

(様式第 4 号)

## 調 査 研 究 完 了 報 告 書

調 査 研 究 課 題	小児の重症呼吸器感染症に関与するウイルス遺伝子の網羅解析
研 究 期 間	平成 28 年度～30 年度 3 年間
目 的	小児の重症呼吸器感染症患者を対象にウイルス遺伝子の網羅解析を行い、重症呼吸器感染症に関与しているウイルスの実態と本疾患の原因となるウイルスの詳細なゲノム情報を明らかにする。
得られた 成 果	<ul style="list-style-type: none"><li>・重症呼吸器感染症患者 75 人分の検体について、呼吸器感染症起因ウイルス等 18 項目をリアルタイム(RT)PCR 法で実施した結果、93%(70/75 人)の症例からウイルス遺伝子が検出された。</li><li>・最も多く検出されたのはライノウイルスであり(33/75 人)、次いで RS ウイルスが多く検出された(18/75 人)。</li><li>・ウイルス重複検出例(16/75 人)からは、88%(14/16 人)の症例からライノウイルスが検出された。</li><li>・重症度、基礎疾患等、細菌培養検査の結果、入院日数の 4 項目について解析した結果、細菌との混合感染および基礎疾患等が長期化の要因となることが示唆された。</li></ul>
成 果 の 普 及 ・ 活 用 方 法	<ul style="list-style-type: none"><li>・関東甲信静支部ウイルス研究部会、茨城県小児感染症研究会、茨城県職員臨床衛生検査技師会において学会発表を行い、成果の普及を図った。</li><li>・今後は茨城県衛生研究所のホームページに掲載する予定である。学会等で公表することにより成果の普及を図りたい。</li></ul>
残された 課 題 ・ 問 題 点	<ul style="list-style-type: none"><li>・ウイルス遺伝子が検出されなかった 5 検体については、当所に導入された次世代シーケンサーを用いて解析することを検討する。</li><li>・今後も積極的に遺伝子解析を実施し、呼吸器感染症起因ウイルスの実態および流行状況を調査していく。</li></ul>

## 完了評価結果報告書

令和 元年 9月16日

調査研究課題	小児の重症呼吸器感染症に關与するウイルス遺伝子の網羅解析		
評価項目	評価	意見	備考
①調査研究の 妥当性	5, 5, 5, 5, 5, 4, 4  平均評価点 4.7	<ul style="list-style-type: none"> <li>・期間, 方法, 費用対効果ともに妥当である。</li> <li>・小児呼吸器感染症の重症化のメカニズムを明らかにすることが主な目的で, 保健衛生上重要な研究課題と評価できる。</li> <li>・小児の重症呼吸器感染症は多彩な病原体が關与し, その原因を究明することは重要であることから, 本研究の意義は極めて高い。</li> <li>・限られた予算の中, 3年間で成果を出しており評価できる。茨城県のみならず, 小児科領域で活用可能な結果となっている。引き続き調査を実施するとさらに多くの知見が得られると考えられる。</li> </ul>	
②目標の達成度	5, 5, 5, 4, 4, 4, 4  平均評価点 4.4	<ul style="list-style-type: none"> <li>・当初の目的以上の結果が得られた。</li> <li>・重症呼吸器感染症に關与するウイルス遺伝子の網羅的解析を複数医療機関の共同で行い, 成果を得た。</li> <li>・検体数が当初の予定数に達しなかったが, 目的は概ね達成できた。</li> <li>・ほぼ目標を達成しているが, 臨床の重症度判定基準の整理及びデータ再解析が必要。</li> </ul>	
③成果の意義, 達成度	5, 5, 5, 5, 5, 5, 4  平均評価点 4.9	<ul style="list-style-type: none"> <li>・小児呼吸器感染症の疫学解明に重要である。</li> <li>・小児呼吸器感染症の治療方針に重要な示唆を与える。</li> <li>・重症化には, 特定の遺伝子型ではなく, 細菌の混合感染が関係することが分かったことは意義がある。</li> <li>・複数の研究会等で発表し, 研究成果の普及を行なった。</li> <li>・本研究成果は, 茨城県内にとどまらず広く活用が望まれるため, ホームページ等への掲載だけでなく, 学術論文として然るべき雑誌に投稿すべきである。</li> </ul>	
④総合評価	5, 5, 5, 5, 5, 4, 4  平均評価点 4.7	<ul style="list-style-type: none"> <li>・小児の重症呼吸器感染症患者のウイルス遺伝子の実態を概ね明らかにすることができた。</li> <li>・小児呼吸器感染症の治療方針の大きな手掛かりとなる。</li> <li>・ウイルスのみならず細菌の検出や抗菌薬処方についても情報を得ており, 貴重な結果となっている。今後も調査を継続することを期待する。</li> <li>・研究成果は達成されたと考える。本研究で得られた成果を重症化予防に活かせるよう, 遺伝子解析の継続と複数医療機関の情報共有が望ま</li> </ul>	

		れる。 ・NGS（次世代シーケンサー）を用いた本疾患の網羅的病原体遺伝子解析は高く評価できるが、臨床の重症度判定基準の整理及びデータ再解析が必要と思われる。	
--	--	---	--

評価点 1：不良 2：やや不良 3：普通 4：やや良好 5：良好

追跡評価実施の 要否	要：1人 否：6人	・臨床の重症度判定基準の整理及びデータ再解析が必要と思われる。	
---------------	--------------	---------------------------------	--