

## 生活科学部

### 1 Improved androgen specificity of AR-EcoScreen by CRISPR based glucocorticoid receptor knockout

Nick ZWART<sup>1)</sup>, Dave ANDRINGA<sup>1)</sup>, Willem-Jan de LEEUW<sup>1)</sup>, Hiroyuki KOJIMA, Mitsuru IIDA<sup>2)</sup>, Corine J. HOUTMAN<sup>3)</sup>, Jacob de BOER<sup>1)</sup>, Jeroen KOOL<sup>4)</sup>, Marja H. LAMOREE<sup>1)</sup> and Timo HAMERS<sup>1)</sup>

Toxicology in Vitro, 45, 1–9 (2017)

CRISPR/Cas9 ゲノム編集技術を用いてアンドロゲン応答性レポーター細胞株のグルココルチコイド受容体を削除した新規細胞株を開発した。その結果、アンドロゲンに対する特異性や感度の向上が認められた。

<sup>1)</sup>Environmental & Health, Vrije Universiteit, Amsterdam, The Netherlands, <sup>2)</sup>Hiyoshi Corporation, Omihachiman, Shiga, <sup>3)</sup>The Water Laboratory, Haarlem, The Netherlands, <sup>4)</sup>Biomolecular Analysis Group, Vrije Universiteit, Amsterdam, The Netherlands

### 2 シラカバ花粉飛散量予測を目的とするデジタルカメラを用いたカバノキ属雄花序着花量の調査法開発

武内伸治, 小林 智, 小島弘幸, 八坂通泰<sup>1)</sup>

北海道公衆衛生学雑誌, 31(2), 101–105 (2017)

シラカバ花粉症対策に役立てるため、シラカバの雄花序着花量のデジタルカメラを用いた簡易な調査法を開発し、札幌, 旭川, 帯広の3地域における2017年のシラカバ, ダケカンバ, ウダイカンバの着花量を数値化した。

<sup>1)</sup>北海道立総合研究機構林業試験場

### 3 Algorithm for forecasting the total amount of airborne birch pollen from meteorological conditions of previous years

Yi-Ting TSENG<sup>1)</sup>, Shigeto KAWASHIMA<sup>1)</sup>, Satoshi KOBAYASHI, Shinji TAKEUCHI and Kimihito NAKAMURA<sup>1)</sup>

Agricultural and Forest Meteorology, 249, 35–43 (2018)

シラカバ花粉飛散量を予測するため、札幌におけるシラカバ花粉飛散量と気象条件の関係を解析し、花粉が飛散する直近5年間の気象観測値を用いることにより、シラカバ花粉飛散量と高い相関を示す関係式を導き出した。

<sup>1)</sup>Graduate School of Agriculture, Kyoto University

## 食品科学部

### 4 高速液体クロマトグラフィー／タンデム型質量分析法による畜肉中のテトラサイクリン系及び $\beta$ -ラクタム系抗生物質の一斉分析

藤井良昭, 西村一彦, 橋本 諭, 加賀岳朗

分析化学, 66, 369–374 (2017)

テトラサイクリン系及び $\beta$ -ラクタム系抗生物質を対象に、有機溶媒による除タンパクと水系溶媒による抽出および固相カラムを用いた精製による迅速な一斉分析法を開発した。妥当性評価試験を実施したところ、概ね良好な結果が得られた。

### 5 PCR-RFLP によるツキヨタケの迅速判別法

Rapid identification method of *Omphalotus japonicus* by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP)

菅野陽平, 坂田こずえ<sup>1)</sup>, 中村公亮<sup>1)</sup>, 野口秋雄<sup>1)</sup>, 福田のぞみ<sup>1)</sup>, 鈴木智宏, 近藤一成<sup>1)</sup>

Yohei SUGANO, Kozue SAKATA<sup>1)</sup>, Kosuke NAKAMURA<sup>1)</sup>, Akio NOGUCHI<sup>1)</sup>, Nozomi FUKUDA<sup>1)</sup>, Tomohiro SUZUKI and Kazunari KONDO<sup>1)</sup>

日本食品衛生学会誌, 58(3), 113–123 (2017)

有毒キノコのツキヨタケを迅速に判別するPCR-RFLPを開発した。また、加熱及び消化により断片化したDNAからも判別可能なshort PCR-RFLPを構築し、さらにリアルタイムPCRによる確認試験法も検討した。本法は、ツキヨタケが疑われる食中毒事例の原因究明法として有効であると考えられる。

<sup>1)</sup>国立医薬品食品衛生研究所

## 感染症部

### 6 Microbiological Quality Assessment of Game Meats at Retail in Japan

Hiroshi ASAKURA<sup>1)</sup>, Jun KAWASE<sup>2)</sup>, Tetsuya IKEDA, Mioko HONDA<sup>3)</sup>, Yoshimasa SASAKI<sup>1)</sup>, Masashi UEMA<sup>1)</sup>, Hidenori KABEYA<sup>4)</sup>, Hiromu SUGIYAMA<sup>5)</sup>, Shizunobu IGIMI<sup>6)</sup> and Shinji TAKAI<sup>7)</sup>

Journal of Food Protection, 80(12), 2119–2126 (2017)

2015年11月から2016年3月にかけて、鹿肉120検体、イノシシ肉128検体の志賀毒素産生性大腸菌、サルモネラ、指標菌の調査を行った。サルモネラは分離されず、志賀毒素産生性大腸菌は鹿肉1検体から分離された。

<sup>1)</sup>Division of Biomedical Food Research, National Institute of Health Sciences, <sup>2)</sup>Shimane Prefectural Meat Inspection Centre, <sup>3)</sup>Department of Animal Nursing Science, Yamazaki Gakuen University, <sup>4)</sup>Department of Veterinary Public Health, Nihon University, <sup>5)</sup>Department of Parasitology, National Institute of Infectious Diseases, <sup>6)</sup>Department of Microbiology, Tokyo University of Agriculture, <sup>7)</sup>Department of Animal Hygiene

### 7 Rapid and Accurate Diagnosis Based on Real-Time PCR Cycle Threshold Value for the Identification of *Campylobacter jejuni*, astA Gene-Positive *Escherichia coli*, and eae Gene-Positive *E. coli*

Jun KAWASE<sup>1)</sup>, Hiroshi ASAKURA<sup>2)</sup>, Morito KUROSAKI<sup>1)</sup>, Hitoshi OSHIRO<sup>1)</sup>, Yoshiki ETOH<sup>3)</sup>, Tetsuya IKEDA, Masanori WATAHIKI<sup>4)</sup>, Mitsuhiro KAMEYAMA<sup>5)</sup>, Fumi HAYASHI<sup>1)</sup>, Yuta KAWAKAMI<sup>1)</sup>, Yoshiko MURAKAMI<sup>1)</sup> and Yoshie TSUNOMORI<sup>1)</sup>

Japanese Journal of Infectious Diseases, 71(1), 79–84 (2018)

49の胃腸炎事例で集まった246の臨床検体について培養法とRFBS24（マルチプレックスリアルタイムPCRを用いた24種類の食中毒細菌検出システム）の比較を行い、RFBS24が有効な検査法であることを確認した。

<sup>1)</sup>Shimane Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, <sup>2)</sup>Division of Biomedical Food Research, National Institute of Health Sciences, <sup>3)</sup>Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences, <sup>4)</sup>Toyama Institute of Health, <sup>5)</sup>Yamaguchi Prefectural Institute of Public Health and Environment

### 8 Hepatitis E outbreak at a nursing home for aged people in Hokkaido, Japan, between February and March 2016

Setsuko ISHIDA, Kaori MATSUURA<sup>1)</sup>, Shima YOSHIZUMI, Masahiro MIYOSHI, Takahisa SUGISAWA<sup>1,2)</sup>, Mitsuhiro TANIDA<sup>1)</sup> and Motohiko OKANO

Journal of Clinical Virology, 101, 23–28 (2018)

2016年2月から3月にかけて北海道内の高齢者施設においてE型肝炎集団感染事例が発生した。1ヶ月以内に同一施設内2名の発生届を経て、入居者と職員の抗体検査と遺伝子検査を行った。肝炎にかかると考えられる症状がみられたのは4名にとどまったが、125名の検査により28名の入居者と1名の職員から抗体または遺伝子が検出された。遺伝子型は3型で、配列もほぼ一致していた。

<sup>1)</sup>Asahikawa City Center of Public Health, <sup>2)</sup>Kushiro Center of Public Health

### 9 Detection of measles virus genotypes B3, D4, D5, D8, and H1 in the surveillance system in Hokkaido, Japan, 2006–2015, the last decade toward the elimination

Masahiro MIYOSHI, Rika KOMAGOME, Hiroki YAMAGUCHI, Asami OHNISHI<sup>1)</sup>, Masayuki KIKUCHI<sup>1)</sup>, Setsuko ISHIDA, Hideki NAGANO and Motohiko OKANO

Japanese Journal of Infectious Diseases, 70(3), 317–319 (2017)

2006～2015年の間に北海道において届出のあった麻疹症例について、疫学的ウイルス学的情報及び検査結果をまとめ、報告した。

<sup>1)</sup>Sapporo City Institute of Public Health

### 10 Molecular epidemiology of rubella virus strains detected around the time of the 2012–2013 epidemic in Japan

Yoshio MORI<sup>1)</sup>, Masahiro MIYOSHI, Masayuki KIKUCHI<sup>2)</sup>, Masao SEKINE<sup>3)</sup>, Masahiro UMEZAWA<sup>4)</sup>, Miwako SAIKUSA<sup>5)</sup>, Yuki MATSUSHIMA<sup>6)</sup>, Masaë ITAMOCHI<sup>7)</sup>, Yoshihiro YASUI<sup>8)</sup>, Daiki KANBAYASHI<sup>9)</sup>, Tatsuya MIYOSHI<sup>10)</sup>, Kyoko AKIYOSHI<sup>11)</sup>, Chika TATSUMI<sup>12)</sup>, Shuichi ZAITSU<sup>13)</sup>, Mayumi KADOGUCHI<sup>14,15)</sup>, Noriyuki OTSUKI<sup>1)</sup>, Kiyoko OKAMOTO<sup>1)</sup>, Masafumi SAKATA<sup>1)</sup>, Katsuhiro KOMASE<sup>1)</sup> and Makoto TAKEDA<sup>1)</sup>

Frontiers in Microbiology, 8(Aug 9), 1513 (2017)

国内で流行を引き起こした風疹ウイルスの性状を把握するため、それらの遺伝子を解読し、系統学的解析を試みた。

解析には、2012～2013年の全国的流行を含めた前後2010～2014年の間に14道府県で検出された風疹ウイルス221株を用いた。それらのE1遺伝子(739塩基)を解析したところ、192株(87%)は遺伝子型2B、26株(12%)は同1E、3株(1%)は同1Jであることが示唆された。また、遺伝子型2Bの大多数(96%)は、2B-L1系統に属し、東南アジアや東アジアにおいて検出される株と高い相同意を持つことが判明した。

<sup>1)</sup>National Institute of Infectious Diseases, <sup>2)</sup>Sapporo City Institute of Public Health, <sup>3)</sup>Sendai City Institute of Public Health, <sup>4)</sup>Ibaraki Prefectural Institute of Public Health, <sup>5)</sup>Yokohama City Institute of Public Health, <sup>6)</sup>Kawasaki City Institute of Public Health, <sup>7)</sup>Toyama Institute of Health, <sup>8)</sup>Aichi Prefectural Institute of Public Health, <sup>9)</sup>Osaka Institute of Public Health, <sup>10)</sup>Sakai City Institute of Public Health, <sup>11)</sup>Kobe Institute of Health, <sup>12)</sup>Shimane Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, <sup>13)</sup>Fukuoka City Institute of Health and Environment, <sup>14)</sup>Kumamoto City Environmental Research Center, <sup>15)</sup>Kumamoto City Hospital

## 11 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, Yo UEKI<sup>5)</sup>, Michiyo SHINOHARA<sup>6)</sup>, Mariko ISHIKAWA<sup>7)</sup>, Naomi SAKON<sup>8)</sup>, Naoki SHIGEMOTO<sup>9)</sup>, Reiko Okamoto-NAKAGAWA<sup>10)</sup>, Akie OCHI<sup>11)</sup>, Koichi MURAKAMI<sup>2)</sup>, Akihide RYO<sup>12)</sup>, Yoshiyuki SUZUKI<sup>13)</sup>, Kazuhiko KATAYAMA<sup>4)</sup> and Hirokazu KIMURA<sup>2,12)</sup>

Frontiers in Microbiology, 8, 705 (2017). doi:10.3389/fmicb.2017.00705

日本において2004-2015年に検出されたノロウイルスGII.2;51株について全塩基配列を決定し、GII.2のVP1及びRdRp遺伝子における分子進化について解析を行った結果を示した。

<sup>1)</sup>Tochigi Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, <sup>2)</sup>Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases, <sup>3)</sup>Department of Virology II, National Institute of Infectious Diseases, <sup>4)</sup>Kitasato Institute for Life Sciences Graduate School of Infection Control Sciences, <sup>5)</sup>Miyagi Prefectural Institute of Public Health and Environment, <sup>6)</sup>Saitama Institute of Public Health, <sup>7)</sup>Kawasaki City Institute for Public Health, <sup>8)</sup>Osaka Prefectural Institute of Public Health, <sup>9)</sup>Hiroshima Prefectural Technology Research Institute Public Health and Environment Center, <sup>10)</sup>Yamaguchi Prefectural Institute of Public Health and Environment, <sup>11)</sup>Ehime Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, <sup>12)</sup>Yokohama City University Graduate School of Medicine, <sup>13)</sup>Nagoya City University

## 12 Control measures for alveolar echinococcosis in Hokkaido Japan

Kinpei YAGI, Hirokazu KOUGUCHI, Guo ZHI-HONG<sup>1)</sup> and Nariaki NONAKA<sup>2)</sup>

Chinese High Altitude Medicine and Biology, 38(4), 219-222 (2017)

これまで本道でエキノコックス症対策として行われてきた、衛生教育や血清診断による早期検出技術及び実験的研究について概説した。

<sup>1)</sup>Zoonosis Laboratory, Academiy of animal and veterinary medicine, Qinghai university, <sup>2)</sup>Laboratory of veterinary parasitic disease, Department ofveterinary sciences, Faculty of agriculture, University of Miyazaki

## 13 Gene expression profiles of the small intestinal mucosa of dogs repeatedly infected with the cestode *Echinococcus multilocularis*

Hirokazu KOUGUCHI, Takao IRIE, Jun MATSUMOTO<sup>1)</sup>, Hidefumi FURUOKA<sup>2)</sup>, Keiji ISHIWATA<sup>3)</sup>, Ryo NAKAO<sup>4)</sup> and Kinpei YAGI

Data in Brief, 17, 180-183 (2018)

多包条虫に実験的に感染と駆虫を繰り返したイヌは虫体排除能を示す。今回、4度目の再感染後、6日目のイヌ小腸から抽出したRNAを試料として網羅的遺伝子発現解析を行った。その結果、繰り返し感染イヌでは、1度目の感染イヌよりもケモカインや組織修復に関わる遺伝子群の発現増加が認められた。

<sup>1)</sup>Laboratory of Medical Zoology, College of Bioresource Sciences, Nihon University, <sup>2)</sup>Department of Basic Veterinary Medicine, Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, <sup>3)</sup>Department of Tropical Medicine, The Jikei University School of Medicine, <sup>4)</sup>Laboratory of Parasitology, Department of Disease Control, Graduate School of Veterinary Medicine

## 14 Diagnosis of canine *Echinococcus multilocularis* infections by copro-DNA tests: comparison of DNA extraction techniques and evaluation of diagnostic deworming

Takao IRIE, Takuya ITO, Hirokazu KOUGUCHI, Kimiaki YAMANO, Kohji URAGUCHI, Kinpei YAGI and Nariaki NONAKA<sup>1,2)</sup>

Parasitology Research, 116(8), 2139-2144 (2017)

イヌの多包条虫検査における糞便内DNA検出法について検討し、実験感染犬においては感染期間に渡って検出可能となる新規検査法を確立した。また、駆虫薬投薬との組み合わせにより診断効率が向上する可能性についても紹介し

た。

<sup>1)</sup>Faculty of Agriculture, University of Miyazaki, <sup>2)</sup>Center for Animal Disease Control, University of Miyazaki

15 First molecular detection of *Sarcocystis ovalis* in the intestinal mucosa of a Japanese jungle crow (*Corvus macrorhynchos*) in Hokkaido, Japan

Takao IRIE, Tetsuya IKEDA, Teppei NAKAMURA<sup>1,2)</sup>, Osamu ICHII<sup>2)</sup>, Noriko YAMADA<sup>3)</sup>, Takuya ITO, Akiko YAMAZAKI<sup>4)</sup>, Shinji TAKAI<sup>5)</sup> and Kinpei YAGI

Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports, 10, 54–57 (2017)

エゾシカに寄生する *Sarcocystis ovalis* の終宿主のひとつとしてハシブトガラスが機能することを分子学的・組織学的調査により本邦で初めて明らかとした。

<sup>1)</sup>Chitose Laboratory, Japan Food Research Laboratories, <sup>2)</sup>Graduate School of Veterinary Medicine, Hokkaido University, <sup>3)</sup>Center for wild birds and animals, <sup>4)</sup>Faculty of Agriculture, Iwate University, <sup>5)</sup>School of Veterinary Medicine, Kitasato University

16 Cotton rats (*Sigmodon hispidus*) possess pharyngeal pouch remnants originating from different primordia

Teppei NAKAMURA<sup>1,2)</sup>, Osamu ICHII<sup>2)</sup>, Takao IRIE, Tatsuya MIZOGUCHI<sup>2)</sup>, Akio SHINOHARA<sup>3)</sup>, Hirokazu KOUGUCHI, Yuji SUNDEN<sup>4)</sup>, Saori Otsuka-KANAZAWA<sup>2)</sup>, Yaser Hosny Ali ELEWA<sup>2,5)</sup>, Chihiro KOSHIMOTO<sup>4)</sup>, Ken-ichi NAGASAKI<sup>1)</sup> and Yasuhiro KON<sup>2)</sup>

Histology and Histopathology, 33(6), 555–565 (2018)

コットンラットにおいて高頻度に確認される囊胞、梨状陥凹の小窩等の咽頭囊遺残が、ヒトの下咽頭梨状窩瘻の病態と類似していることを明らかにし、発生機序解明の新規モデルとなり得ることを示した。

<sup>1)</sup>Chitose Laboratory, Japan Food Research Laboratories, <sup>2)</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, <sup>3)</sup>Frontier Science Research Center, University of Miyazaki, <sup>4)</sup>Faculty of Agriculture, Tottori University, <sup>5)</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Zagazig University

17 Close pathological correlations between chronic kidney disease and reproductive organ-associated abnormalities in female cotton rats

Osamu ICHII<sup>1)</sup>, Teppei NAKAMURA<sup>1,2)</sup>, Takao IRIE, Hirokazu KOUGUCHI, Kozue SOTOZAKI<sup>3)</sup>, Taro HORINO<sup>4)</sup>, Yuji SUNDEN<sup>5)</sup>, Yaser Hosny Ali ELEWA<sup>1,6)</sup> and Yasuhiro KON<sup>1)</sup>

Experimental Biology and Medicine, 243(5), 418–427 (2018)

メスのコットンラットに発生する慢性腎不全が、雌性生殖器の異常および免疫異常と密接に関連していることを明らかにし、コットンラットが慢性腎臓病と性関連因子の相互作用の解明に有用なモデル動物であることを示した。

<sup>1)</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, <sup>2)</sup>Chitose Laboratory, Japan Food Research Laboratories, <sup>3)</sup>Sankyo Labo Service Corporation, <sup>4)</sup>Kochi Medical School, Kochi University, <sup>5)</sup>Faculty of Agriculture, Tottori University, <sup>6)</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Zagazig University