

衛生微生物技術協議会第45回研究会

アデノウイルス レファレンスセンター会議

日時 令和7年7月15日（水）

11時～12時

1010会議室

地方衛生研究所

国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所

検査診断技術研究部 第1室

花岡 高橋

開催報告版：公開版

注意・確認事項

- ・ 本日の会議の参加者は、地方衛生研究所等の先生方、レファレンスセンター関連の先生方です。
- ・ 発表内容は、公表されているもの以外は非公表です。
- ・ 共有したい場合は、発表者の先生方に了承を得ること。
- ・ 共有できる部分は、後程報告PDFで感染研HPに掲載されます。

アデノウイルスレファレンスセンターでは、地区代表と感染研世話人で決裁を経たうえで、病原体サーベイランスの実施体制、方針、方法を決定しています。

持続可能な一定精度を維持した病原体サーベイランスの維持

以上を参加者間で確認した

参加者の確認と出席確認

国立感染症研究所 感染症危機管理研究センター 第4室

花岡希（世話人）、高橋健一郎

＜地区ブロック代表：議決権有＞

- | | |
|----------------|----------------------|
| ・青森県衛生研究所 | 岩舘樹里 先生 |
| ・新潟県保健環境科学研究所 | 青木順子 先生 |
| ・東京都健康安全研究センター | 高橋久美子 先生 |
| ・大阪健康安全基盤研究所 | 廣井聡 先生 → 平井有紀先生 |
| ・広島市衛生研究所 | 山木戸聡 先生 |
| ・福井県衛生環境センター | 高橋美帆 先生 → 小和田和誠先生：欠席 |
| ・熊本県保健環境科学研究所 | 笠純華 先生（代理）徳岡英亮先生：欠席 |

50名を超す多くの先生方にご参加いただき感謝します。
座席が足りず申し訳ありませんでした。

会議次第

【開会】

司会：世話人花岡希 注意事項等、地区代表の先生方の参加確認

【議事】

1. アデノウイルスレファレンスセンターの構成、現状確認--花岡5分

2. 各ブロック報告（A R I サーベイランスの状況）～30分--- 取りまとめて共有します。

- | | |
|----------------|------------------------|
| ・青森県衛生研究所 | 岩舘 樹里 先生 |
| ・新潟県保健環境科学研究所 | 青木順子 先生 |
| ・東京都健康安全研究センター | 高橋 久美子 先生 |
| ・大阪健康安全基盤研究所 | 平井有紀 先生 |
| ・広島市衛生研究所 | 山木戸聡 先生 |
| ・福井県衛生環境センター | 小和田和誠先生 欠席（花岡委任） |
| ・熊本県保健環境科学研究所 | 笠純華 先生 欠席 代理（徳岡英亮先生）欠席 |

3. アデノウイルスレファレンス方針案の再確認（NESID登録案）--花岡-10分

- ・アデノのNESID登録に関して：昨年度のままの方針でいいか。3型や114型への対応
- ・アデノウイルス研究会への参加---幹事推薦

4. ICTV種名変更と和名使用方針案の再確認

5. 決議事項・花岡・地区代表-10分

- ・マニュアル改定：酵素のと機器の比較、下痢症RealtimePCR追加。
- ・12月か年度末かゲノム解析含めたWeb会議

<情報共有>

- ・アデノウイルス国際会議からの情報共有
- ・分離株の確保やゲノムデータバンク構想
- ・完全長ゲノム解析法のマニュアル化と解説

5. 参加者含めた全体での協議論。--10分

持続可能な一定精度を維持した病原体サーベイランスの維持

ARIサーベイランスに関して

- ・ARIサーベイランスに咽頭結膜熱が含まれている。

< 報告概要 >

- ・ 地区代表の先生方等含めて、現状をご報告いただきました。
- ・ システム上の課題や今後継続していくことでの課題など、次回の衛微協での中心的な検討事項になることが確認された。
- ・ 定点での病原体検査や報告システムへの労力が大きな負担
- ・ 検出アデノウイルスは主にC種が多く、咽頭結膜熱とは異なっている。
- ・ 一部重症呼吸器関連アデノウイルスも検出か？

昨年度の裁決事項の再確認と方針決定

- ・感染症発生動向調査：NESID 登録方針案

→ ヘキソン低ナンバー登録主義

- ・マニュアルの改訂：型決定法の追加
- ・Web説明会の開催。
- ・コミュニティとしての方針、主張、共有化に関して。

ICTV種名変更と和名使用方針案

<レファレンス方針の再確認と今後の方針に関して>

- ・NESID登録はマニュアル参照での”ヘキソン低ナンバー登録方針”を継続する。：参照用マニュアルで本方針を明確にわかりやすく修正する。
- ・昨年度に引き続き12月末か3月末でのWEBでのマニュアル、NGS解析説明会を実施する。
- ・ICTV2名法の再確認を実施。
- ・世界最大規模のアデノウイルス研究コミュニティとしてのレファレンスセンターとして、アデノウイルスサーベイランスの方針のまとめと主張を行っていくことを確認。

昨年度からの課題＋確認事項

【NESID型登録に関して】

- 【制限】
- ・登録、選択できるデータの個数が99個まで。
 - ・一度データを消すと、過去のデータもすべて消える。
 - ＊いつまで何をしていたのかの記録も残らない。
- 【方針】
- 限られた資源を有効に活用する。
- ↓
- 最低限必要な新型のみ登録可能にする。
- 毎年、追加候補をレファレンスセンター会議で決定する。

【ゲノム解析支援サイトに関して】

- ・基本情報は、掲載した。
- ・追加の操作説明など希望があれば
- ・昨年実施したマニュアル解説Zoom会議は、Mafft siteの不具合でMafft解説できなかった。

・今年度での追加は無し
・12月か年度末での解説会議の実施を決定した。

ワーキンググループに振り回されない確実なサーベイランスの実施

【概要】

- ・ NESID登録は登録可能な型優先で登録。
- ・ 型の判別はなるべく~~なるべく~~ヘキソンの低ナンバー（110型以下）で判別すること。

【型の判別方法】

（ローカルブラスト的な考えで）

116型（要確認）までの参照用マルチファスタと（系統樹）を、完全長、ヘキソン、ペントン、ファイバー各ORFで用意し、提供



Local Blast的。 NCBI使用しない。

各ORFマルチファスタに、マニュアル掲載の解析領域をくわえる。



Mafft (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) で、マルチアライメント-系統樹解析を実行。



マニュアル解析領域は、一番同一性の高い配列を持つ型と同じ枝内に分類されるので、その型をP,H,F各々に記載し、組換えであれば、ワーキンググループ（<http://hadvwg.gmu.edu/>）のリストを参照し、“NESID登録可能な型があれば、NESIDへそのまま登録”し、“NESID登録可能な型が無ければ、ヘキソンの型で最も小さい型番を優先し、登録し、備考欄にPHFを表記する”

*マニュアルを改定。解析の解説に114型、66型は混乱が生じるので、3型とすると記載する。等記載する。

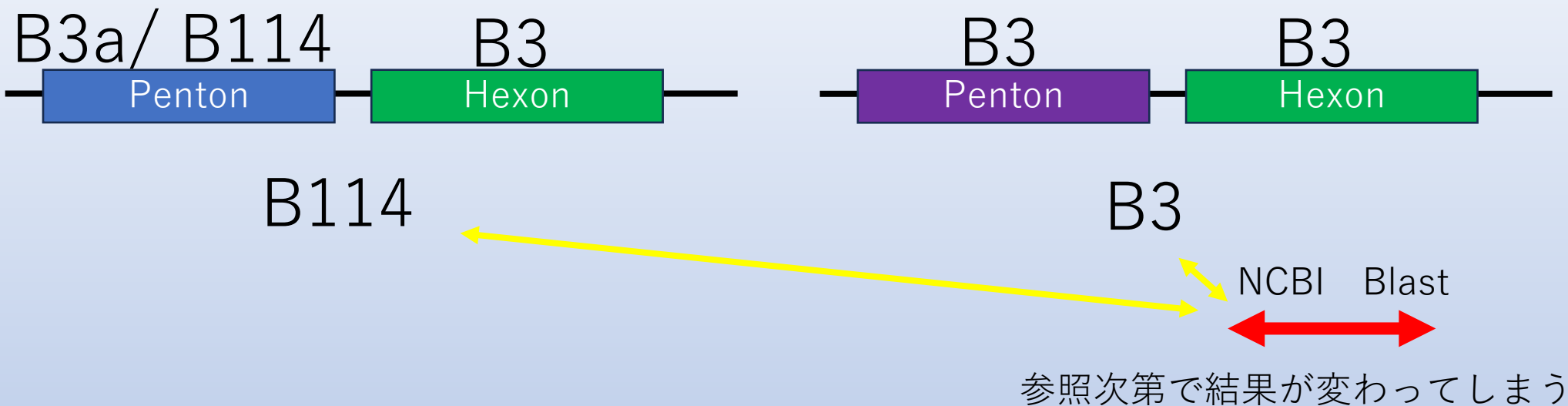
NCBI Blastでは判断しない。

方法

Mafftは現在のところ、ウェブ版が公開されており、ネットワーク環境さえあれば、簡単に利用可能で、判別が可能

- ・ Blastでは、Blastを組み込む必要あるため、ひと手間かかる。
- ・ 色々解析できる先生方は、独自に実施していただいて構いません。
- ・ ゲノム解析の先生方には、NCBI, Genbank, DDBJは間違った登録情報が修正されずそのまま掲載され続けているので、注意が必要 ということ は注意喚起する必要がある

アデノウイルス新型のサーベイランスにおける問題点



<表現型に関して>

B114型は現時点では、これまでのB3型と異なる表現型の情報はない。近年流行している3型であり、これまで報告のある3a系統でもある。*他の新型も新しい表現型の報告はほとんどない。

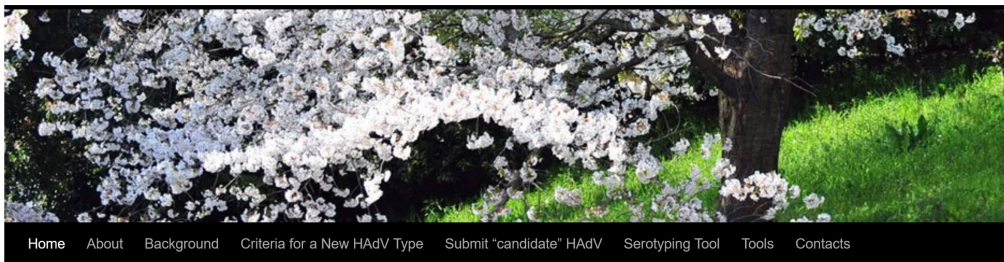
→本系統がどこまでさかのぼって国内に存在していたかは、今後の解析が必要であるが、近年突然出現した型ではない。にもかかわらず、新しい番号での採番は“新型”の流行 という情報になってしまう。

これまで3型はアデノウイルスの中で毎年最も流行してきた型であるが、全くの同一型ではなく、各年での流行型（亜型）が存在してきた。（これら3型亜型の表現型はほとんど解析されていない）

→B114の採番ロジックでは、すべて新型になってしまう可能性もある。

☆毎年3型亜型が、新型となり、流行はしているがはっきりした表現型の差が確認されてない現状では、サーベイランス上混乱しか生じない。→今後の114型の特徴的な表現型解析に期待。

*国内での過去の114系統の遺伝学的解析や、これまでの3型系統の中和能や他の表現型の解析等を検討していく。
NESID登録はヘキソン低ナンバー主義として、現状では114型は3型で登録する。



Home

Human Adenovirus Working Group

About

The criteria are based on discussions at the International Adenovirus Meeting (Dobogókő, Hungary; 26-30 April, 2009) and the NIH Human Adenovirus Working Group Workshop (Bethesda, MD. USA; 3 February 2011), which are summarized in a “[Letter to the Editor](#)“.

Committee Members:

J. Rodney Brister

James Chodosh

David T. Curiel

Albert Heim

Morris S. Jones

Adriana Kajon

Thomas Lion

Donald Seto (Chairman)

Qiwei Zhang

114型は、
制限酵素切断パターンでの亜型
3a

Submit “candidate” HAdV

Please email the information below along with a [FASTA](#) file of candidate HAdV genome nucleotide sequence to Dr. James Brister (jamesbr@ncbi.nlm.nih.gov) and Dr. Olga Blinkova (olga.blinkova@nih.gov) with the subject line “Human Adenovirus Working Group.”

All type submissions will be forwarded to the Working Group from NCBI without any author identifying information to insure anonymity of submitter.

1. Your contact information.

2. Designation of strain.

For example, the universal name for HAdV-D53 is

Adenovirus D human/DEU/IAI-1/2005/53[P37H22F8]

Where DEU is the country code and country of isolation

and IAI-1 is the lab name or unique identifier from the contributor

and 2005 is the year of isolation

and 53[P37H22F8] is the proposed type number with, in brackets, the penton base it is closest to and the hexon L1/L2 it is closest to and the fiber knob it is closest to.

3. Date and place of isolation.

4. Complete genome and analysis?

5. Evidence- why do you consider this a novel type?

a) Is it based on phylogenomics? How do the phylogenetic trees for the whole genome, penton base, hexon loop 1, hexon constant and fiber knob compare?

For example, the gene map and phylogenomics data presented in M.P. Walsh, et al.

(09). PLoS ONE 4:e5635 demonstrated that HAdV-D53 was a recombinant adenovirus which contained genes from different adenoviruses.

b) Is it based on sequence metrics?

Please submit %GC, %genome difference from next closest adenovirus.

For example, the data presented in M. S. Jones, et al. (07). J. Virol. 81:5878 demonstrated that HAdV-G52 was exceptionally distant from viruses in species HAdV-A and HAdV-F, which were its closest phylogenetic neighbors.

c) Are there genome change and significant biological and/or pathogenic changes?

For example, the gene map and phylogenomics data presented in M. P. Walsh, et al. (10). J. Clin. Microbiol. 48:991 demonstrated that HAdV-B55, which has the hexon loop 1 and serum neutralization epitope of HAdV-B11 (a renal pathogen), behaves like a respiratory pathogen with a fiber knob and hemagglutination inhibition epitope of HAdV-B14.

6. PLEASE SUBMIT SUPPORTING DATA, INCLUDING FIGURES (IMPORTANT), FOR OUR EVALUATION.

研究体制の整備、国際的な発言力を有するアデノウイルスコミュニティの設立

日本は世界で最もアデノウイルス感染症に関して日常患者サーベイランス、病原体サーベイランスを実施している国である。

+

ワクチン開発におけるアデノウイルス研究も進んでいる

一方で、国際的な発言力は弱い。と国内外でみられている。

＊アデノウイルス感染症に対する見解

＊ゲノムワーキンググループへの参加状況

＊レビューワー等への対応

ICTVはウイルスはコミュニティベースでの対応が重要と表明

日本アデノウイルス研究会に幹事として、地区代表の先生方から1名選出し地方衛生研究所代表として参加を目指す。

新旧対応表

旧 Species	新 Species
Human mastadenovirus A	Mastadenovirus adami
Human mastadenovirus B	Mastadenovirus blackbeardi
Human mastadenovirus C	Mastadenovirus caesari
Human mastadenovirus D	Mastadenovirus dominans
Human mastadenovirus E	Mastadenovirus exoticum
Human mastadenovirus F	Mastadenovirus faecale
Human mastadenovirus G	Mastadenovirus russelli

Genus	Species	Virus name	Isolate	Accession	Available sequence	Abbrev.
Mastadenovirus	Mastadenovirus adami	human adenovirus 12		X73487	Complete genome	HAdV-12

A,B,C,D,E,F,G種、グループ どこに行ってしまったのか、、、、不明！

Human mastadenovirus の種と型

齧歯類に対して、、、

	種	主な疾患	主な型
強発癌 弱発癌	A	感染性胃腸炎	12,31
	B1	急性呼吸器感染症・ <u>結膜炎</u> ・尿道炎	3,7
	B2	出血性膀胱炎・（尿道炎）	11,34,35
発癌無	C	急性呼吸器感染症・ <u>結膜炎</u> ・（尿道炎）	1,2,5,6
-	D	流行性 <u>角結膜炎</u> ・尿道炎	8,19/64,37,53,54,56,85
-	E	急性呼吸器感染症・ <u>結膜炎</u> ・（尿道炎）	4
-	F	感染性胃腸炎	40,41
-	G	感染性胃腸炎	52

- ・ A-Gの7種に分類され、血清型や遺伝型として100型～が報告されている
- ・ 種によって、関連する疾患が異なり、同一種内でも主な関連疾患が異なる
- ・ 呼吸器系と消化器系では大きな違いがあるが、
- ・ 特に呼吸器系（B,C,E種）のアデノウイルスは広く全身に感染が可能である

基本的にはこのような分類表を参照していく

マニュアル改定

酵素のと機器の比較、下痢症RealtimePCR追加

- ・咽頭結膜熱、流行性角結膜炎
→RealtimePCR 酵素4社の比較と2－3種の機器での実証

- ・下痢症マニュアル
→プローブ法の導入。
RealtimePCR 酵素4社の比較と2－3種の機器での実証

マニュアルへの追記と、改定予定

* 12月か年度末にウェブでの解説会議 * ゲノム解析もリベン

今年度の実施課題として、裁決された。

分離株の確保やゲノムデータバンク構想

分離株の保管管理と、ゲノム情報の付与

地衛研等へは無料配布

企業にはパネル化して有償等の検討

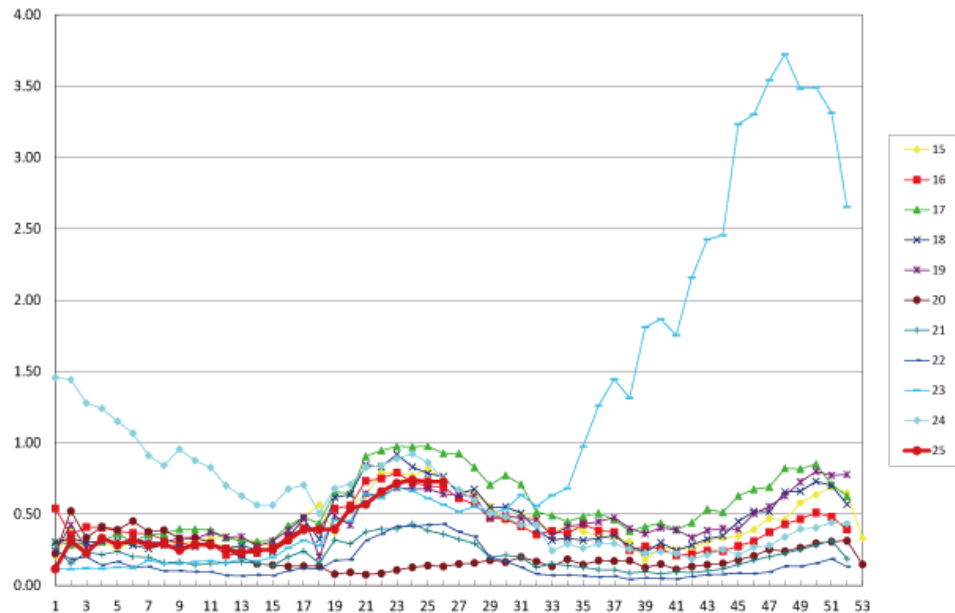
＊管理費用などにあてる

ウイルス分離とゲノム解析の実施に関して、
行政検査依頼いただければ実施可能です。

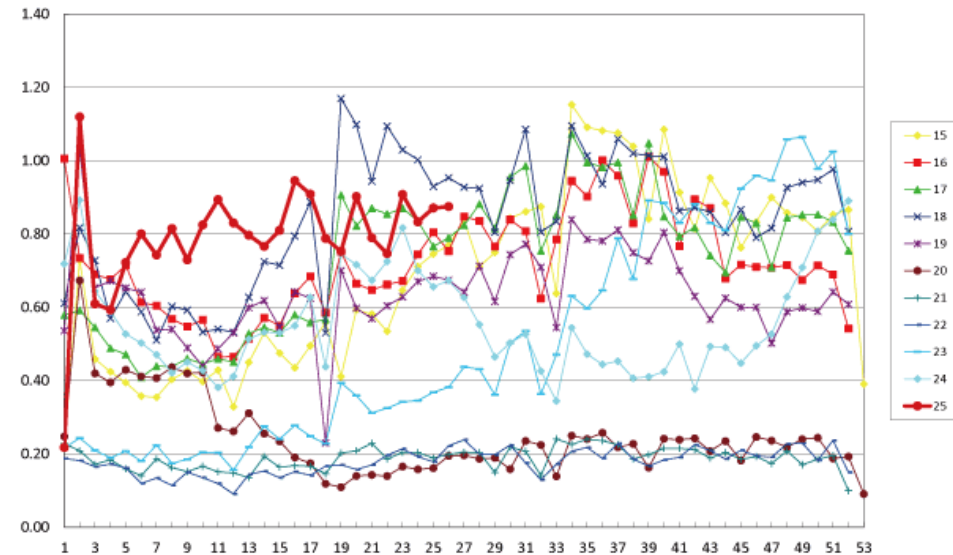
＊パネルに組み込む、再配布等は依頼元の先生方の許可がない限り行いません＊

アデノウイルス感染症発生動向の考察

咽頭結膜熱 (PCF) (小児科定点) 10歳未満



流行性角結膜炎 (EKC) (眼科定点)

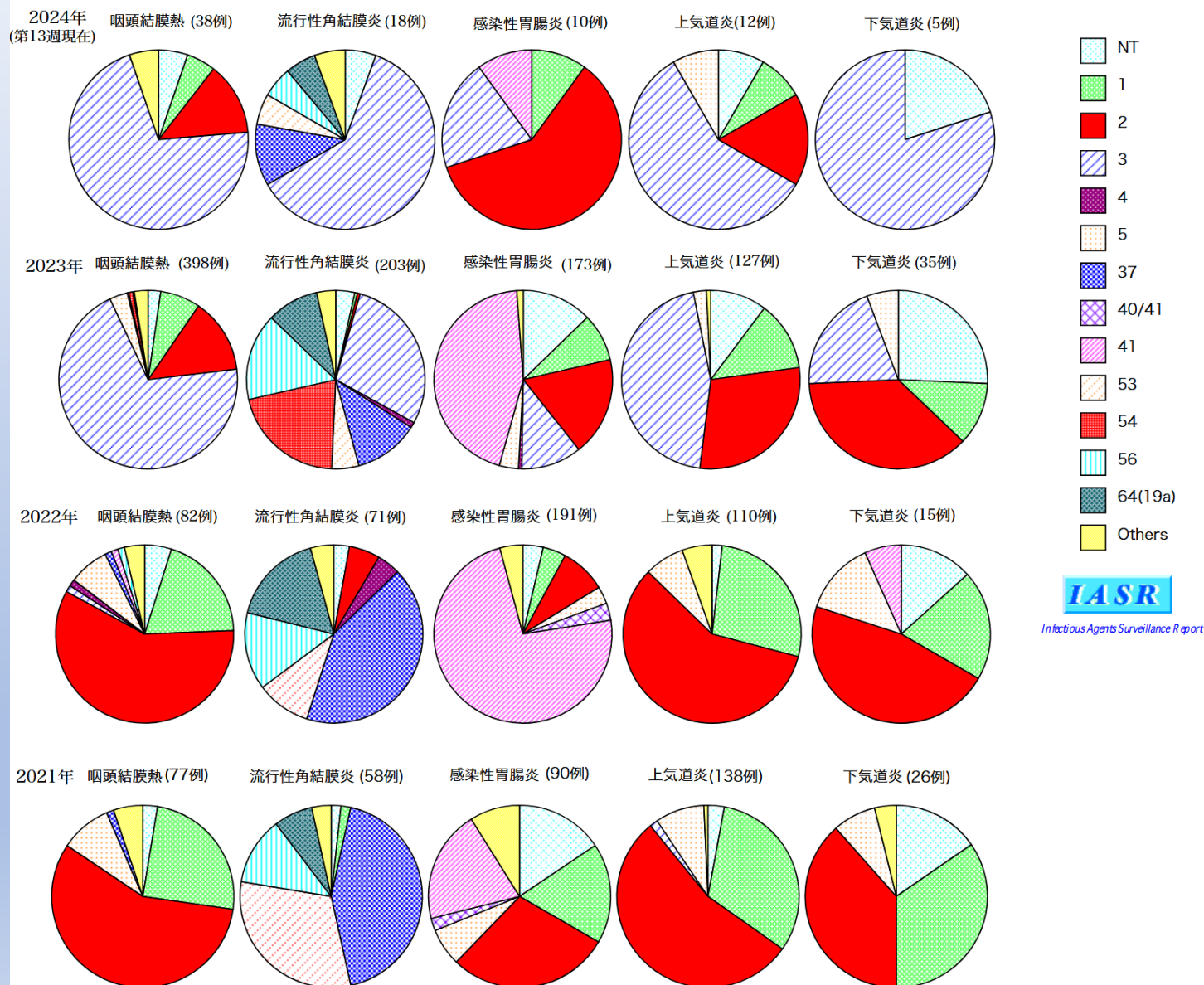


コロナ渦での患者数激減の反動か、異次元の増加を示したが、現在は少し落ち着いている。夏以降の動向に注目される。

コロナ渦での患者数激減から患者数が増えたが、近年では患者数が多いがPCFほどの増加は無い。
・・・眼科定点。。。の見直しが必要か。。

アデノウイルス感染症発生動向の考察

年別アデノウイルスの主な診断名別型別内訳, 2021~2024年 (NESID病原体検出情報: 2024年3月31日現在報告数)



月別ウイルス検出状況、由来ヒト：アデノウイルス、2024年02月～2025年07月

(病原微生物検出情報： 2025年7月15日 作成)



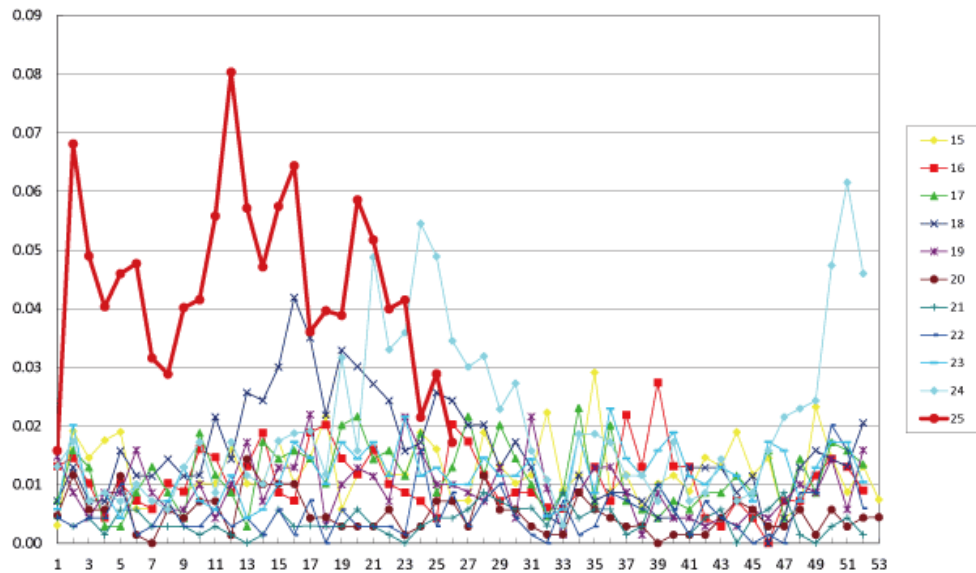
Adenoviruses

Infectious Agents Surveillance Report

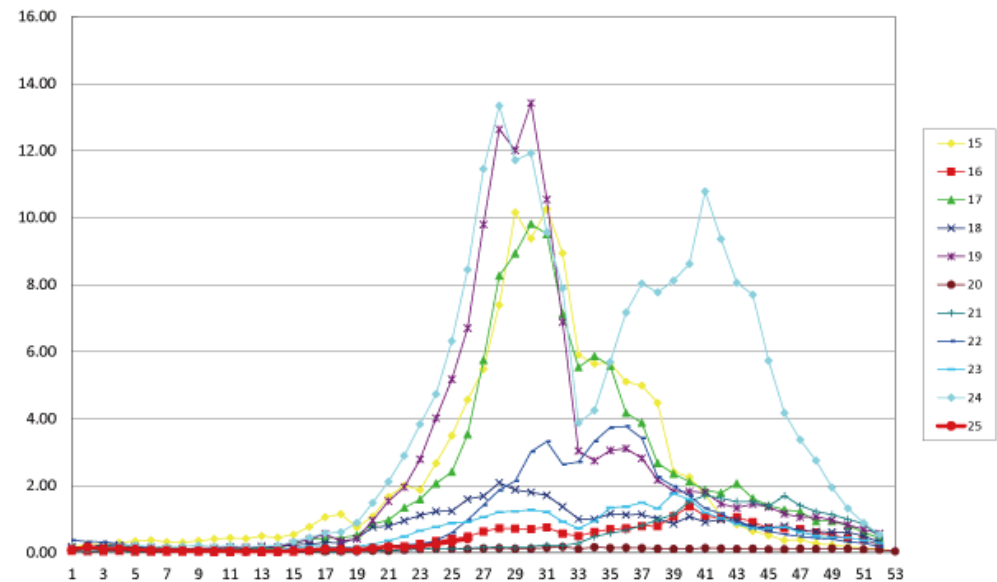
	24 F	24 M	24 A	24 M	24 J	24 J	24 A	24 S	24 O	24 N	24 D	25 J	25 F	25 M	25 A	25 M	25 J	25 J
adenovirus NT	12	11	11	20	9	6	6	6	5	18	7	11	5	5	49	62	56	2
adenovirus 1	5	6	8	11	14	13	5	5	8	12	12	10	6	6	12	18	9	-
adenovirus 2	9	10	12	28	35	23	11	9	18	19	26	15	19	27	42	42	26	2
adenovirus 3	43	42	34	24	27	16	18	14	8	4	5	1	2	1	4	3	-	-
adenovirus 4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-
adenovirus 5	3	1	3	9	3	5	3	1	2	2	1	4	5	7	5	9	2	-
adenovirus 6	1	-	-	-	1	4	-	-	-	-	-	1	2	2	-	-	1	-
adenovirus 7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-
adenovirus 8	1	-	1	1	1	1	4	4	8	4	4	-	-	-	1	-	-	-
adenovirus 11	-	-	-	-	-	1	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-
adenovirus 14	-	-	-	2	1	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
adenovirus 19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
adenovirus 31	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1	1	-	-	-	-	1	1	-
adenovirus 37	5	-	2	5	2	4	2	3	4	2	1	7	1	2	1	1	1	-
adenovirus 41	-	3	1	4	4	2	5	6	7	14	9	11	12	13	8	4	7	-
adenovirus 40/41	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
adenovirus 53	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
adenovirus 54	2	2	4	4	3	9	7	4	4	6	3	4	-	3	2	7	7	-
adenovirus 56	4	1	2	-	-	-	-	3	-	1	-	3	-	-	-	-	-	-
adenovirus 57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-
adenovirus 64 (19a)	1	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	1	-	-
adenovirus 85	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-
adenovirus others	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	1	-	-	1	-	1	-

IT:Not typed

急性出血性結膜炎



手足口病



昨年度から同様
型別の情報重要です！！！！

重症急性呼吸器感染症アウトブレイクと関連するアデノウイルスB種14p1型の日本で初めての探知と拡大への注意喚起

(速報掲載日 2025/2/26) (IASR Vol. 46 p63-64: 2025年3月号)

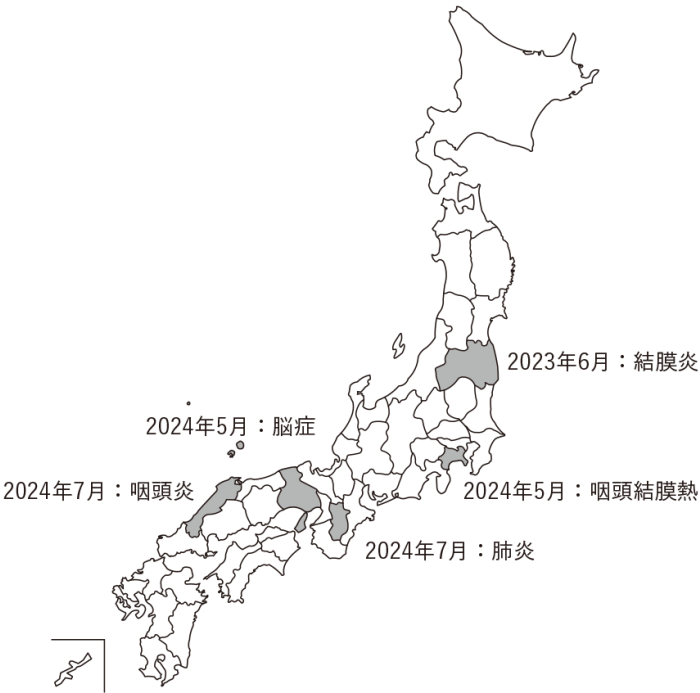


図1. 1975年以降、アデノウイルスB種14型分離同定地域と時期

2023年6月福島県、2024年5月神奈川県、2024年5月神戸市、2024年7月奈良県、2024年7月島根県で各々アデノウイルスB種14型が分離・同定された

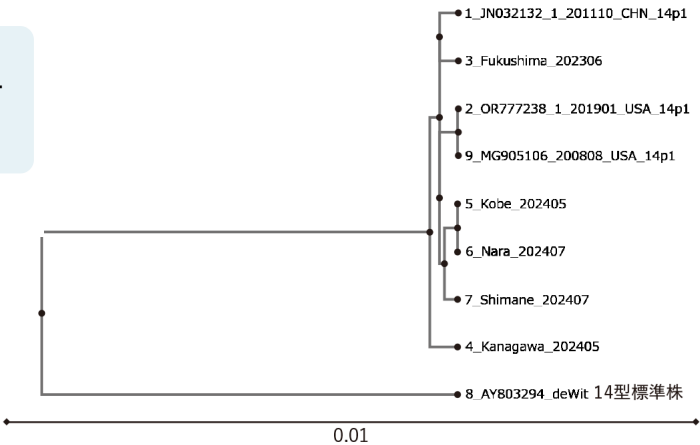


図2. 日本で分離されたアデノウイルスB種14型の系統樹解析結果

MAFFT (<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/index.html>) を用いて解析した
1. 2011年に中国で同定されたB14p1 (JN032132.1)、2. 2019年に米国で同定されたB14p1 (OR0777238.1)
3. 2023年福島県分離株 (LC817944)、4. 2024年神奈川県分離株 (未公開)
5. 2024年神戸市分離株 (LC830687)、6. 2024年奈良県分離株 (未公開)
7. 2024年島根県分離株 (未公開)、8. B14標準株 (AY803294)
9. 2008年に米国で同定されたB14p1 (MG905106)



アデノウイルスレファレンスセンター

国立感染症研究所

花岡 希 高橋健一郎 村上耕介 吉見逸郎 関 なおみ 齋藤智也

青森県衛生研究所 岩館樹里

新潟県保健環境科学研究所 青木順子

東京都健康安全研究センター 高橋久美子

福井県衛生環境研究センター 高橋美帆

大阪健康安全基盤研究所 廣井 聡

広島市衛生研究所 山木戸 聡

熊本県保健環境科学研究所 笠 純華

協力地方衛生研究所等

福島県 ほばら眼科 金子久俊

神奈川県衛生研究所 佐野貴子 稲田貴嗣

奈良県保健研究センター 松浦侑輝

神戸市健康科学研究所 森 愛 谷本佳彦

島根県保健環境科学研究所 和田美江子

来年度に向けて

- マニュアルの更新と改定
- アデノウイルスの新型登録問題に取り組む
- ゲノム解析Zoom、12月末に
- NGSマニュアル化、中和のマニュアル補強
- ARIサーベイランスとの関連性に注視