところ、1件からインフルエンザA（H1N1）pdm09型が検出され、残り1件からはインフルエンザウイルスは検出されなかった。（詳細は表1のとおり）

表1 2022/23 シーズン鳥取県インフルエンザ検出情報

検体採取時期		検体採取場所	検体数	A型別、B系統別				備考
年	月日			A(H1N1)pdm09型	A H3型	B victoria	B 山形	
2023	4月3日	西部	1	1				
病原体定点PCR検査合計 (2023/4/3～現在)			1	1	0	0	0	

全国のインフルエンザ患者から分離・検出されたウイルスについては、国立感染症研究所の病原微生物検出情報（6月9日作成）によると、2022/23 シーズンは、A H3 型が最も多く報告されている。（図1）

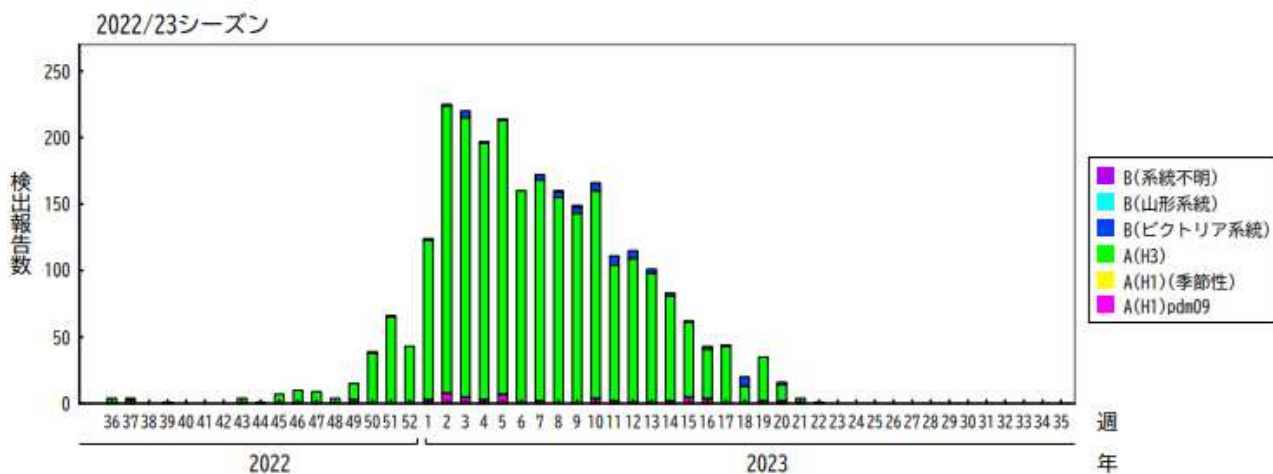


図1 週別インフルエンザウイルス分離・検出報告数（2022/23 シーズン）

2 感染性胃腸炎

臨床診断名が感染性胃腸炎の検体 4 件について、検査を行ったところ、ノロウイルス 3 件、黄色ブドウ球菌 1 件が検出された。（詳細は表 2 のとおり）

表 2 感染性胃腸炎検査状況

検体番号	検体採取時期	ノロウイルス	サポウイルス	A群ロタウイルス	C群ロタウイルス	アデノウイルス	アストロウイルス	エンテロウイルス	エンテロトキシンA遺伝子 (黄色ブドウ球菌)
230002	4月上旬	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	検出
230004	4月上旬	検出 G II.3[P12]	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	
230005	4月上旬	検出 G II.3[P12]	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	
230007	4月上旬	検出 G II.4[P31]							
検出計		3件	0件	0件	0件	0件	0件	0件	1件

(-) : 未検出

3 無菌性髄膜炎

臨床診断名が無菌性髄膜炎の検体 1 件（検体採取 3 月下旬（検体番号 230001））について、アデノウイルス、エンテロウイルス、ムンプスウイルス、ヘルペスウイルス 6 型、7 型の検査を実施したところ、いずれも検出されなかった。

4 流行性耳下腺炎

臨床診断名が流行性耳下腺炎の検体 1 件（検体採取 4 月上旬（検体番号 230006））について、ムンプスウイルスは検出されず、ヘルペスウイルス 6 型、7 型の検査を実施したところ、ヘルペスウイルス 7 型が検出された。

5 麻疹

行政検査として依頼のあった麻疹疑いの検体（検体採取 6 月上旬）について、麻疹ウイルスが検出された。WHO の推奨する N 領域の 450 塩基の配列を決定し、系統樹解析の結果、D8 型であることが判明した。

国内麻疹発生事例のある都道府県への移動・滞在歴があったため、2023 年に国内で確認された症例の塩基配列との相同性について系統樹解析、ハプロタイプネットワーク解析により確認したところ、東京株及び茨城株とは 4 塩基、大阪株とは 2 塩基の差異が確認された（図 2）。

一方、2021 年以降に NCBI (National Center for Biotechnology Information) にて公開された世界の D8 型の N 領域の 450 塩基配列についてハプロタイプネットワーク解析を行ったところ、東京株及び茨城株と同一の塩基配列が多数検出された（図 3）。

麻疹ウイルスは RNA ウィルスにも関わらず、その塩基置換率は他の RNA ウィルスよりも低いとされている^[1]。最近では、N 領域の 450 塩基の 1 塩基あたりの置換率が D8 型で 9.23×10^{-4} /年との報告もなされている^[2]。この置換率であれば、N 領域の 450 塩基のいずれかで置換が生じるのは、約 2 年で 1 塩基となる。今回、県内で検出された D8 型（鳥取株）と東京株及び茨城株とは 4 塩基の差異が確認されており、関連性は乏しい可能性が示唆された。

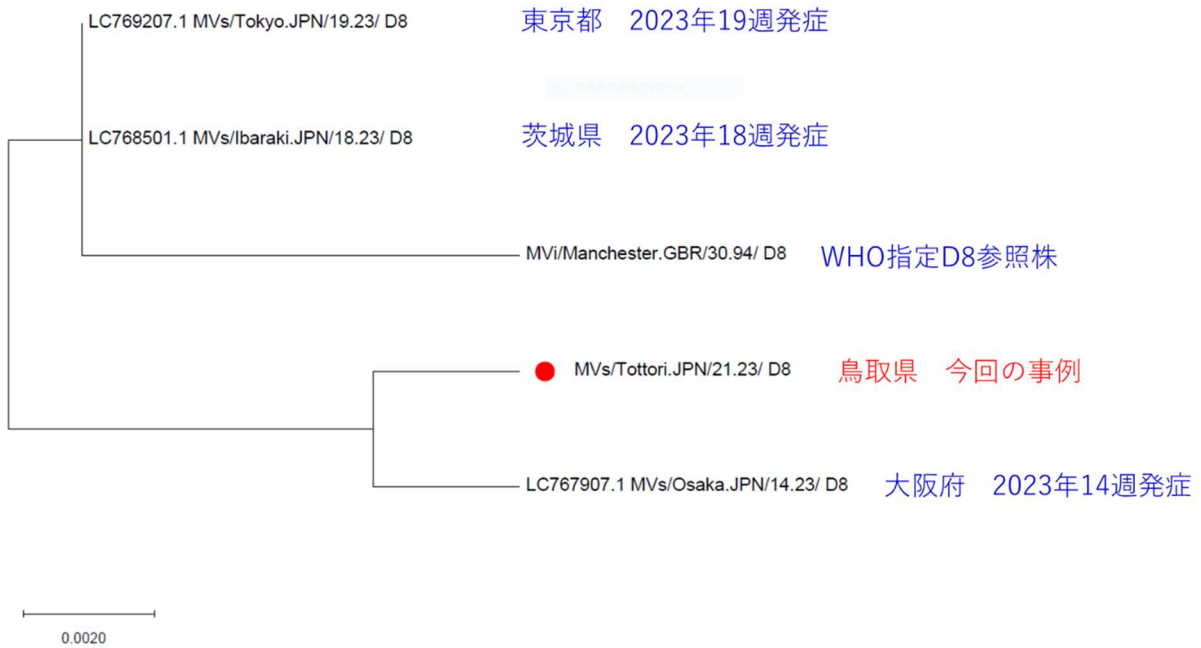


図2 2023年に日本国内で確認された麻疹ウイルスの系統樹

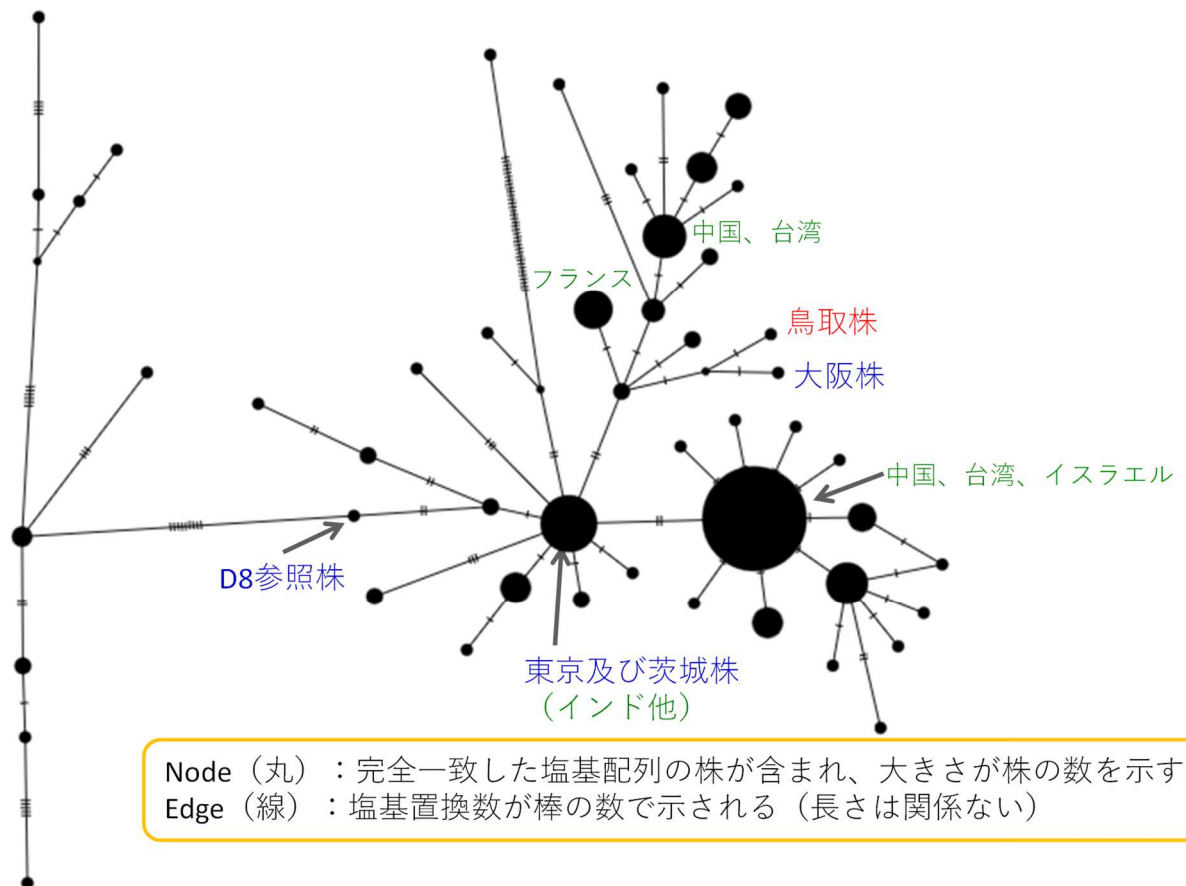


図3 2021年以降にNCBIにて公開された麻疹ウイルスD8型と鳥取株のハプロタイプネットワーク図

参考文献

- [1] D. Williams et al. Update: circulation of active genotypes of measles virus and recommendations for use of sequence analysis to monitor viral transmission, WHO WEEKLY EPIDEMIOLOGICAL RECORD, Vol:39, 485-492, 2022
<https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/363332/WER9739-485-492-eng-fre.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- [2] Ana Raquel Penedos et al. Mind your Ps: A probabilistic model to aid the interpretation of molecular epidemiology data, EBioMedicine. 2022 May; 79: 103989. Published online 2022 Apr 7. doi: 10.1016/j.ebiom.2022.103989
<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC9006250/>