

【他紙発表論文(所員が First Author)】

A 群溶血性レンサ球菌による集団食中毒

愛媛県立衛生環境研究所
松山市保健所衛生検査課

四宮博人
林 恵子

A 群溶血性レンサ球菌(以下「A 群溶菌」という。)は、上気道炎や化膿性皮膚疾患などの原因菌で、続発症として急性糸球体腎炎やリウマチ熱などを引き起こすことが知られている。感染症法では、A 群溶菌咽頭炎が小児科定点報告の五類感染症に位置付けられている。同菌による咽頭炎の感染経路は、主として保菌者からの飛沫感染や接触感染である。一方、食品を介した集団感染事例も報告されているが、我が国での食中毒の届出はきわめて少ない。本稿では 2012 年 8 月に愛媛県内で発生した A 群溶菌による集団食中毒事例について、概況・特徴、疫学、細菌学的検討、予防法、行政上の取り扱い等について解説した。A 群溶菌と黄色ブドウ球菌は、化膿性疾患の代表的な原因菌である。黄色ブドウ球菌は代表的な細菌性食中毒原因菌でもあるが、A 群溶菌による食中毒については、日本の医学系教科書にはほとんど記載がなく、認知度が低いと思われる。A 群溶菌による食中毒の際立った特徴は、腹痛、下痢、嘔吐等の消化器症状が少なく、咽頭痛等の上気道症状が主なことである。今回の A 群溶菌による食中毒事例では、患者を診た医師から保健所に通報があり、保健所は速やかに、発症者、従事者、調理施設から検体を採取し、一般的な食中毒起因菌を保健所で検査するとともに、A 群溶菌の検査を衛生研究所で実施した。このような迅速な連携によって原因菌を同定でき、感染源や感染経路を特定できたと考えられる。一般的な食中毒と異なり消化器症状が乏しいため、食中毒として認識することが難しいが、本稿が A 群溶菌による食中毒に対する理解の一助となれば幸いである。

公衆衛生 Vol.81 (No.6), 506-511(2017)

最近増加している梅毒(第2報)～特に中国・四国地方における発生動向～

愛媛県立衛生環境研究所

菅 美樹, 青木 紀子, 青野 学
井上 智, 四宮 博人

【目的】梅毒は、再興感染症として公衆衛生上の問題となっており、日本においても最近急増している。本研究は、感染症発生動向調査(NESID)の 2006 年から 2017 年のデータを基に、梅毒の届出の経時的、地理的特徴を解析することを目的に実施した。【方法】調査対象は、2006 年 1 月～2017 年 9 月 17 日に、全国で届出のあった 19309 人(男性 14043 人, 女性 5266 人)、中国・四国地方で届出のあった 1045 人(男性 767 人, 女性 278 人)、愛媛県で届出のあった 91 人(男性 73 人, 女性 18 人)で、データは NESID より抽出した。【結果】全国の都道府県別で届出が多かったのは、東京都、大阪府、愛知県などで全体の 60%を占めた。届出時の年齢と病型で多かったのは、男性では 20 歳代～40 歳代の早期顕症梅毒 期, 期, 女性では 20 歳代の早期顕症梅毒 期, 期であった。中国・四国地方では、2016 年および 2017 年の届出数が 516 人と調査対象期間の 49%を占め、岡山県、広島県、香川県での増加は顕著であった。愛媛県での 2017 年累計届出数は 28 人となり、昨年を上回った。【結論】全国および愛媛県において梅毒患者の発生が急増し、特に、20 歳～40 歳代男性および 20 歳代女性の届出が多いことが明らかになった。岡山県は全国でも届出数が多い大阪府、福岡県など都市部に近くアクセスも良好であることから、感染の機会が多く届出数が急増しているのではないかと考えられた。今後は、各地域において届出の頻度が多い症例や感染地域などの傾向を把握し、そのことを踏まえた感染対策を実施することが重要である。

四国公衆衛生誌 63(1), 89-96(2018)

平成 29 年 4 月愛媛県東予地域における PM_{2.5} 高濃度発生状況の解析について

愛媛県立衛生環境研究所

宇野克之, 紺田明宏, 安達春樹
中河三千代, 安部暢哉, 中村洋祐
仲井哲也, 吉田紀美, 四宮博人
愛媛県環境政策課
山内正信

大気中の微小粒子状物質(PM_{2.5})は極めて微小な粒子であり、呼吸器系等への影響が懸念されることから、平成 21 年 9 月に大気環境基準が制定された。本県では、17 の測定局において PM_{2.5} の質量濃度の常時監視を行うとともに、平成 25 年 3 月から PM_{2.5} に関する注意喚起の運用を行っている。今回、平成 29 年 4 月 8 日に東予地域で PM_{2.5}

が高濃度となり、平成 25 年 5 月以来 2 回目となる注意喚起を実施したことから、隣県を含む燧灘周辺の各常時監視測定局の測定データの解析を行い、高濃度発生要因を推察した。

今回高濃度となった平成 29 年 4 月の PM_{2.5} 質量濃度の経時変化をみると、8 日未明から特に伊予三島測定局及び川之江測定局(以下「三島・川之江測定局」という。)で濃度が上昇し始め、その他の局でも上昇がみられた。その後も濃度が上昇し三島・川之江測定局で注意喚起の判定基準値を超過したことから、東予地域を対象とした注意喚起を実施した。その後も高濃度で推移したが、翌 9 日早朝には全局で濃度が低下した。

解析の結果、今回の高濃度発生要因については、平成 25 年 5 月と同様に、風速が弱い、日射が少ない、湿度が高い等の気象条件等が重なることで二次生成粒子である NH₄NO₃ の生成が促進されたため PM_{2.5} が高濃度となったことが示唆された。また、燧灘周辺の広島県、岡山県及び香川県の測定局のデータとも比較すると、今回の三島・川之江測定局の PM_{2.5} 濃度は、隣県の濃度に比べ突出しているとともに、隣県の広島県、岡山県及び香川県のいずれとも異なる濃度推移を示していること、さらに本県の東予地域に最も近い隣県の測定局においても三島・川之江測定局ほどの高濃度となっていないことから、今回の事例は本県東予地域の非常に局所的な事例であることがわかった。

全国環境研会誌 Vol.43.1, 35-39(2018)

Occurrence of *Eपुरaea muehli* Reitter (Coleoptera, Nitidulidae) in Japan

Sadatomo Hisamatsu

Eपुरaea muehli Reitter is recorded from Japan for the first time and is redescribed. Dorsal habitus, male genitalia, and other important diagnostic characters of the species are illustrated.

Elytra, new series, 8(1): 149-152(2018)

愛媛県におけるオオキトンボの保全活動

愛媛県立衛生環境研究所

久松定智

愛媛県生物多様性センターは、2016 年から、愛媛県内でオオキトンボの保全及び調査活動を実施している団体に対して調査協力を行っている。今回は、ため池の管理手法とオオキトンボの生活史との関連について、県内で 2016 年に行った調査結果を中心に、県内での本種の保全に向けた取り組みを紹介したい。本調査は、平成 28 年度地球環境基金「松山市北条地域のため池+田んぼにおける生物多様性を解明する、農作業&生き物カレンダープロジェクト」(申請代表者 松井宏光)の助成を受けて実施した。

昆虫と自然 53(5), 22-25(2018)

ヨドシロヘリハンミョウを愛媛県から初確認

愛媛県立衛生環境研究所
愛媛県松山市

久松定智
橋越清一

ヨドシロヘリハンミョウ *Callytron inspecularis* (W.Horn, 1904)は、朝鮮半島、中国南部、台湾、日本(瀬戸内海一帯と九州、四国、種子島)から記録されており、ヨシ群落やマングローブ林と隣接する砂泥地の河口域に限定して分布する特異な種である。本種は、環境省絶滅危惧 II 類のほか、国内 14 府県で絶滅もしくは絶滅危惧種にランクしている。筆者らは従来記録のなかった愛媛県から本種を確認したので報告を行った。

Sayabane, New Series, (28): 26-27(2017)

日本のケシキスイ科(コウチュウ目)その 6

愛媛県立衛生環境研究所

久松定智

今回は日本産ケシキスイ科その 6 として、セスジデオキスイ亜科 Cillaeinae, と、ケシキスイ亜科 Cryptarchinae の解説を行った。

昆虫と自然 52(9), 24-25(2017)

【他誌発表論文(所員が First Author 以外)】

Phylogeny and Immunoreactivity of Norovirus GII.P16-GII.2, Japan, Winter 2016-17.

Nagasawa K, Matsushima Y, Motoya T, Mizukoshi F, Ueki Y, Sakon N, Murakami K, Shimizu T, Okabe N, Nagata N, Shirabe K, Shinomiya H, Suzuki W, Kuroda M, Sekizuka T, Ryo A, Fujita K, Oishi K, Katayama K, Kimura H.

During the 2016-17 winter season in Japan, human norovirus GII.P16-GII.2 strains (2016 strains) caused large outbreaks of acute gastroenteritis. Phylogenetic analyses suggested that the 2016 strains derived from the GII.2 strains detected during 2010-12. Immunochromatography between 2016 strains and the pre-2016 GII.2 strains showed similar reactivity. Keywords: Japan; RNA-dependent RNA polymerase; capsid; immunoreactivity; norovirus; phylogeny; viruses; winter

Emerg Infect Dis. 24(1):144-148(2018)

Genetic Analysis of Human Norovirus Strains in Japan in 2016-2017.

Nagasawa K, Matsushima Y, Motoya T, Mizukoshi F, Ueki Y, Sakon N, Murakami K, Shimizu T, Okabe N, Nagata N, Shirabe K, Shinomiya H, Suzuki W, Kuroda M, Sekizuka T, Suzuki Y, Ryo A, Fujita K, Oishi K, Katayama K, Kimura H.

In the 2016/2017 winter season in Japan, HuNoV GII.P16-GII.2 strains (2016 strains) emerged and caused large outbreaks of acute gastroenteritis. To better understand the outbreaks, we examined the molecular evolution of the VP1 gene and RdRp region in 2016 strains from patients by studying their time-scale evolutionary phylogeny, positive/negative selection, conformational epitopes, and phylodynamics. The time-scale phylogeny suggested that the common ancestors of the 2016 strains VP1 gene and RdRp region diverged in 2006 and 1999, respectively, and that the 2016 strain was the progeny of a pre-2016 GII.2. The evolutionary rates of the VP1 gene and RdRp region were around 10⁻³ substitutions/site/year. Amino acid substitutions (position 341) in an epitope in the P2 domain of 2016 strains

were not found in pre-2016 GII.2 strains. Bayesian skyline plot analyses showed that the effective population size of the VP1 gene in GII.2 strains was almost constant for those 50 years, although the number of patients with NoV GII.2 increased in 2016. The 2016 strain may be involved in future outbreaks in Japan and elsewhere.

Front Microbiol. 18;9:1. eCollection 2018(2018)

Molecular Evolution of the RNA-Dependent RNA Polymerase and Capsid Genes of Human Norovirus Genotype GII.2 in Japan during 2004-2015

Fuminori Mizukoshi, Koo Nagasawa, Yen H. Doan, Kei Haga, Shima Yoshizumi, Yo Ueki, Michiyo Shinohara, Mariko Ishikawa, Naomi Sakon, Naoki Shigemoto, Reiko Okamoto-Nakagawa, Akie Ochi, Koichi Murakami, Akihide Ryo, Yoshiyuki Suzuki, Kazuhiko Katayama and Hirokazu Kimura.

Human norovirus (HuNoV) is a major causative agent of acute gastroenteritis in human worldwide. GII.2 is one of the most predominant genotypes. Thus, 51 GII.2 HuNoV strains collected during the period of 2004–2015 in Japan were analyzed. The full-length GII.2 RNA-dependent RNA polymerase (*RdRp*) and capsid (*VP1*) gene sequences were performed using next-generation sequencing. Based on the gene sequences, the time-scale phylogenetic trees were constructed by Bayesian Markov chain Monte Carlo methods and showed that the *RdRp* and *VP1* genes evolved independently. Four genotypes of GII.2 were detected. A common ancestor of the GII.2 *VP1* gene existed until about 1956. The evolutionary rates of the genes were high. Moreover, the *VP1* gene evolution may depend on the *RdRp* gene. These results suggest that transfer of the *RdRp* gene accelerated the *VP1* gene evolution of HuNoV genotype GII.2 and that the recombination between ORF1 (polymerase) and ORF2 (capsid) might promote changes of GII.2 antigenicity.

Front. Microbiol. 8:705(2017)

キガシラタマキスイを北海道で採集

愛媛大学ミュージアム
愛媛県立衛生環境研究所

吉富博之
久松定智

キガシラタマキスイ *Cybocephalus* (*Cybocephalus*) *politissimus* Reitter, 1898 は、ヨーロッパ、ロシア(シベリア, 極東地域), 中国(広東省), 台湾, 日本(本州, 四国, 九州, 沖縄)から記録されている。北海道にて本種を確認したので記録した。

Sayabane, New Series, (27): 28(2017)

【学会発表(所員が First Author)】

Monitoring of antimicrobial resistance in bacteria of food origin: especially about *Salmonella* spp.

Ehime Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science

Hiroto Shinomiya

Accurate understanding of the antimicrobial resistance (AMR) ecosystem is essential to control the transmission pathways of AMR. Data on AMR in bacteria of food origin have been collected by prefectural and municipal public health institutions. In total, 917 *Salmonella* isolates were collected from samples of patients and foods in 2015 and 2016. Subjecting the isolates to antimicrobial sensitivity testing using 18 kinds of antimicrobials revealed that 42.4% of 651 isolates from patients and 89.8% of 266 isolates from foods showed resistance to more than one antimicrobial drug. Regarding multidrug resistance, most isolates from both patients and foods showed resistance to 3 kinds of drugs, and 6 isolates from patients and 22 isolates from foods showed resistance to 6 to 10 kinds of drugs. Importantly, overall profiles of the antimicrobial susceptibility testing results of the isolates to 18 kinds of drugs were very similar between those from patients and foods. Moreover, in a comparison between two groups of serotypes in the patient-derived isolates, those present in and absent from food, resistance to more than one drug was found in 56.7% of the former and in 23.1% of the latter serotype, suggesting a causal connection between isolates from humans and foods. To our knowledge, this is the first study of an organized nationwide survey of AMR in bacteria of food origin.

第91回日本細菌学会総会
(2018.3. 福岡市)

医療施設で分離されたカルバペネマーゼ GES-24 産生複数菌種株由来プラスミドのゲノム情報解析

愛媛県立衛生環境研究所 ○仙波敬子, 四宮博人
国立感染症研究所細菌第二部

松井真理, 鈴木里和, 柴山恵吾