

## Human Metapneumovirus の発生動向 (第3報)

伊藤 文明 山本美和子  
国寄 勝也\* 岡田 麻由

阿部 勝彦 国井 悦子  
笠間 良雄

### はじめに

我々は、Human Metapneumovirus (hMPV) の遺伝子検査方法を確立<sup>1)</sup>し、2006年から感染症発生動向調査事業で当所に搬入される呼吸器感染症の検体について検査を実施し、広島市域における流行状況の把握に努めているところである。

今回は2006年1月から2009年6月までに検出されたhMPVの遺伝子解析した結果を報告する。

### 方 法

#### 1 対象

検体は、2006年1月から2009年6月に広島市感染症発生動向調査事業(動向調査)における病原体検査の目的で採取されたもので、呼吸器感染症と診断あるいは疑われた患者の咽頭拭い液、鼻腔拭い液及び鼻汁で、2006年は392検体、2007年は318検体、2008年は348検体、2009年は6月までの197検体を用いた。

#### 2 検査法

検出は、Real-Time PCR法<sup>1), 2)</sup>により実施した。また、hMPVを検出した検体の一部について、高尾らの報告<sup>3)</sup>したFusion遺伝子領域を検出するプライマーで再度PCRを行い、増幅遺伝子(317bp)をダイレクトシーケンス法により解析した。

### 結 果

hMPV は、2006 年は 392 検体中 41 検体(11%)、2007 年は 319 検体中 25 検体(7.8%)、2008 年は 348 検体中 19 検体(5.5%)、2009 年は 6 月までで 197 検体中 20 検体(10.2%)から検出された(図1)。4 年間を通じて見ると、2 月から 6 月に多く検出される傾向にあった。

hMPV を検出した 105 検体のうち 54 検体について、Fusion 遺伝子領域の塩基配列を決定し、分子系統樹を作成し図2に示した。

クラスター別にみると、2006 年は 14 検体中 13 検体が A2 で 1 検体が B2、2007 年は 21 検体中 6 検体が

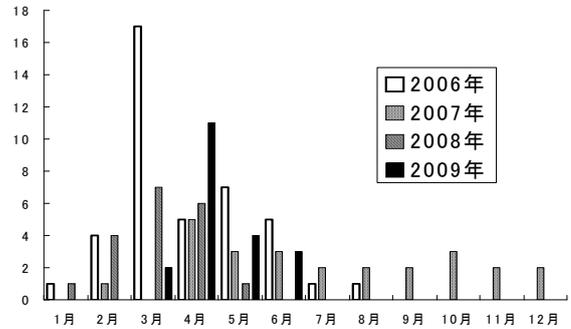


図1 月別検出状況

表1 月別クラスター別検出状況

年 型	1月	2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月
06 A2	1		5	2	1	2	1	1				
06 B2		1										
07 A2				2			1	1	1	1		
07 B2		1		2	3	3	1	1	1	1	2	
08 A2	1	1	3	3								
08 B2		2	2		1							
09 A2												
09 B2			1	3	1	1						

A2 で 15 検体が B2、2008 年は 13 検体中 8 検体が A2 で 5 検体が B2、2009 年は 6 検体すべて B2 であった。表1に月別クラスター別検出状況を示した。

### 文 献

- 1) 伊藤 文明 他: Human Metapneumovirus の検出方法の開発と検出状況, 広島市衛研年報, 26, 41~44 (2007)
- 2) 伊藤 文明 他: Human Metapneumovirus の発生動向 (第2報), 広島市衛研年報, 27, 41~44 (2008)
- 3) 高尾信一 他: 本邦において初めて流行が確認された小児の Human Metapneumovirus 感染症の臨床的、疫学的解析, 感染症誌, 78, 129~137(2004)

\*: 現 環境局環境保全課

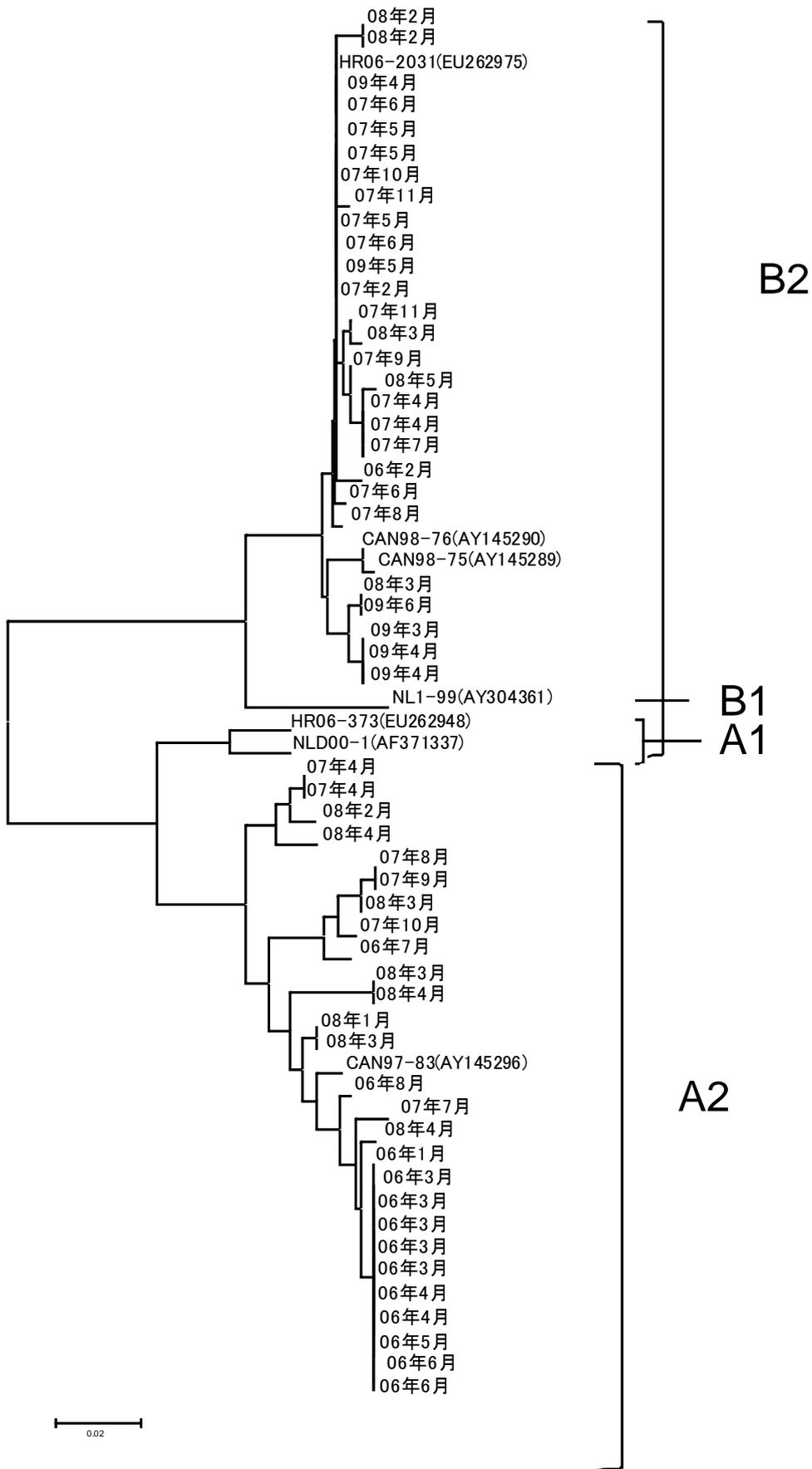


図 2 Fusion 遺伝子領域 (塩基配列) の分子系統樹