

【他誌発表論文(所員が First Author)】

愛媛県における SFTS の検査, 疫学, 対策について

愛媛県立衛生環境研究所

四宮博人, 木村俊也, 山下育孝, 溝田文美
山下まゆみ, 大塚有加, 菅 美樹

2013年1月に国内(山口県)で初めて SFTS 患者が確認され, その後, 愛媛県と宮崎県でも患者2人が確認された. 現時点で(2016年2月12日), 計21人の患者(20人は県内在住者)が愛媛県から報告され, 20人中7人が死亡している. 患者の居住区については, 15人が南予, 5人が松山市・中予在住の患者であった. 刺し口が認められたのは11人で半数近くは確認されていない. 12人の患者がペット(イヌ, ネコ)を飼っていた. 骨髄生検あるいは病理検査が実施された患者の多くで血球貪食像が認められ, SFTS の重要な病態のひとつと考えられる. SFTS の届出基準である, 発熱, 消化器症状, 非消化器症状, 血小板減少, 白血球減少, 血清酵素上昇(AST, ALT, LDH)の6項目の出現と検査結果を調べると, SFTS 陽性例では約7割で6項目全てが認められたが, 陰性例の多くは4~5項目であった. SFTS 対策として, ①医療従事者, 感染症対策担当者を対象とする研修会, ②地域住民の教育, 啓蒙, ③マダニや野生動物の対策の3点を主に実施してきた. さらに, SFTSV の感染実態を明らかにするため, 2015年に患者発生地域を中心に農業・林業に従事者する50歳以上のハイリスクグループ694人から採血し, SFTSV 抗体陽性率を調べた. 間接蛍光抗体法で抗体陽性者は2人で(抗体陽性率0.29%), うち1人は全く SFTS の症状を自覚しておらず, 軽い症状を呈しただけか不顕性感染であったと思われる. これらの調査・対策もあって, 患者発生が2015年には1人と激減した. SFTS の国内例が確認されてから3年が経過した. 今後は感染対策の徹底に加え, SFTS に特異的な予防・治療法の開発が求められる.

病原微生物検出情報月報 Vol.37.3,43-44(2016)

地方衛生研究所における細菌学的検査・研究の最新事情

愛媛県立衛生環境研究所

四宮博人

大阪府立公衆衛生研究所

島根県保健環境科学研究所

神戸市環境保健研究所

栃木県保健環境センター

愛知県衛生研究所

東京都健康安全研究センター

山口県環境保健センター

勢戸和子

川瀬 遵

有川健太郎

船渡川圭次

鈴木匡弘

久保田寛顕

調 恒明

地方衛生研究所(地衛研)は, 都道府県・政令指定都市等に設置され(現在80か所), 地域における感染症発生动向調査及び食中毒の原因究明等において中心的な役割を担うとともに, 国立感染症研究所や国立医薬品食品衛生研究所等との緊密な連携により, 感染症・病原体監視の全国的なネットワークを形成している. 各種感染症や食中毒等の細菌学的検査・研究は, 地衛研の基幹的業務であり, その活動から重要な細菌学的知見が見出されることも多い. 本稿では, 地衛研を中心とした研究機関における細菌学的検査・研究及び事例経験, 特に, 食中毒・感染性胃腸炎, 結核, 薬剤耐性に関して, それぞれの地衛研の研究者から最新知見を報告する.

日本細菌学雑誌 70(2): 309-318(2015)

A revision of Japanese *Eपुरaea* (Coleoptera, Nitidulidae). Part I. *Eपुरaea* Subgenera: *Dadopora* Thomson, *Eपुरaea* Erichson, and *Eपुरaeanelle* Crotch.

Sadatomo Hisamatsu (Biodiversity Center, Ehime Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science)

Three subgenera of *Eपुरaea*: *Dadopora* Thomson, *Eपुरaea* Erichson, and *Eपुरaeanelle* Crotch, are revised for Japan. Thirty-six species are recognized. The following six are new records for Japan: *Eपुरaea* (*Eपुरaea*) *laferi* Kirejtshuk; *E. (E.) melina* Erichson; *E. (E.) pygmaea* (Gyllenhal); *E. (E.) quadrangula* Motschulsky; *E. (E.) reichardti* Sjöberg; and *E. (Dadopora) vicaria* Kirejtshuk & Kvamme. The following species are synonymized: *E. (E.) hisamatsui* Nakane with *E. (E.) rufomarginata* (Stephens) syn. nov.; and *E. (E.) alpicola* Nakane with *E. (E.) terminalis* (Mannerheim) syn. nov. The following two species are removed from the Japanese fauna: *E.*

(*Dadopora*) *fuscicollis* (Stephens) and *E. (E.) longula* Erichson; the former was erroneously recorded as *E. fuscicollis* (Stephens, 1835) by Kashizaki & Hisamatsu (2011), and the latter is corrected as *E. (E.) pseudorapax* Kirejtshuk. The following three species are described as new: *E. (E.) apiciclara* sp. nov.; *E. (E.) camura* sp. nov.; and *E. (E.) foramina* sp. nov. Dorsal habitus, antenna, protibia, male and female genitalia, internal sac sclerites of male genitalia, and other important diagnostic characters of all species are illustrated. Keys are presented to Epuraeinae tribes, genera, subgenera, and *Epuraea* species of in the following subgenera: *Dadopora*, *Epuraea*, and *Epuraeanella*.

Zootaxa, 4080(1): 1-100 (2016)

日本のケシキスイ科(コウチュウ目)その1

愛媛県立衛生環境研究所

久松定智

ケシキスイ科はヒラタムシ上科に属し、世界から10亜科223属約3,600種の現生種が知られる、コウチュウ目の中でも比較的大きな分類群である。この内、日本からは8亜科45属183種が知られている。今回から6回に分けて、日本のケシキスイ科の解説を行う。第1回目となる本稿では、ヒラタケシキスイ亜科のうち、ヒラタケシキスイ属オオヒラタケシキスイ亜属、ヒラタケシキスイ亜属、カノコヒラタケシキスイ亜属、セグロヒラタケシキスイ亜属の種について解説を行った。

昆虫と自然, 50(13): 30-33 (2016)

【他誌発表論文(所員が First Author 以外)】

Molecular Evolution of the Capsid Gene in Norovirus Genogroup I.

Kobayashi M, Yoshizumi S, Kogawa S, Takahashi T, Ueki Y, Shinohara M, Mizukoshi F, Tsukagoshi H, Sasaki Y, Suzuki R, Shimizu H, Iwakiri A, Okabe N, Shirabe K, Shinomiya H, Kozawa K, Kusunoki H, Ryo A, Kuroda M, Katayama K, Kimura H.

We studied the molecular evolution of the capsid gene in all genotypes (genotypes 1–9) of human norovirus (NoV) genogroup I. The evolutionary time scale and rate were estimated by the Bayesian Markov chain Monte Carlo (MCMC) method. We also performed selective pressure analysis and B-cell linear epitope prediction in the deduced NoV GI capsid protein. Furthermore, we analysed the effective population size of the virus using Bayesian skyline plot (BSP) analysis. A phylogenetic tree by MCMC showed that NoV GI diverged from the common ancestor of NoV GII, GIII, and GIV approximately 2,800 years ago with rapid evolution (about 10–3 substitutions/site/year). Some positive selection sites and over 400 negative selection sites were estimated in the deduced capsid protein. Many epitopes were estimated in the deduced virus capsid proteins. An epitope of GI.1 may be associated with histo-blood group antigen binding sites (Ser377, Pro378, and Ser380). Moreover, BSP suggested that the adaptation of NoV GI strains to humans was affected by natural selection. The results suggested that NoV GI strains evolved rapidly and date back to many years ago. Additionally, the virus may have undergone locally affected natural selection in the host resulting in its adaptation to humans.

Scientific Reports 4:5:13806(2015)

Listeria arpJ gene modifies T helper type 2 subset differentiation.

Kanoh M, Maruyama S, Shen H, Matsumoto A, Shinomiya H, Przybilla K, Gouin E, Cossart P, Goebel W, Asano Y.

Background: Although the T cell subset differentiation

pathway has been characterized extensively from the view of host gene regulation, the effects of genes of the pathogen on T cell subset differentiation during infection have yet to be elucidated. Especially, the bacterial genes that are responsible for this shift have not yet been determined.

Methods: Utilizing a single gene mutation *Listeria* panel, we investigated genes involved in the host-pathogen interaction that are required for the initiation of T cell subset differentiation in the early phase of pathogen infection.

Results: We demonstrate that the induction of Th1 and Th2 subsets are separate phenomena and are mediated by distinct *Listeria* genes. We identified several candidate *Listeria* genes that appear to be involved in the host-*Listeria* interaction. Among them, *arpJ* is the strongest candidate gene for inhibiting Th2 subset induction. Furthermore, the analysis utilizing *arpJ*-deficient *Lm* revealed that the TNF super family (Tnfsf) 9- TNF receptor super family (Tnfrsf) 9 interaction inhibits the Th2 response during *Lm* infection.

Conclusion: *arpJ* is the candidate gene for inhibiting Th2 T cell subset induction. The *arpJ* gene product influences the expression of Tnfsf/Tnfrsf on APCs and inhibits the Th2 T cell subset differentiation during *Listeria* infection.

Journal Infectious Disease. 212(2):223-33(2015)

Phylogenetic and Geographic Relationships of Severe Fever With Thrombocytopenia Syndrome Virus in China, South Korea, and Japan

Yoshikawa T, Shimojima M, Fukushi S, Tani H, Fukuma A, Taniguchi S, Singh H, Suda Y, Shirabe K, Toda S, Shimazu Y, Nomachi T, Gokuden M, Morimitsu T, Ando K, Yoshikawa A, Kan M, Uramoto M, Osako H, Kida K, Takimoto H, Kitamoto H, Terasoma F, Honda A, Maeda K, Takahashi T, Yamagishi T, Oishi K, Morikawa S, Saijo M.

Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) is a tick-borne acute infectious disease caused by the SFTS virus (SFTSV). SFTS has been reported in China, South Korea, and Japan as a novel Bunyavirus. Although several molecular epidemiology and phylogenetic studies have been performed, the information obtained was limited, because the analyses included no or only a small number of SFTSV strains from Japan. The nucleotide sequences of 75

SFTSV samples in Japan were newly determined directly from the patients' serum samples. In addition, the sequences of 7 strains isolated in vitro were determined and compared with those in the patients' serum samples. More than 90 strains that were identified in China, 1 strain in South Korea, and 50 strains in Japan were phylogenetically analyzed. The viruses were clustered into 2 clades, which were consistent with the geographic distribution. Three strains identified in Japan were clustered in the Chinese clade, and 4 strains identified in China and 26 in South Korea were clustered in the Japanese clade. Two clades of SFTSV may have evolved separately over time. On rare occasions, the viruses were transmitted overseas to the region in which viruses of the other clade were prevalent.

Journal Infection Disease. 15;212(6):889-98(2015)

水道水中のイミノクタジン・ジクワット・パラコート LC/MS/MS 一斉分析法の妥当性評価

国立医薬品食品衛生研究所

小林憲弘, 久保田領志, 五十嵐良明

仙台市水道局

齋藤信裕

福岡地区水道企業団

木村謙治, 宮崎悦子

大阪市水道局

平林達也

東京都水道局

水田裕進, 木村慎一

愛媛県立衛生環境研究所

宮本紫織, 大倉敏裕

一般財団法人 岐阜県公衆衛生検査センター

中村弘揮

一般財団法人 千葉県薬剤師会検査センター

粕谷智浩

一般財団法人 三重県環境保全事業団

古川浩司

株式会社島津製作所

塚本多矩, 市川千種

ジーエルサイエンス株式会社 高原玲華, 林田寛司

アジレント・テクノロジー株式会社

京野 完, 佐久井徳広

サーモフィッシャーサイエンティフィック株式会社

山本五秋, 齋藤香織

開発した水道水中イミノクタジン, ジクワットおよびパラコート LC/MS/MS 一斉分析法を水道水質検査に適用できるかどうかを評価するため, 12 機関 (水道事業体 4 機関, 衛生研究所 1 機関, 登録検査機関 3 機関 および分析機器メーカー 4 機関) において, 分析法の

妥当性を評価した。

各機関で採取した水道水に3農薬をそれぞれ目標値の1/10以下(0.5µg/L)および1/100以下(0.05µg/L)となるように添加した試料を全機関が本分析法により分析し、各機関の分析条件を比較するとともに、検量線、選択性、真度、併行精度および室内精度について評価した。

検量線の直線性および選択性に関しては、3農薬いずれも良好な結果であった。真度、併行精度および室内精度については、農薬によって評価が分かれる結果となった。ジクワットおよびパラコートについては、全ての機関で真度および併行精度が「水道水質検査方法の妥当性評価ガイドライン」の目標を満たし、さらに室内精度が同ガイドラインの室内精度の目標を満たしたことから、本分析法は全国の水道水質検査に適用可能と考えられる。

一方、イミノクタジンについては、幾つかの機関で真度および併行精度が悪く、それに伴い室内精度も室内精度の目標を満たさなかった。イミノクタジンは、3農薬の中で最も吸着性が高いことから、真度の低かった機関は、前処理操作中に器具あるいは容器への吸着が起こった可能性が考えられる。イミノクタジンの水道水質検査を行う際には、使用する器具・容器の選定や試料の前処理を含めた一連の操作に細心の注意を払うことが重要と考えられる。

環境科学会誌 Vol 29.1,3-16 (2016)

急務である。しかしながら、県内におけるゲンゴロウ上科の近年の記録は乏しく、情報が不足している種も多い。

本報告では、筆者らがこれまで愛媛県内で調査してきたゲンゴロウ上科の記録を報告するとともに、文献調査および県内の研究施設に収蔵される標本の調査結果も含め、県内から確認されているゲンゴロウ上科の記録を整理した。

結果として、愛媛県産ゲンゴロウ上科として2科38種が確認された。このうち、カンムリセスジゲンゴロウは愛媛県初記録である。コシマチビゲンゴロウ、クロマメゲンゴロウの記録は、記録された当時の分類学的な知見が不足していたこと等により誤同定であったことが判明したため、愛媛県からの記録を除外した。

面河山岳博物館研究報告, (7): 1-17 (2016)

愛媛県のゲンゴロウ上科(コウチュウ目)

石川県ふれあい昆虫館
愛媛県立衛生環境研究所

渡部晃平
久松定智

ゲンゴロウ上科 *Dytiscoidea* (sensu Bell, 1966) は、コウチュウ目オサムシ亜目に属する昆虫であり、日本からはコツブゲンゴロウ科 *Noteridae*、ゲンゴロウ科 *Dytiscidae* の2科が確認されている。矢野(1960)によると、四国からは35種のゲンゴロウ類が記録されており、森・北山(2002)では、愛媛県から33種を記録している。しかし、文献記録が反映されていない種、その後新たに確認された種も存在する。また、愛媛県版レッドデータブック(渡部, 2014)では、19種のゲンゴロウ上科が選定されており、県内に生息する種の約半分が絶滅の危機に瀕している実情が示されたことから、県内の生息状況および分布状況の把握は