

---

## 総 説

---

### 寄生生物の法医学的利用

池 谷 博

京都府立医科大学大学院医学研究科法医学\*

#### Forensic application of microbes

Hiroshi Ikegaya

*Department of Legal Medicine,*

*Kyoto Prefectural University of Medicine Graduate School of Medical Science*

#### 抄 録

世界各地で身元不明死体の増加が問題となってきている。社会の国際化により多くの人が様々な地域に移動するようになったのが一因であるが、従来の人類学的方法やヒトDNA型を用いても出身地域は3大陸程度の大まかな推定にとどまっていた。近年、ヒトに寄生するJCウイルスのゲノム型が世界各地で30以上のゲノム型に分かれて分布していることが明らかになったことを応用し、このウイルスのゲノム型を検出することで身元不明死体の出身地域が詳細に推定する方法を開発した。この方法は非常に手間がかかることから、専門知識のないものでも行えるようにDNAチップ技術を取り入れ、現在では法医学実務の鑑定に用いられるようになった。現在ではこのJCウイルスに加えて、BKウイルス、1型ヘルペスウイルス、EBウイルス、カンジダ・アルビカンス、ヘリコバクター・ピロリなど様々な寄生生物を用いた研究にも発展している。さらに寄生生物ゲノムは、出身地域の推定だけでなく、犯罪現場に遺留されている尿斑や唾液斑等の体液斑の証明にも利用できる可能性があり、法医学的に重要性を増してきている。

**キーワード**：法医学鑑定，寄生生物，ゲノム型，身元不明死体，体液斑証明。

#### Abstract

Social internationalization is one of the reasons for an increasing number of unidentified cadavers becoming an important problem in the world. Traditional methods of estimating the geographical origins of unidentified cadavers were only successful in elucidating the continental racial differences. Recently, it was discovered that the human parasite JC virus, having more than 30 different genotypes, is widely distributed in the world. Hence, a geographical identification method was established using JC virus for unidentified cadavers. However, as this method requires more effort and specific technical knowledge, a DNA chip, which requires no technical skills and consumes less time, was developed. In addition to JC virus, many other parasitic agents such as BK virus, HHV-1, EB virus, *Candida albicans*, and *Helicobacter pylori* have also been reported to estimate the geographical origins of unidentified cadavers. Besides geographical estimation, these parasitic agents enable us to assess the body fluid that is taken

as proof in a crime scene. Thus, the approach of using microbes in the field of forensic medicine is increasing in importance.

**Key Words:** Forensic medicine, Unidentified cadaver, Microbes, Genotype.

## 緒 言

近年、世界各地で身元不明死体の増加が問題になってきている<sup>1)</sup>。わが国では、行方不明者の数が年間10万人を超え<sup>2)</sup>、警察の取り扱った身元不明死体の数も平成18年度で16000体を超えている。主な原因として挙げられるのが、国際化による外国人死体の増加である。これについての国の統計は存在しないが、図1に日本人口動態統計に報告された、わが国の外国人他殺死体の出身国内訳を示した。これによると、外国人他殺死体そのものの数の増加に加えて、1992年以降の統計数値では出身国の内訳が詳細に記載されるようになってきている。ここから、外国人そのものが増加しているのに加えて、外国人の

出身地域が多岐に渡るようになったということが分かる。この出身地域の多様化・複雑化が、最終的な身元判明に絶大なる威力を発揮するはずのヒトDNA型検査において、該当者と合わせるための比較対象サンプルの入手先が絞り込めず、身元不明死体の迅速な身元判明の障害となっていると考えられている。実際、2002年のタイの大地震による津波の被害者の身元判明では、災害後半年でヒトDNA型検査を用いて身元が判明したのはわずか1.3%に過ぎなかった<sup>3)</sup>。

したがって、身元不明死体のヒトDNA型検査による個人照合のためには、まず出身地域によって比較対象該当者を絞り込まねばならないが、ヒトDNAを用いても個人の出身地域を明らかにする有効な方法は無く、従来の人類的

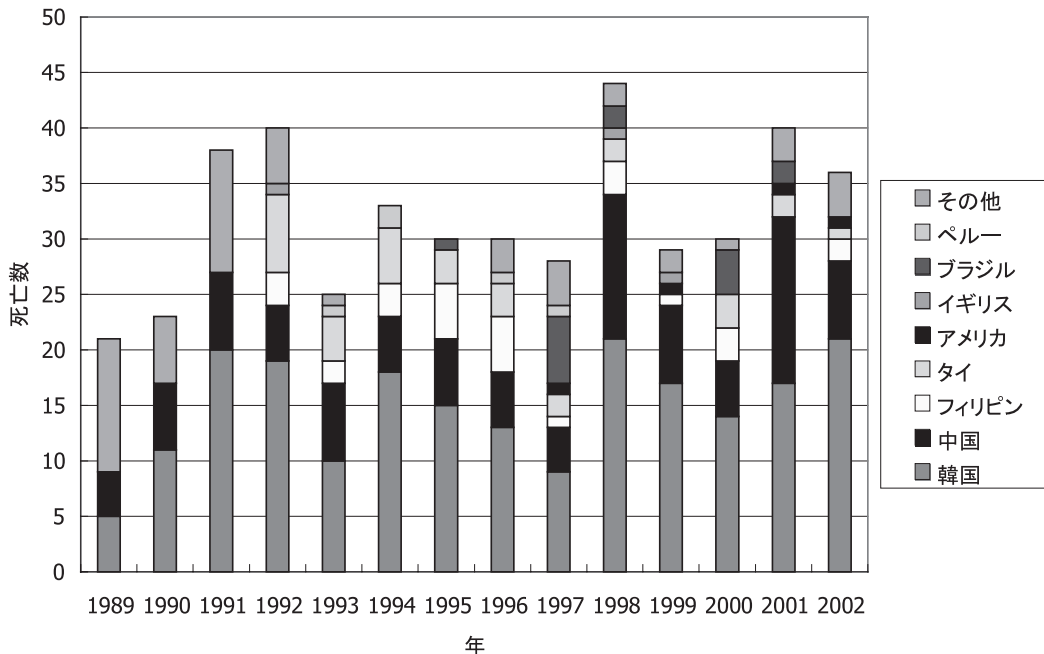


図1 外国人他殺体出身国内訳

方法では、三大人種の推定程度にとどまっていた。

したがって、個人識別のための比較対象資料を絞り込む重要な情報としてヒトの出身地域を推定する方法が望まれていた。

## JC ウイルスの法医学的利用

人類学の分野では近年、従来のヒトの人類学的特長や、ヒト DNA の解析によるだけでなく<sup>46)</sup> ヒトに寄生するウイルスを用いて人類移動の解析を行う研究がなされるようになった<sup>7-10)</sup>。

JC ウイルスは、ヒトポリオーマウイルス属に分類される、1971年に Padgett らによって進行性多巣性白質脳症の患者の脳組織から、はじめて分離されたウイルスである<sup>11)</sup>。その後 1973 年には、Padgett と Walker により、成人の約 70% が JC ウイルスに対する抗体を保有していることが判明した<sup>12)</sup>。1990 年以前には、JC ウイルスは初感染後に腎臓に潜伏感染していることがわかっており、妊婦や免疫不全患者の尿から JC ウイルスが検出されることが知られていた。ところが、1990 年に北村らにより、健常人の尿からも JC ウイルスが検出されることが判明し<sup>13)</sup>、成人の 50% から 60% が尿中に JC ウイルスを排出していることがわかった。

さらに、この健常人の尿から検出される JC ウイルスのゲノムを精査した結果、そのゲノム型が世界各地で異なっていたことから、この尿中に排泄された JC ウイルスのゲノムを分枝系統解析することにより、ウイルスの分子進化が明らかになり、ホストである人類の移動してきた経路が明らかになるのではと考えられ、研究が進められている。ウイルスのゲノム型は、今日では世界各地で 30 以上のゲノム型に分かれて分布していることがわかっている<sup>14)</sup>。

ところが、このウイルスには重要な特徴があった。それは、一人のヒトから 1 種類のウイルス株しか検出されないということである<sup>15)</sup>。また、その一人のヒトから検出されるウイルス株は一生変わることがないということである<sup>16)</sup>。

これらの特徴により、身元不明死体からウイルスゲノムを検出し、そのゲノム型を明らかに

することにより、そのヒトの育った地域をウイルスゲノムの分布域から推定できると考えられた。なぜなら、そのヒトが成長した後に、仕事などの都合により他の地域に移動したとしてもそのヒトは生まれ育った場所に分布するウイルス株のみを一生保持し続けるからである。

ウイルスゲノム型の判定には、ウイルスの変異の多い領域である IG 領域 (610 bp) を PCR 装置を用いて増幅した後、その増幅断片をクローニング (または全長配列 (約 5100 bp) のクローニング)、シーケンスし、塩基配列を決定する。そして最終的には世界のさまざまな地域の報告された株の塩基配列と共に分枝系統解析を行う。そして、分かれたクラスターのどこに含まれるかによってゲノム型を判定する。

法医学で通常目にするような死後経過時間の経過した遺体の尿や腎臓から JC ウイルスが検出されたことはなかったが、検討の結果、0 歳の乳児から 90 歳以上の老人にいたるまでの司法解剖症例の中の約 45% から JC ウイルスが検出された<sup>17)</sup>。検出に影響する死因は認められず、表面が高度に焼損した遺体や、死後 10 ヶ月の高度に腐敗した遺体からも JC ウイルスは検出された。そして、分枝系統解析の結果判定されたゲノム型の分布する領域は、実際の解剖体の出身地域に完全に符合した。

さらに、ホルマリンやパラフィンなどの保存臓器についても検討された結果、短期間ホルマリンに浸漬された組織から問題なく JC ウイルスを検出することができた<sup>18)</sup>。

この JC ウイルスゲノム型で推定される出身地域は、従来法により推定される地域である 3 大陸よりも、ずっと詳細である。例えば、ヨーロッパでは EU-a, EU-b, B1-c の 3 つの主なゲノム型が各々異なる地域で分布しており、アフリカでは Af-1, Af-2, Af-3 の 3 つの主なゲノム型が各々異なる地域で分布している<sup>19)</sup>。さらにこれらのゲノム型は亜型に分類され、さらにそれぞれの亜型で分布する地域が異なっている。また、東アジアでは、ゲノム型が MY は東北日本<sup>20)</sup>、CY-a は西日本<sup>21)</sup>、中国東北地域、CY-b は韓国<sup>22)</sup>、B1-a はフィリピン諸島、SC-a~f は南

中国から東南アジアにかけての地域<sup>23,24</sup>、EUはシベリア<sup>25</sup>、B1-bは中国西域<sup>26</sup>、2Eはオセアニア<sup>27,28</sup>などというように、とりわけ、多様なゲノム型が分布している。

日本では主にCYとMYの2つのゲノム型が分布しており、この2つのゲノム型でほぼ95%程度を占めている。ところが、この2つのゲノム型は分布領域が異なっており、CY型は西日本、MY型は東日本に主に分布している。このことから、日本出身者であるか否かを判定するだけでなく、日本人の中でも何れのゲノム型が検出されるかによって出身地域の可能性の高い地域を示すことや、当該遺体の発見場所の出身地であるか否かの可能性を示すことができる<sup>29</sup>。もっとも、この方法で判定される出身地域はヒトDNA型が非常に高い確率で個人を照合するのとは全く異なり、あくまで可能性を示唆するのに過ぎないが、可能性の高い方から調査することができるため、捜査経済上非常に役に立っている。

さらに、JCウイルスゲノム型を判定するDNAチップが開発された<sup>30</sup>。このDNAチップはこれにより、従来通常2、3日かかっていたゲノム型の判定が半日で済むようになった。さらに、ゲノム型の判定には専門の知識が必要であったが、DNAチップにより専門の知識のない警察の技術職員であっても簡単に判定できるようになった。

## その他の寄生生物の法医学的応用

寄生生物が身元不明死体の出身地域推定という法医学的に利用されるためには、ゲノム型と地域との関連が認められるほか、感染率が高くないと利用できる機会が少なくなってしまう。したがって、HTLV-1やHBVなどのゲノム型と地域との関連が指摘されているものであっても、感染率が低いものは法医学的には有効ではない。もっとも、JCウイルスも感染率は高いが、全ての検体から検出されるわけではない。若年者では検出されないこともある。したがって、同じようにヒトに潜伏感染している複数の寄生生物を用いて出身地域を推定することができれば、より多くの検体の出身地域を推定することができるだけでなく、複数の寄生生物によって判定される出身地域が合致すれば推定結果の正確性も高まると考えられた。現在ではこの考えに基づき、BKウイルス<sup>31,32</sup>、EBウイルス<sup>33</sup>、HSV-1<sup>34</sup>、*Candida albicans*<sup>35</sup>、*Helicobacter pylori*<sup>36</sup>など、さまざまな寄生生物が出身地域の推定に用いることができるのではないかと注目されている。例えば、尿を検体としたときに、JCウイルスのみの検出率は約45%であったが、同じ尿路ウイルスであるJCウイルスとBKウイルスを両方検出することで、約70%の遺体の出身地域を判明することが可能となっ

表1 主な寄生生物の法医学的利用

寄生生物の種類	利用可能性
JCウイルス	尿からの出身地域推定、尿証明
BKウイルス	尿からの出身地域推定、尿証明
<i>Candida albicans</i>	唾液からの出身地域推定、唾液証明
<i>H. pylori</i>	胃粘膜からの出身地域推定
<i>S. mutans</i>	唾液の証明
EBウイルス	血液からの出身地域推定
HSV-1	唾液・三叉神経からの出身地域推定、唾液証明

た。さらに、2つのウイルスが検出され、両方のウイルスによって出身地域が推定されることで、検査の信頼性がより高まっている。このように、様々な検体から様々な寄生生物ゲノムを検出することでより多くの出身地域がより正確に推定できるようになると考えられている。

また、尿や尿斑痕からのJCウイルスの証明は、従来の方法では確定的な判定ができなかったヒト尿証明を可能にすることができた<sup>37)</sup>。こ

のこを用いて、同じように確定的な判定法が存在しなかったヒトの唾液斑の証明を、ヒトの唾液中に含まれる口腔内細菌のゲノムを検出することで証明しようとするなど<sup>38)</sup>、ヒト体液の証明法としても寄生生物のゲノムは注目されている。

JCウイルスに始まるこれらの寄生生物の法医学的応用は、今後多様多様に広まり重要性を増して行くであろう。

## 文 献

- 1) Cattaneo C, Ritz-Timme S, Schutz HW, Collins M, Waite E, Boormann H, Grandi M, Kaatsch HJ. Unidentified cadavers and human remains in the EU: an unknown issue. *Int J Legal Med* 2000; 113: N2-3.
- 2) Ministry of Health, Labor and Welfare Japan. *Vital Statics Japan*, vol. 3, 2006.
- 3) Balwant Rai & SC Anand. Role of Forensic Odontology in Tsunami Disasters: The Internet Journal of Forensic Science 2007; 2.
- 4) Redd AJ, Stoneking M. Peopling of Sahul: mtDNA variation in aboriginal Australian and Papua New Guinean populations. *Am J Hum Genet* 1999; 5: 808-828.
- 5) Lalueza-Fox C, Calderón FL, Calafell F, Morera B, Bertranpetit J. MtDNA from extinct Tainos and the peopling of the Caribbean. 1: *Ann Hum Genet* 2001; 5 (Pt 2): 137-51.
- 6) Horai S, Murayama K, Hayasaka K, Matsubayashi S, Hattori Y, Fucharoen G, Harihara S, Park KS, Omoto K, Pan IH. mtDNA polymorphism in East Asian Populations, with special reference to the peopling of Japan. *Am J Hum Genet* 1996; 9: 579-90.
- 7) Ishida T, Hinuma Y. The origin of Japanese HTLV-I. *Nature* 1986; 322: 504.
- 8) Yanagihara R, Saitou N, Nerurkar VR, Song KJ, Bastian I, Franchini G, Gajdusek DC. Molecular phylogeny and dissemination of human T-cell lymphotropic virus type I viewed within the context of primate evolution and human migration. *Cell Mol Biol (Noisy-le-grand)* 1995; 41 (Suppl 1): S145-61.
- 9) Li HC, Fujiyoshi T, Lou H, Yashiki S, Sonoda S, Cartier L, Nunez L, Munoz I, Horai S, Tajima K. The presence of ancient human T-cell lymphotropic virus type I provirus DNA in an Andean mummy. *Nat Med* 1999; 5: 1428-1432.
- 10) Ho L, Chan SY, Burk RD, Das BC, Fujinaga K, Icenogle JP, Kahn T, Kiviat N, Lancaster W, Mavromara-Nazos P, et al. The genetic drift of human papillomavirus type 16 is a means of reconstructing prehistoric viral spread and the movement of ancient human populations. *J Virol* 1993; 67: 6413-6423.
- 11) Padgett BL, Walker DL, ZuRhein GM, Eckroade RJ, Dessel BH. Cultivation of papova-like virus from human brain with progressive multifocal leucoencephalopathy. *Lancet* 1971; 1: 1257-60.
- 12) Padgett BL, Walker DL. New human papovaviruses. *Prog Med Virol* 1976; 22: 1-35.
- 13) Kitamura T, Aso Y, Kuniyoshi N, Hara K, Yogo Y. High incidence of urinary JC virus excretion in nonimmunosuppressed older patients. *J Infect Dis* 1990; 161: 1128-1133.
- 14) Yogo Y, Sugimoto C, Zheng HY, Ikegaya H, Takasaka T, Kitamura T. JC virus genotyping offers a new paradigm in the study of human populations. *Rev Med Virol* 2004; 14: 179-91.
- 15) Ikegaya H, Iwase H, Yogo Y. Detection of identical JC virus DNA sequences in both human kidneys. *Arch Virol* 2004; 149: 1215-1220.
- 16) T Kitamura, C Sugimoto, A Kato, H Ebihara, M Suzuki, F Taguchi, K Kawabe, and Y Yogo. Persistent JC virus (JCV) infection is demonstrated by continuous shedding of the same JCV strains. *J Clin Microbiol* 1997; 35: 1255-1257.
- 17) Ikegaya H, Iwase H, Sugimoto C, Yogo Y. JC virus genotyping offers a new means of tracing the origins of unidentified cadavers. *Int J Legal Med* 2002; 116: 242-245.
- 18) Ikegaya H, Iwase H, Zheng HY, Nakajima M,

- Sakurada K, Takatori T, Fukayama M, Kitamura T, Yogo Y. JC virus genotyping using formalin-fixed, paraffin-embedded renal tissues. *J Virol Methods* 2005; 126(1-2): 37-43.
- 19) Takasaka T, Kitamura T, Sugimoto C, Guo J, Zheng HY, Yogo Y. Phylogenetic analysis of major African genotype (Af2) of JC virus: Implications for origin and dispersals of modern Africans. *Am J Phys Anthropol* 2006; 129: 465-472.
- 20) Zheng HY, Sugimoto C, Hasegawa M, Kobayashi N, Kanayama A, Rodas A, Mejia M, Nakamichi J, Guo J, Kitamura T, Yogo Y. Phylogenetic relationships among JC virus strains in Japanese/Koreans and Native Americans speaking Amerind or Na-Dene. *J Mol Evol* 2003; 56: 18-27.
- 21) Kitamura T, Sugimoto C, Ebihara H, et al. People of Japan as revealed by genotyping of urinary JC virus DNA. *Anthropol Sci* 1998; 106: 311-325.
- 22) Zheng HY, Zhao P, Suganami H, Ohasi Y, Ikegaya H, Kim JC, Sugimoto C, Takasaka T, Kitamura T, Yogo Y. Regional distribution of two related Northeast Asian genotypes of JC virus, CY-a and -b: implications for the dispersal of Northeast Asians. *Microbes Infect* 2004; 6: 596-603.
- 23) Saruwatari L, Zheng HY, Ikegaya H, Takasaka T, Guo J, Kitamura T, Yogo Y, Ohno N. Dispersal of southeastern Asians based on a global phylogenetic analysis of JC polyomavirus isolates of genotype SC. *Anthropological Science* 2006; 114: 179-186.
- 24) Miranda JJ, Sugimoto C, Paraguisson R, Takasaka T, Zheng HY, Yogo Y. Genetic diversity of JC virus in the modern Filipino population: implications for the peopling of the Philippines. *Am J Phys Anthropol* 2003; 120: 125-132.
- 25) Sugimoto C, Hasegawa M, Zheng HY, Demenev V, Sekino Y, Kojima K, Honjo T, Kida H, Hovi T, Vesikari T, Schalken JA, Tomita K, Mitsunobu Y, Ikegaya H, Kobayashi N, Kitamura T, Yogo Y. JC virus strains indigenous to northeastern Siberians and Canadian Inuits are unique but evolutionally related to those distributed throughout Europe and Mediterranean areas. *J Mol Evol* 2002; 55: 322-335.
- 26) Guo J, Sugimoto C, Kitamura T, Ebihara H, Kato A, Guo Z, Liu J, Zheng SP, Wang YL, Na YQ, Suzuki M, Taguchi F, Yogo Y. Four geographically distinct genotypes of JC virus are prevalent in China and Mongolia: implications for the racial composition of modern China. *J Gen Virol* 1998; 79(Pt 10): 2499-2505.
- 27) Takasaka T, Ohta N, Zheng HY, Ikegaya H, Sakurada K, Kitamura T, Yogo Y. JC polyomavirus lineages common among Kiribati Islanders: implications for human dispersal in the Pacific. *Anthropological Science* 2006; 114: 133-140.
- 28) Jobes DV, Friedlaender JS, Mgone CS, Agostini HT, Koki G, Yanagihara R, Ng TCN, Chima SC, Ryschkewitsch CF, and Stoner GL. (2001) New JC virus (JCV) genotypes from Papua New Guinea and Micronesia (Type 8 and Type 2E) and evolutionary analysis of 32 complete JCV genomes. *Archives of Virology* 2001; 146: 2097-2113.
- 29) Ikegaya H, Iwase H. Trial for the geographical identification using JC viral genotyping in Japan. *Forensic Sci Int* 2004; 139(2-3): 169-172.
- 30) Ikegaya H, Iwase H, Saukko PJ, Akutsu T, Sakurada K and Yoshino M. JC viral DNA chip allows geographical localization of unidentified cadavers for rapid identification. *FSI Genet* 2008; 2: 54-60.
- 31) Ikegaya H, Motani H, Saukko P, Akutsu T, Sato K, Sakurada K. BK virus genotype distribution offers information of tracing the geographical origins of unidentified cadaver. *Forensic Sci Int* 2007; 173: 41-6.
- 32) Ikegaya H, Iwase H, Akutsu T, Sakurada K, Yoshino M. Development of BK virus DNA Chip for geographical identification of unidentified cadavers. *Jpn J Forensic Sci Technol* 2008; 13: 51-58.
- 33) Ikegaya H, Motani H, Sakurada K, Sato K, Akutsu T, Yoshino M. Forensic application of Epstein-Barr virus genotype: correlation between viral genotype and geographical area. *J Virol Methods* 2008; 147: 78-85.
- 34) Motani H et al. Detection of herpes simplex virus type 1 DNA in bilateral human trigeminal ganglia and optic nerves by polymerase chain reaction. *J Med Virol* 2006; 78: 1584-1587.
- 35) Sato K, Katsumura S, Shinmen N, et al. Basic research about the genetic diversity of *Candida albicans* and host's geographic origin. *Jpn J Legal Med* 2006; 60: 59.
- 36) Nagasawa A, Azuma K, Motani H, et al. Detection of *Helicobacter pylori* from postmortem gastric mucosa. —Application to the geographic identification of unidentified cadavers—. 76<sup>th</sup> Kanto meeting of Japanese Society of Legal Medicine. 20<sup>th</sup> Oct. 2007, Yokohama.
- 37) Sakurada K, Ikegaya H, Motani H, Iwase H,

Sekiguchi K, Akutsu T, Yoshino M, Takatori T, Sakai I.  
JC virus genotyping can be used to narrow down the  
native place of persons from urine stains. *Jpn J*

*Forensic Sci Technol* 2005; 10: 111-117.  
38) Nakanishi H, Kido K, Ohmori T, et al. Saliva proof  
using oral bacteria. *Jpn J Legal Med* 2008; 62: 72.

## 著者プロフィール



池谷 博 Hiroshi Ikegaya

所属・職：京都府立医科大学大学院医学研究科法医学 教授

略 歴：1997年3月 宮崎医科大学卒業

1997年4月 東京大学大学院医学系研究科泌尿器科学教室

1999年4月 東京大学大学院医学研究科法医学教室 大学院生・助手  
(2001年12月～2002年9月 Turku University 研究員)

2005年4月 科学警察研究所 技官

2008年4月～現職

専門分野：法医学

- 主な業績：1. Uemura K, Shintani-Ishida K, Saka K, Nakajima M, Ikegaya H, Kikuchi Y, Yoshida KI. Biochemical blood markers and sampling sites in forensic autopsy. *J Forensic Leg Med.* 2008, 15(5): 312-317.
2. Okuno S, Sakurada K, Ohta H, Ikegaya H, Kazui Y, Akutsu T, Takatori T, Iwade K. Blood-brain barrier penetration of novel pyridinealdoxime methiodide (PAM)-type oximes examined by brain microdialysis with LC-MS/MS. *Toxicol Appl Pharmacol.* 2008, 15; 227(1): 8-15.
3. Ikegaya H, Motani H, Sakurada K, Sato K, Akutsu T, Yoshino M. Forensic application of Epstein-Barr virus genotype: correlation between viral genotype and geographical area. *J Virol Methods.* 2008, 147(1): 78-85.
4. Ikegaya H, Zhong S, Shimizu H, Sekiyama M, Soemantri A, Ishida T, Nakazawa M, Ohtsuka R, Takasaka T, Shibuya A, Kitamura T, Yogo Y. The Pacific Lineage (2E) of JC Polyomavirus is Prevalent in Sumba Island, Eastern Indonesia. *Anthropol Sci.* 116(2). 2008, 183-186.
5. Ikegaya H, Yajima D, Iwase H. Vertebral Artery Rupture in a Sudden Death Case after Mild Trauma. *Am J Forensic Med Pathol* 2008; 29(2): 276-8.
6. Ikegaya H, Iwase H, Akutsu T, Sakurada K, Yoshino M. Development of BK virus DNA Chip for geographical identification of unidentified cadavers. *Jpn J Forensic Sci Technol* 2008; 13(1): 51-58.
7. Yogo Y, Zhong S, Xu Y, Zhu M, Chao Y, Sugimoto C, Ikegaya H, Shibuya A and Kitamura T. Conserved archetypal configuration of the transcriptional control region during the course of BK polyomavirus evolution. *J Gen Virol* 2008; 89: 1849-1856.
8. Zhong S, Randhawa PS, Ikegaya H, Chen Q, Zheng HY, Suzuki M, Takeuchi T, Shibuya A, Kitamura T, Yogo Y. Distribution patterns of BK polyomavirus (BKV) subtypes and subgroups in American, European and Asian populations suggest co-migration of BKV and the human race. *J Gen Virol.* 2008, in press.
9. Ikegaya H, Suganami H. Correlation between Climate and Crime in Eastern Tokyo. *Can J Criminol Crim Just* 2008; 50(2): 225-238.
10. Ikegaya H. Geographical identification of cadavers by human parasites. *Forensic Sci Int Genet* 2008; 2(2): 83-90.
11. Ikegaya H, Iwase H, Saukko PJ, Akutsu T, Sakurada K, Yoshino M. JC viral DNA chip allows geographical localization of unidentified cadavers for rapid identification. *Forensic Sci Int Genet* 2008; 2(1): 54-60.