

V 発表業績

1 学会誌への投稿

Eri Tazaki, Nobuaki Shimizu, Ryota Tanaka, Masakazu Yoshizumi, Hiroshi Kamma, Shigeru Imoto, Tomoyuki Goya, Kunihisa Kozawa, Atsuyoshi Nishina, and Hirokazu Kimura. Serum cytokine profiles in patients with prostate carcinoma. Experimental and therapeutic Medicine. 2011; 2: 887-891.

It has been suggested that various cytokines are associated with the pathophysiology of prostate carcinoma (Pca). We profiled ten cytokines (IL-1 β , IL-2, IL-4, IL-5, IL-6, IL-8, IL-10, IL-12, IFN- γ and TNF- α) in the serum levels of 11 patients with organ-confined Pca, 15 with advanced Pca without cachexia, 8 with advanced Pca with cachexia (cachexia group) and 5 healthy males as controls. Cytokines were measured using a highly sensitive fluorescence microsphere system. Compared to the control group, serum levels of all cytokines were significantly higher in the cachexia group, and six cytokines (IL-1 β , IL-2, IL-8, IL-12, TNF- α and IFN- γ) were significantly higher in the group with advanced Pca without cachexia. In the group with organ-confined Pca, only IL-1 β and IL-12 levels were significantly higher compared to the control group. In the cachexia group, levels of all cytokines apart from TNF- α were significantly higher compared to the group with organ-confined Pca, and levels of four cytokines (IL-2, IL-4, IL-8 and IL-10) were significantly higher compared to the group with advanced Pca without cachexia. These results indicate that i) an aberrance imbalance of cytokine production was associated with the pathophysiology of Pca and cachexia, ii) cytokine profiles in Pca patients were distinct by disease stage, and iii) IL-1 β and IL-12 may be applicable as early diagnostic indicators.

Chieko Sakano, Yukio Morita, Koichi Goto, Yoko Yokota, Hideyuki Annaka, Masahiro Fujita, Satoshi Kobatake, Taisei Ishioka, Toshie Hoshino, Sumalee Boonmar, Chaiwat

Pulsrikarn, Atsuyoshi Nishina, Kunihisa Kozawa, Shigeki Yamamoto, Hirokazu Kimura. Prevalence and Genotype of *Salmonella* Choleraesuis in Gunma Prefecture, Japan. Thai J Vet Med. 2011; 41(3): 321-326.

We studied the prevalence of swine salmonellosis and PFGE genotype of isolates in Gunma Prefecture, Japan. Between 2005 and 2008, swine salmonellosis was confirmed in 430 of 2,707,402 (0.02%) swine at slaughterhouses. All isolates were identified as deriving from *Salmonella* Choleraesuis, biotype Choleraesuis (negative for H₂S production). We used 30 bacterial strains from 15 farms that had experienced outbreaks in 2006 and 2007. All strains were susceptible to various antibiotics such as cephems (cefotaxime), fluoroquinolones (norfloxacin and ciprofloxacin), and fosfomycin. On the other hand, all strains were resistant to tetracycline (TC), and 29 of 30 (97%) strains were resistant to streptomycin (SM). The most predominant profiles were those of SM-TC (26 strains). During *Bln* I digestion, 30 strains showed 6 profiles on PFGE as G1 to G6, and each profile was assigned into 1 of 4 clusters (I to IV). The most prevalent profile was G1 (22 strains), followed by G3 (3 strains), and G2 (2 strains). Strains showing the same antimicrobial resistance profiles (SM-TC) and the same PFGE profiles (G1) were isolated from 5 of 15 farms (A to E) during the 2006 and 2007 outbreaks. In conclusion, the prevalence of swine salmonellosis caused by SM-TC resistant-*S. Choleraesuis* biotype Choleraesuis is around 0.02%, as determined by infection rate at pig farms between 2005 and 2008 in Gunma prefecture. *S. Choleraesuis* usually causes systemic infections in swine and humans and antimicrobial treatment is necessary. The antimicrobial susceptibility of *Salmonella* in swine should be surveyed further.

Asako Fujitsuka, Hiroyuki Tsukagoshi, Mika Arakawa, Kazuko Goto-Sugai, Akihide Ryo, Yoshimichi Okayama, Katsumi Mizuta, Atsuyoshi Nishina, Masakazu Yoshizumi, Yoichi

Kaburagi, Masahiro Noda, Masato Tashiro, Nobuhiko Okabe Masaaki Mori, Shumpei Yokota, Hirokazu Kimura. A molecular epidemiological study of respiratory viruses detected in Japanese children with acute wheezing illness. BMC Infect Dis. 2011; 11: 168.

BACKGROUND: Recent studies strongly suggest that some respiratory viruses are associated with the induction of acute wheezing and/or exacerbation of bronchial asthma. However, molecular epidemiology of these viruses is not exactly known.

METHODS: Using PCR technology, we attempted to detect various respiratory viruses from 115 Japanese children. Furthermore, the detected viruses were subjected to homology, pairwise distance, and phylogenetic analysis.

RESULTS: Viruses were detected from 99 (86.1%) patients. Respiratory syncytial virus (RSV) alone and human rhinovirus (HRV) alone were detected in 47 (40.9%) and 36 (31.3%) patients, respectively. Both RSV and HRV were detected in 14 (12.2%) patients. Human metapneumovirus (HMPV) alone and human parainfluenza virus (HPIV) alone were detected in 1 (0.9%) patient each, respectively. Homology and phylogenetic analyses showed that the RSV and HRV strains were classified into genetically diverse species or subgroups. In addition, RSV was the dominant virus detected in patients with no history of wheezing, whereas HRV was dominant in patients with a history of wheezing.

CONCLUSIONS: The results suggested that these genetically diverse respiratory viruses, especially RSV and HRV, might be associated with wheezing in Japanese children.

Masashi Fujii, Junko Yamamoto, Hiroyuki Mukai, Masahiro Fujita, Hiroyuki Tsukagoshi, Masakazu Yoshizumi, Mika Saitoh, Kunihisa Kozawa, Hirokazu Kimura. Detection and quantitation of *Norovirus* genome using real-Time RT-PCR. Jpn. J. Food microbial. 2011; 28: 139-142.

We have studied the two assay methods of the 1Step Real-Time RT-PCR and conventional Real-Time RT-PCR (2Step) using ABI PRISM 7000 Sequence Detection System (ABI PRISM 7000) and Thermal Cycler Dice Real Time System (Thermal Cycler Dice) for the detection of *Norovirus* (NV) genogroups I (G1) and II (GII). Thermal Cycler Dice showed the same performance with the sensitivity and the quantitation compared with ABI PRISM 7000 that the official assay presented for the detection of NV. Both of the 1Step and 2Step Real-Time RT-PCR enabled to get the rapid results about 90 minutes. Excepting the probes with MGB, the primers and probes used in this study were identical with those used in the official assay. Results of field samples using both of the instruments and both of the assays were the same. Hence, these assays are very useful laboratory techniques for the detection of NV from field samples.

Hiroyuki Tsukagoshi, Katsumi Mizuta, Chieko Abiko, Tsutomu Itagaki, Masakazu Yoshizumi, Miho Kobayashi, Makoto Kuroda, Kunihisa Kozawa, Masahiro Noda, Akihide Ryo, Hirokazu Kimura. The impact of Saffold cardiovirus in patients with acute respiratory infections in Yamagata, Japan. Scand J Infect Dis. 2011; 43(8): 669-671.

Saffold cardiovirus (SAFV) was detected in 1982 from a child with fever of unknown origin and is classified into the family Picornaviridae and genus *Cardiovirus*. Recent studies suggested that SAFV may be associated with various diseases such as the common cold, tonsillitis, and gastroenteritis. However, the epidemiology and pathogenicity of SAFV is not well understood. Thus, to assess the impact of SAFV infections on acute respiratory infection (ARI), we investigated the detection of SAFV in Japanese patients with ARI in 2008.

Of the 423 specimens, 9 (2.1%) tested positive for SAFV by PCR. No seasonal prevalence of SAFV was found. Next, we performed phylogenetic analysis based on the amplified region by RT-PCR.

As a result, 6 strains were SAFV genotype 3 (SAFV3) and 3 strains were genotype 6 (SAFV6) in the phylogenetic tree (Fig. 1). Nucleotide identities among the present strains were 99.4–100% among SAFV3 and 100% among SAFV6. The predominant genotype was SAFV3 prior to June in the investigation period, while after June it was SAFV6. To our best knowledge, this is the first report of the detection of SAFV6 from patients with ARI in Asian areas. Based on these facts and our results, SAFV could be relevant to acute respiratory infection during all seasons in Japan.

Mika Arakawa, Reiko Okamoto-Nakagawa, Shoichi Toda, Hiroyuki Tsukagoshi, Miho Kobayashi, Akihide Ryo, Katsumi Mizuta, Shunji Hasegawa, Reiji Hirano, Hiroyuki Wakiguchi, Keiko Kudo, Ryota Tanaka, Yukio Morita, Masahiro Noda, Kunihisa Kozawa, Takashi Ichiyama, Komei Shirabe, Hirokazu Kimura. Molecular epidemiological study of human rhinovirus species A, B and C from patients with acute respiratory illnesses in Japan. J Med Microbiol. 2012; 61(Pt 3): 410-419.

Recent studies suggest that human rhinovirus species A, B and C (HRV-ABCs) may be associated with both the common cold and severe acute respiratory illnesses (ARIs) such as bronchiolitis, wheezy bronchiolitis and pneumonia. However, the state and molecular epidemiology of these viruses in Japan is not fully understood. This study detected the genomes of HRV-ABCs from Japanese patients (92 cases, 0-36 years old, mean±sd 3.5±5.0 years) with various ARIs including upper respiratory infection, bronchiolitis, wheezy bronchiolitis, croup and pneumonia between January and December 2010. HRV-ABCs were provisionally type assigned from the pairwise distances among the strains. On phylogenetic trees based on the nucleotide sequences of the VP4/VP2 coding region, HRV-A, -B and -C were provisionally assigned to 14, 2 and 12 types, respectively. The present HRV-A and -C strains had a wide genetic diversity (>30% divergence).

The interspecies distances were 0.230±0.063 (mean±sd, HRV-A), 0.218±0.048 (HRV-B) and 0.281±0.105 (HRV-C), based on nucleotide sequences, and 0.075±0.036 (HRV-A), 0.049±0.022 (HRV-B) and 0.141±0.064 (HRV-C) at the deduced amino acid level. Furthermore, HRV-A and -C were the predominant species and were detected throughout the seasons. The results suggested that HRV-A and -C strains have a wide genetic divergence and are associated with various ARIs in Japan.

Toshimitsu Tanaka, Hajime Yokoi, Keiko Kobayashi, Haruko Iwanade, Yoshinobu Noguchi, Yoshio Mitsui, Akira Okamoto, Mika Saitoh, Masahiro Noda, Makoto Takeda, Nobuhiko Okabe, Hirokazu Kimura. First Detection of Measles Virus Genotype G3 in a Japanese Woman: an Imported Case. Jpn. J. Infect. 2011; 64: 262-263.

We constructed a phylogenetic tree based on the N gene of the detected MV strain and the reference strains. The strain was genotyped as MV G3 in the phylogenetic tree. The homology between the reference strain (MVi/Gresik.INO/18.02 [G3], GenBank accession no. AY184217) and the present strain was 99.1% at the nucleotide level and 98.7% at the amino acid level. Epidemiological investigations have not reported occurrence of measles among the patient's family and colleagues. The genotype G3 was first detected in Australia and East Timor in 1999. Infection with G3 has not been frequently reported in these countries after 1999. However, this may be attributed to the lack of aggressive MV surveillance in these countries. At present, a small number of the population in Chiba Prefecture may be susceptible to measles because of lack of immunization against the disease. However, as measles is highly contagious in humans, and spreads rapidly from one area to another, up-to-date information on the epidemiological status of this disease in our country is needed.

Katsumi Mizuta, Mika Saitoh, Miho Kobayashi, Hiroyuki Tsukagoshi, Yoko Aoki, Tatsuya Ikeda, Chieko Abiko, Noriko Katsushima, Tsutomu Itagaki, Masahiro Noda, Kunihisa Kozawa, Tadayuki Ahiko, Hirokazu Kimura. Detailed genetic analysis of hemagglutinin-neuraminidase glycoprotein gene in human parainfluenza virus type 1 isolates from patients with acute respiratory infection between 2002 and 2009 in Yamagata prefecture, Japan. Virol J. 2011; 8: 533.

Human parainfluenza virus type 1 (HPIV1) causes various acute respiratory infections (ARI). Hemagglutinin-neuraminidase (HN) glycoprotein of HPIV1 is a major antigen. However, the molecular epidemiology and genetic characteristics of such ARI are not exactly known. Recent studies suggested that a phylogenetic analysis tool, namely the maximum likelihood (ML) method, may be applied to estimate the evolutionary time scale of various viruses. Thus, we conducted detailed genetic analyses including homology analysis, phylogenetic analysis (using both the neighbor joining (NJ) and ML methods), and analysis of the pairwise distances of HN gene in HPIV1 isolated from patients with ARI in Yamagata prefecture, Japan. A few substitutions of nucleotides in the second binding site of HN gene were observed among the present isolates. The strains were classified into two major clusters in the phylogenetic tree by the NJ method. Another phylogenetic tree constructed by the ML method showed that the strains diversified in the late 1980s. No positively selected sites were found in the present strains. Moreover, the pairwise distance among the present isolates was relatively short. The evolution of HN gene in the present HPIV1 isolates was relatively slow. The ML method may be a useful phylogenetic method to estimate the evolutionary time scale of HPIV and other viruses.

後藤和也. 群馬県における水環境健全性指標の活用と川づくりへの住民参加の試み. 日本水環境学会誌 2011; 34: 359-364.

良好な河川環境の保全、創造は行政施策に地域住民の協力・活動を合わせることで、より大きな効果が出るものと考えられる。そのためには、まず地域住民が河川に興味関心を持つことが必要である。そこで群馬県衛生環境研究所では、人々が河川に親しむことを目的として、環境省から水辺のすこやかさ指標（水環境健全性指標 2009年版）が公表される以前の2008年度から群馬県内の河川において地域住民と協働で水環境健全性指標を用いた調査研究を実施してきた。目的達成のためには、指標が人々にとって簡単で使いやすいことが求められる。我々の調査結果によると、指標は地域住民にとって概ね使いやすいものであったが、一部難しい内容もあった。そこでより多くの住民が使用できるような指標をより簡単な内容に改良し、2010年4月に「群馬県版水環境健全性指標」として公表した。また、2010年度からは水環境健全性指標を発展させた「川づくり指標」の作成を試みている。これは、住民が川づくりについて自分の意見を表現でき、その意見を土木技術者が簡単にとりまとめることができる指標を作成することにより、住民と行政が一体となった川づくりの実現を目指すものである。ここでは、2008年度から現在までの我々の研究について紹介する。

下田美里, 田子 博, 熊谷貴美代, 齊藤由倫, 小澤邦壽, 飯島明宏. 群馬県における地下水窒素汚染に対する大気沈着の寄与の推計. 大気環境学会誌 2011; 46: 209-216.

群馬県では硝酸性窒素による地下水汚染が深刻な状況にあり、その改善のためには各種発生源からの窒素負荷量を定量的に把握する必要がある。本研究では、地下水窒素汚染に対する大気からの窒素沈着の寄与を推計した。窒素化合物の乾性沈着量を定量的に見積もるため、土地利用形態の異なる県内の4地点において大気中窒素化合物濃度を測定し、インフレーション法から乾性沈着量を求めた。群馬県全体における乾性沈着量は0.46 t-N/km²/yrと見積もられ、硝酸ガス（HNO₃-N: 47%）およびアンモニアガス（NH₃-N: 21%）からの寄与が大きかった。これまでの研究で求めた湿性沈着量1.68 t-N/km²/yrと合計すると、大気沈着量は2.14

t-N/km²/yrであった。群馬県における地下水への全窒素負荷量（農業、畜産、工場排水、生活排水からの負荷量を含む）に対する大気沈着の寄与率は24%と推計された。

オマス燃焼が有機エアロゾルの重要な発生源であることを見出した。

住谷敬太, 木村哲也, 齋藤利明, 新井孝雄, 高田勇人, 吉住正和, 横田陽子, 藤田雅弘, 小畑敏, 小澤邦寿, 森田幸雄, 野田雅博, 木村博一. 新たに開発した次亜塩素酸処理循環浴槽システムのレジオネラ属菌・大腸菌群および一般細菌の制御. 防菌防黴 2011; 39: 749-756.

循環式浴槽においてレジオネラ属菌のような有害細菌を制御するために,新たに次亜塩素酸処理システムを開発した。本システムを用い,3か月,濾過装置および循環水中の衛生学的微生物指標の増殖を観察した。その結果,濾過装置ならびに循環水中の衛生学的微生物指標の増殖の顕著な抑制が確認された。よって,本システムは比較的長期間,循環式浴槽の有害細菌の増殖を制御できることが示唆された。

熊谷貴美代. 関東内陸部における大気中炭素性エアロゾルの特性および粒子状物質汚染に関する研究. エアロゾル研究 2011; 26: 315-320.

関東平野内陸部における炭素性エアロゾルの特性および粒子状物質汚染機構を明らかにするため,健康影響の懸念される微小粒子を中心にその主要成分や水溶性有機炭素および有機トレーサー成分の調査を行った。前橋および赤城山において長期観測を実施したところ,微小粒子濃度は春にもっとも高くなる季節変動を示し,成分としては, NH₄NO₃ や(NH₄)₂SO₄ の二次生成無機成分および有機炭素の占める割合が多いことが分かった。無機成分では NH₄NO₃ の挙動が特徴的であり, 光化学反応による HNO₃ 生成の影響だけでなく, 前橋に局地的に存在する高濃度 NH₃ ガスが粒子生成に関与していることが示唆された。光化学反応生成物であるジカルボン酸とバイオマス燃焼の指標成分であるレボグルコサンに着目し調査を行ったところ,ジカルボン酸濃度は春夏に高く,レボグルコサン濃度は冬に高かった。これらの観測結果から,二次有機エアロゾルとバイオマス燃焼の寄与率を推定したところ,暖候季は二次生成,冬季はバイ

2 学会等での発表

後藤和也, 下田美里. 群馬県での取り組みについて①群馬県版水環境健全性指標の活用. 日本水環境学会関東支部総会・講演会, 東京都 (2011年6月)

群馬県では環境省から提案されている「水環境健全性指標」を基に試行調査を進め、主に回答率と調査者の意見に着目して指標の改良を行った。改良した指標は平成22年4月から「群馬県版水環境健全性指標」として当研究所ホームページに掲載した。今回は、群馬県版を用いて地域住民と協働で河川環境調査を行い、改良効果および活用法について考察した。

その結果、群馬県版水環境健全性指標は、地域の課題を読み取ることで、環境学習のみならず地域活性に役立てる等多方面での活用の可能性があることが示唆された。

後藤和也, 下田美里. 群馬県での取り組みについて②川づくり指標への応用. 日本水環境学会関東支部総会・講演会, 東京都 (2011年6月)

多自然川づくりでは、住民と行政の連携した川づくりが求められていることから、住民が川づくりを多面的にとらえ、自分の意見を簡単に表現でき、その意見を数値的に評価し集約できる「多自然川づくり指標」の作成を試みた。2010年度は群馬県内の1河川で地域住民と土木技術者と協働で試行調査を実施した。その結果、地域住民から「課題だったところが点数の差に表れた。」との意見があり、指標は評価者が捉えた課題を表現できたと考えられた。評価項目数や内容についても、「ちょうど良い」「難しくない」との意見が多く聞かれ、地域住民から指標に対する課題は聞かれなかった。一方、土木技術者からは整備の優先順位がより明確になるような指標内容とすることが望ましいとの意見が挙げられた。今後はこれらの意見を参考に指標の改良を進め、さらに別の河川でも試行調査を行う予定である。

白石不二雄, 中島大介, 景山志保, 永洞真一郎, 佐久間隆, 熊谷貴美代, 今津佳子, 池盛文数,

鈴木元治, 平原律雄, 矢島博文, 後藤純雄, 宮原裕一, 滝上英孝, 白石寛明. 大気試料の受容体結合活性を指標とする暴露評価モニタリング手法の検討. 第20回環境化学討論会, 熊本市 (2011年7月)

大気中にはヒト発ガンへの因子として考えられる遺伝毒性を示す化学物質が存在し生体影響が危惧されている。本研究では生体内に侵入した毒物や薬物に対する生体異物センサーとして知られ、また薬物代謝等で重要な役割を担っているアリルヒドロカーボン受容体 (AhR) 及び構成的アンドロスタン受容体 (CAR) の結合活性を指標とする酵母アッセイ法を用いた大気試料の曝露評価モニタリング手法の検討を行った。2010年6月及び7月の晴天の2日間を選び、全国11カ所において、大気浮遊粉じんと半揮発性物質を捕集した。生体異物センサーである AhR 及び CAR の両受容体結合活性を指標とするバイオアッセイによる大気試料のモニタリングは、迅速かつ簡便に大気試料中の化学物質の多重曝露のリスク評価に適用できることが示唆された。

中島大介, 出口順浩, 景山志保, 白石不二雄, 永洞真一郎, 佐久間隆, 熊谷貴美代, 今津佳子, 池盛文数, 鈴木元治, 平原律雄, 竹村哲雄, 宮原裕一, 寺崎正紀, 白石寛明, 後藤純雄. 大気中の多環芳香族炭化水素及びその酸化体の国内分布. 第20回環境化学討論会, 熊本市 (2011年7月)

大気環境中には、有機物の燃焼に伴って排出される多環芳香族炭化水素 (PAHs) が存在しており、それらの中には発がん性・変異原性を持つものがある。また PAHs のニトロ誘導体や酸化体、ヘテロ体などさまざまな類縁化合物も存在していることが報告されている。PAHs の酸化体やヘテロ体については未だ不明な点が多いことから、PAHs の酸化体や含硫黄体の測定法を検討し、国内分布の把握を試みるため調査を実施した。大気試料は2010年6月及び7月に全国7カ所と前橋市、つくば市及び名古屋市で採取した。大気の捕集には石英フィルターの後段にポリウレタンフォームを接続したハイボリウムエアサンプラーを用いて、大気浮遊粉じんお

よび半揮発性物質を捕集した。測定対象とした物質は PAHs の 16 成分、1-,2-及び 3-メチルフェナントレン、レテン、PAHs の酸化体として 3 成分、含硫黄体として 2 成分である。これらの成分について、国内の濃度分布や挙動について明らかにした。

住谷敬太，木村哲也，齋藤利明，吉住正和，藤田雅弘，森田幸雄，木村博一．循環式浴槽ろ過器内ろ材のレジオネラ属菌検出に係る前処理方法の検討．第 38 回日本防菌防黴学会年次大会，豊中市（2011 年 8 月）

循環式浴槽施設のろ過器内ろ材（ろ材）はレジオネラ属菌（L 菌）が付着・発育しバイオフィームを作ると考えられている。ろ材から L 菌を検出する場合、ろ材から L 菌を水中へ遊離させるための前処理が必要である。しかしながら、この前処理の条件については、レジオネラ症防止指針で示される「ろ材を密閉容器中の水中に浸し、50～130W で 24 秒間程度超音波処理すると、ろ材表面のバイオフィームから本菌を回収しやすい。」との記述の他に参考となる文献が少なく、前処理条件設定の根拠となるデータの取得が望まれる。本研究では、さらに効果的に L 菌を回収できる前処理条件の決定を目的として、ろ材の量（5～150g）、超音波洗浄時間（0～300 秒）及び洗浄液の種類（PBS、イオン交換水、2%NaOH、2%H₂SO₄ 及び 1%PET 溶液）について検討を行った。その結果、ろ材 50g に PBS 又はイオン交換水を加え、24 秒間以上の超音波洗浄の実施が、ろ材から L 菌を効率的に分離する前処理方法であると思われた。

山口直哉，飯島明宏，星野隆昌，小澤邦壽．群馬県における有害大気汚染物質発生源対策調査．第 52 回大気環境学会年会，長崎市（2011 年 9 月）

「有害大気汚染物質発生源対策調査」は、環境省委託事業であり、有害大気汚染物質発生源の排出実態、排出抑制対策及び効果について把握し、今後の有害大気汚染物質対策の推進に資することを目的として実施するものである。今回、有害大気汚染物質であるニッケル化合物（以下、Ni とする）、クロム及びその化合物（以下、

Cr とする）を取り扱う事業場を対象に、当該化学物質の排出実態、敷地境界および周辺環境における濃度等についての調査を行った。

当該事業場における PRTR 法に基づく Ni、Cr の届出排出量は 0 kg/年（物質収支による算出）であったが、排出口調査結果から推計された事業場全体の Ni、Cr 年間排出量は、Ni：96 kg/年、Cr：170 kg/年であった。また、敷地境界および周辺環境調査の濃度結果については、各調査期間における風向の違いによって合理的に解釈できるものであった。以上の結果から、当該事業場の PRTR 法に基づく届出排出量については、正確な排出実態の把握による修正の必要性が示唆された。

星野隆昌，熊谷貴美代，山口直哉，齋藤由倫，小澤邦壽．大気中微小粒子状物質汚染の実態調査について．平成 23 年度全国環境研協議会関東甲信静支部大気専門部会，横浜市（2011 年 9 月）

2009 年 9 月に微小粒子状物質（以下「PM2.5」）の環境基準が設定されたことから、常時監視の義務がある県は、効果的・効率的な常時監視体制を整備する必要がある。本調査は、県内の都市部（前橋、伊勢崎）と山間部（沼田）において夏季および冬季の PM2.5 の質量濃度およびその化学成分の実態調査を行うとともに、県内 17 測定局（2010 年 3 月現在）で常時監視している浮遊粒子状物質（以下「SPM」）の測定データを活用して、今後の PM2.5 の常時監視計画の方向性を検討した。

PM2.5 平均質量濃度は、前橋 21.1 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ 、伊勢崎 23.8 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ 、沼田 14.6 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ であり、前橋と伊勢崎は環境基準（15 $\mu\text{g}/\text{m}^3$ ）を超えており、沼田は環境基準と同程度であった。前橋と伊勢崎の PM2.5 の質量濃度変動パターンは夏季も冬季も概ね同様であった。PM2.5 の主成分は 3 地点とも、夏季は有機物と硫酸アンモニウム、冬季は有機物と硫酸アンモニウムと硝酸アンモニウムであった。

3 地点の SPM と PM2.5 の質量濃度には正の相関が認められたことから、これまでにデータが十分蓄積され、県内全域の状況が把握できる SPM 質量濃度から、当面望ましいと考えられる

PM2.5の常時監視計画を次のとおり提案した。

- ◆都市部での測定地点（高濃度）：伊勢崎
 - ・SPM濃度の高濃度状況が多くみられ、他の地点との相関も強いため。
- ◆山間部での測定地点（低濃度）：沼田
 - ・SPM濃度の低濃度状況が最も多くみられ、今回のPM2.5汚染の実態調査結果でもPM2.5質量濃度が低く、山間地でもあり、バックグラウンドとしての適正があるため。

中田祐志，野澤康平，山田 淳，米崎孝広，北村房男，小澤邦寿．電気化学的手法を用いたホルムアルデヒドの分解効率についての解明．2011年電気化学秋季大会，新潟市（2011年9月）

我々は、電解水を応用した室内空気質浄化技術の開発を進めている。これまでに、シックハウス症候群の主要な原因物質であるホルムアルデヒドに着目し、電解による分解メカニズムについて検討してきた結果、中間生成物としてギ酸を経て分解されることを見出した。本発表では電解時の電極材料を変え、ホルムアルデヒドの分解効率について検討を行った。

円筒形ガラス容器にホルムアルデヒドの初期濃度が5mg/Lになるように模擬水道水で希釈した試験水、あるいは、対照として塩化物イオンを含まない試験水を0.5 L入れ、電解用電極1対を恒温水槽中（20℃）に浸漬した。電解用電極のアノードにはPt/Ir電極、TaOx電極及びPt電極、カソードにはPt電極、電極間距離3mm、電解時の電流密度は0、10、20、40、60 mA/cm²で、それぞれの電極を用い電解を行った際のホルムアルデヒド濃度の経時変化を確認した。

同じ電流密度の場合にはTaOx電極でのホルムアルデヒドの濃度減少が顕著であった。また、各電極とも電解時間の増加にともない、ホルムアルデヒド濃度の自然対数と電解時間の間には非常に高い相関関係が見られた。一方、対照試験水では、電極での活性種の発生量が少ないため、どの電極でもホルムアルデヒド濃度の変化は少なかった。また電流密度を変化させた場合には、電流密度の上昇にともないホルムアルデヒドの分解速度が速くなることが確認され、TaOx電極における分解速度はPt/Ir電極やPt電極のおよそ6倍程度であった。

以上の結果から、本濃度領域におけるホルムアルデヒドの分解反応は、電極で発生する高濃度活性種との擬一次反応による分解が支配的であることが示唆され、また、TaOx電極が最も効率よくホルムアルデヒドの分解を行うことができることが明らかとなった。

長谷川就一，米持真一，萩野浩之，関口和彦，熊谷貴美代，山口直哉，飯島明宏，速水 洋．初冬季の関東地方におけるPM2.5炭素成分の高時間分解同時観測．第52回大気環境学会年会，長崎市（2011年9月）

大気中微小粒子状物質（PM_{2.5}）の時間・空間分布を把握するため、初冬季の首都圏においてガス状・粒子状物質の多点同時集中観測を実施し、空間・時間的に密な濃度データを取得した。このうち、PM_{2.5}中の元素状炭素（EC）および有機炭素（OC）の挙動について考察した。

観測は、2010年初冬季に、前橋（群馬県衛生環境研究所）・騎西（埼玉県環境科学国際センター）・さいたま（埼玉大学）・狛江（電力中央研究所）・つくば（国立環境研究所）の5地点で実施した。PM_{2.5}はFRM-2025を用いて石英繊維フィルター上に4時間毎に捕集し、炭素成分の分析にはDRI及びSunset Laboratoryのカーボンアナライザーを使用した。また活性炭デニューダを用いた平衡サンプリングを実施し、ガス状OCの吸着影響についても検証した。

米持真一，長谷川就一，萩野浩之，関口和彦，熊谷貴美代，山口直哉，飯島明宏，速水 洋．初冬季の関東地方におけるPM2.5無機イオンの高時間分解同時観測．第52回大気環境学会年会，長崎市（2011年9月）

環境基準値の告示された大気中微小粒子状物質（PM_{2.5}）について、PM_{2.5}の多くを占める二次生成成分の時間・空間分布の把握と、大気質モデルのサブモデル検証を目的とし、関東地方の5地点（前橋、騎西、さいたま、狛江、つくば）で2010年初冬季に大気観測を実施した。本観測では、4時間単位のフィルター捕集により化学組成の挙動把握を試みた。特に埼玉県北部に位置する騎西における水溶性無機イオンに着目し、その挙動を検討した。ガス状HNO₃と

粒子状 NO₃ の濃度変動から、夏季は粒子・ガス平衡がガス側に寄るため、ガス状 HNO₃ が見られるが、初冬季においても、これらの現象を捉えることができた。

田子 博, 熊谷貴美代, 山口直哉, 星野隆昌. 群馬県内における PM_{2.5} の重量濃度と成分. 第 52 回大気環境学会年会, 長崎市 (2011 年 9 月)

大気環境基準が定められた微小粒子状物質 (PM_{2.5}) の県内の汚染状況を把握するため、前橋、伊勢崎、沼田において、PM_{2.5} 調査を実施した。調査は 2010 年夏季および冬季にそれぞれ 2 週間実施した。前橋および伊勢崎は MCI、沼田は FRM2025 を用い、石英繊維ろ紙上に原則 24 時間、PM_{2.5} を採取した。秤量法により PM_{2.5} 質量濃度を求めた後、イオン成分および水溶性有機炭素、炭素成分を分析した。

両期間を通しての PM_{2.5} 濃度から群馬県内の広域にわたって PM_{2.5} の環境基準を達成できない可能性が示唆された。PM_{2.5} の主要成分としては、夏季は有機炭素 (OC) と硫酸アンモニウム、冬季はこれらに加えて硝酸アンモニウムであった。群馬県においてはまず都市部と山間部において最低限の常時監視を行い、都市部を中心に順次、常時監視網を拡大するのが効果的であり、PM_{2.5} の低減策を講じるためには OC の詳細な分析が必要であると考えられた。

萩野浩之, 森川多津子, 長谷川就一, 米持真一, 熊谷貴美代, 山口直哉, 関口和彦, 飯島宏宏, 速水 洋. 飛行時間型エアロゾル質量分析計を用いた冬季埼玉県北部における微小粒子中の有機成分の化学的特性. 第 52 回大気環境学会年会, 長崎市 (2011 年 9 月)

大気中微小粒子状物質の主要な構成成分である有機物は、組成や起源が複雑であり、時空間分布の変動が大きいことが知られている。本研究では、2010 年冬季に埼玉県加須市において高分解能飛行時間型エアロゾル質量分析計 (HR-ToF-AMS) やその他のオンライン計測器を用いた大気エアロゾルの高時間分解観測を試行した。HR-ToF-AMS によって得られた質量スペクトルから、成分の指標となるイオンの挙動

や有機物/有機炭素比 (OM/OC 比) について解析した。

小林美保, 齋藤美香, 塚越博之, 石岡大成, 木村博一, 小澤邦壽. 近年発見された Saffold cardiovirus の疫学調査. 第 26 回関東甲信静地区ウイルス研究部会, 静岡市 (2011 年 9 月)

Saffold cardiovirus (SAFV) はピコルナウイルス科カルジオウイルス属に属し、主に乳幼児に対して呼吸器感染症や胃腸炎を引き起こすと言われている。本県では 2008 年に初めて急性呼吸器感染症患者から分離・同定されたが、臨床像や疫学といった点については詳細が明らかになっていない。そこで SAFV の感染状況を明らかにする目的で、県内の健常人における SAFV に対する中和抗体の存在について調べた。

検査材料は 2010 年 5 月から 10 月にかけて採取された県内在住者の血清を用いた。攻撃ウイルス株は SAFV-3 (Gunma/176/2008) を用いた。56°C で 30 分間非働化し段階希釈した被検血清に、等量の 100TCID₅₀/50μl のウイルス液を加え、37°C で 60 分間中和した。その後、MRC-5 細胞浮遊液を 100μl 加えて 37°C で 1 週間培養し、CPE を指標として抗体価を測定し、1:10 以上を抗体陽性とした。

0~1 歳、2~4 歳、5~9 歳、10~19 歳、20 歳以上の各年齢群について抗体価を測定したところ、成人では抗体保有率が高く年代間で大きな差はみられなかった。このことから、乳幼児期にほぼ全ての人が感染することが推測された。今後はサンプル数を増やし、さらに詳細な調査を実施する必要がある。またより多くの臨床検体から SAFV を分離し、季節性や罹患率、臨床像との関連を明らかにしていく予定である。

塚越博之, 藤塚麻子, 菅井和子, 森 雅亮, 横田俊平, 野田雅博, 木村博一. 喘鳴を呈する急性下気道感染児から検出された呼吸器ウイルスの疫学解析. 第 60 回日本感染症学会東日本地方会学術集会, 山形市 (2011 年 10 月)

種々の呼吸器ウイルス (特に RS ウイルス (RSV) やライノウイルス (HRV) など) は喘鳴および気管支喘息の増悪に密接に関連していることが示唆されている。しかし、それらに関

与するウイルスの詳細な分子疫学は不明である。本研究では、2007年11月から2009年3月まで、急性下気道感染児115例から、(RT-)PCR法によって、種々の呼吸器ウイルス(RSV、HRVを含め8種類)の検出を試みた。その結果、RSVのみが検出されたのは47例(40.9%)、HRVのみが検出されたのは36例(31.3%)であった。RSVとHRVの両方が検出されたのは14例(12.2%)であった。HMPV単独あるいはHPIV単独での検出はそれぞれ1例(0.9%)のみであった。また、16例の(13.9%)患者からは、RSV、HRV、HPIV、EV、HMPV、InfV、AdV、HBoVはいずれも検出されなかった。RSVとHRVの相同性解析および系統解析の結果から、これらのウイルスは遺伝子学的に多様であった。また、RSVは喘鳴・喘息の既往歴がない患者から多く検出され、HRVは喘鳴の既往歴のある患者から多く検出されていることも明らかとなった。

小林美保，齋藤美香，塩原正枝，長井綾子．群馬県における感染性胃腸炎の発生動向と検出されたノロウイルスの遺伝子型について．第48回関東甲信地区医学検査学会，前橋市(2011年10月)

感染性胃腸炎は群馬県感染症発生動向調査において小児科定点より毎年2万人前後の患者が報告されており、公衆衛生上重要な疾患の一つである。この病因の一つであるノロウイルスは多くの遺伝子型が存在することから、大規模な集団発生を引き起こす。そこで、過去5年間における県内の感染性胃腸炎の発生動向調査と、県内の胃腸炎患者から検出されたノロウイルスの遺伝子型についてまとめた。

定点医療機関より報告された感染性胃腸炎の年間患者総数は2006年が26861人、2007年が19659人、2008年が23940人、2009年が16586人、2010年が29320人であった。報告数の最も多かった週は2006年第47週で、定点当たり患者数は33.68人となった。また、2006～2010年度に県内の病原体定点医療機関より送付された検体及び集団発生時に患者から採取された74検体を対象とし、遺伝子解析を行なったところ、G2/4型が最も多く検出された。

全国の病原微生物検出情報によると、G2/4型

が過去5年間で最も多く検出されており、さらに2010～2011年のシーズンにかけてはG2/2型やG2/3型といった他の遺伝子型の検出報告も増えている。今回の結果から、群馬県内でも類似した傾向がみられた。

後藤和也，下田美里，須藤和久，木村真也，松本理沙，小澤邦壽．群馬県版水環境健全性指標の開発．平成23年度全国環境研協議会関東甲信静支部水質専門部会，横浜市(2011年11月)

後藤和也ら、日本水環境学会関東支部総会・講演会要旨①に同じ。

後藤和也，下田美里，須藤和久，木村真也，松本理沙，小澤邦壽．地域住民と協働した多自然川づくり指標の作成．第48回環境工学研究フォーラム，名古屋市(2011年11月)

後藤和也ら、日本水環境学会関東支部総会・講演会要旨②に同じ。

松本理沙，後藤和也，下田美里，須藤和久，木村真也，小澤邦壽．群馬県版水環境健全性指標の活用法．第48回環境工学研究フォーラム，名古屋市(2011年11月)

水環境を幅広い視点から評価する新しい方法として、環境省から「水環境健全性指標」が提案されている。我々は、専門的知識をもたなくても感覚や現地状況から回答できるよう指標を改良し、「群馬県版水環境健全性指標(以下、「群馬県版指標」と記載)」として公表した。公表後、住民と協働で河川環境の評価を行い群馬県版指標の改良効果及び活用法について考察した。群馬県版指標は、従来の指標よりも回答率が向上し、専門的知識を持たない住民にも使いやすくなったと考えられた。また、同じプロフィールを持つ者が使用した場合には評価結果に有意差が認められなかったことから、河川環境を客観的に評価するのに有効であると考えられた。さらに、環境学習や評価結果を地域活性化に役立てる等、多方面で活用できる可能性が示唆された。

後藤和也，下田美里，須藤和久，木村真也，松本理沙，中島穂泉，小澤邦壽．地域住民と協働し

た多自然川づくり評価指標の作成. 第46回日本水環境学会年会, 東京都 (2012年3月)

2010年度の試行調査結果を踏まえて「多自然川づくり指標」を一部改良し、2011年度にさらなる試行調査を群馬県内の1河川で実施した。その結果、評価者から調査項目数や内容に関する課題は聞かれず、「雑木伐採などの課題が点数差に表れた。」との意見から、指標は評価者が捉えた課題を表現できたと考えられた。整備希望の点数も前回調査に比べ得点が抑えられており、指標の改良効果が表れたと思われた。しかし、評価者の中には「現状の点数が低いと整備希望の点数を上げてしまう。」との意見も聞かれた。そこで、指標の内容表現を再度見直し、調査した項目を必ずしも整備に結びつけるのではなく、現状でも良いことを理解できるように改良した。あわせて調査手順や注意事項等を記載した「多自然川づくり指標調査マニュアル」を作成し、調査者の共通理解を図ることとした。

後藤和也, 下田美里, 須藤和久, 木村真也, 松本理沙, 中島穂泉, 小澤邦壽. 群馬県における多自然川づくり指標の作成. 日本水環境学会水環境の総合指標研究委員会公開シンポジウム, 東京都 (2012年3月)

後藤和也ら、第46回日本水環境学会年会要旨に同じ。

松本理沙, 後藤和也, 田子博, 下田美里, 中島右, 須藤和久, 木村真也, 小澤邦壽. 群馬県版水環境健全性指標の作成と活用法. 日本水環境学会水環境の総合指標研究委員会公開シンポジウム, 東京都 (2012年3月)

近年、水環境を水質という一面だけではなく、自然環境の保全状況や水辺と地域住民との繋がりなどといった幅広い視点から評価することが求められている。そうした新しい水環境の評価方法として、環境省から「水環境健全性指標」が提案されている。より良い水環境の創造・保全には、行政施策だけでなく住民の協力が必要であるが、そのためにはまず、住民が身近な河川に親しみ関心を持つことが重要である。そこで我々は、住民が河川に親しむことを目的とし、住民と協働で指標を用いた河川環境の調査及び

評価を行った。その結果、一部で「わかりにくい、難しい」との意見や回答率の低い項目があったことから、より簡潔で利便性を向上させた「群馬県版水環境健全性指標」を作成し公表した。公表後、複数の住民と協働で群馬県版指標を用いた河川環境の評価を行い、群馬県版指標の改良効果及び活用方法について考察した。