

抄 録

1) 他誌掲載論文

Antigenic changes among the predominantly circulating C/Sao Paulo lineage strains of influenza C virus in Yamagata, Japan, between 2015 and 2018Matsuzaki Y, Shimotai Y, Kadowaki Y, Sugawara K, Seiji Hongo S, Mizuta K, Nishimura H

Infect Genet Evol. 2020;81:104269.

Influenza C virus is a pathogen that causes acute respiratory illness in children and results in the hospitalization of infants. The antigenicity of the hemagglutinin esterase (HE) glycoprotein is highly stable, and it is not yet known whether antigenic changes contribute to the worldwide transmission and the occurrence of outbreaks of influenza C virus. Here, we performed antigenic analysis of 84 influenza C viruses isolated in Yamagata, Japan, during a 4-year period from 2015 to 2018 and analyzed sequence data for strains of the virus from Japan and many other parts of the world. Antigenic and phylogenetic analyses revealed that 83 strains belonged to the C/Sao Paulo lineage, and two sublineage strains, the Aichi99 sublineage and Victoria2012 sublineage, cocirculated between 2016 and 2018. Aichi99 sublineage strains exhibiting decreased reactivity with the monoclonal antibody YA3 became predominant after 2016, and these strains possessed the K190N mutation. Residue 190 is located in the 190-loop on the top side of the HE protein within a region that is known to show variation that does not impair the biological activity of the protein. The Aichi99 sublineage strains possessing the K190N mutation were detected after 2012 in Europe, Australia, the USA, and Asia as well as Japan. These observations suggest that antigenic variants with K190N mutations have circulated extensively around the world and caused outbreaks in Japan between 2016 and 2018. Our study indicated that the 190-loop is an important antigenic region, and the results suggested that changes in the 190-loop have contributed to the extensive transmission of the virus.

Heparan sulfate attachment receptor is a major selection factor for attenuated enterovirus 71 mutants during cell culture adaptationKobayashi K, Mizuta K, Koike S

PLoS Pathog. 2020;16:e1008428.

Enterovirus 71 (EV71) is a causative agent of hand, foot, and mouth disease (HFMD). However, this infection is

sometimes associated with severe neurological complications. Identification of neurovirulence determinants is important to understand the pathogenesis of EV71. One of the problems in evaluating EV71 virulence is that its genome sequence changes rapidly during replication in cultured cells. The factors that induce rapid mutations in the EV71 genome in cultured cells are unclear. Here, we illustrate the population dynamics during adaptation to RD-A cells using EV71 strains isolated from HFMD patients. We identified a reproducible amino acid substitution from glutamic acid (E) to glycine (G) or glutamine (Q) in residue 145 of the VP1 protein (VP1-145) after adaptation to RD-A cells, which was associated with attenuation in human scavenger receptor B2 transgenic (hSCARB2 tg) mice. Because previous reports demonstrated that VP1-145G and Q mutants efficiently infect cultured cells by binding to heparan sulfate (HS), we hypothesized that HS expressed on the cell surface is a major factor for this selection. Supporting this hypothesis, selection of the VP1-145 mutant was prevented by depletion of HS and overexpression of hSCARB2 in RD-A cells. In addition, this mutation promotes the acquisition of secondary amino acid substitutions at various positions of the EV71 capsid to increase its fitness in cultured cells. These results indicate that attachment receptors, especially HS, are important factors for selection of VP1-145 mutants and subsequent capsid mutations. Moreover, we offer an efficient method for isolation and propagation of EV71 virulent strains with minimal selection pressure for attenuation.

Detection of a peramivir-resistant influenza B/Yamagata-lineage virus imported from Indonesia in Aichi, Japan, March 2019

Takashita E, Yasui Y, Nagata S, Morita H, Fujisaki S, Miura H, Shirakura M, Kishida N, Nakamura K, Kuwahara T, Sugawara H, Sato A, Akimoto M, Kaido T, Watanabe S, Hasegawa H, and the influenza virus surveillance group of Japan

Jpn J Infect Dis. 2020;73:386-390.

抄録なし

山形県内と畜場搬入豚の *Escherichia albertii* 保菌状況及びその疫学的特徴

佐藤空見子, 永井章子, 小原準, 遠藤千春, 林哲也, 大岡唯祐, 瀬戸順次, 村上光一

日本獣医師会雑誌. 2020;73:517-524.

食中毒原因菌 *Escherichia albertii* の豚での保菌状況と分離株の特徴を明らかにするため、2017年及び2018年に山形県内のと畜場搬入豚の保菌調査を行った。525検体の盲腸便を調査し、17検体（3.2%）か

ら 37 株を分離した。このうち、20 分離株 (54.1%) がテトラサイクリン等の何らかの抗菌薬に耐性を示した。また、パルスフィールド・ゲル電気泳動 (PFGE) 法では、37 分離株は 6 グループに分類された。

各グループを代表する 6 菌株は、ゲノムワイド系統解析により既知の 5 つの系統群の中の G1 群及び G3 群 (2 亜系統群) に分類された。当該 3 群は、いずれも人由来株を含んだ。本研究により、山形県と近隣県の豚は多様な PFGE 型を示す *E. albertii* を保菌することが判明し、豚の生産物が本菌の人への感染源となり得ることが示唆された。

山形県内マダニのマダニ媒介感染症病原体調査

瀬戸順次, 東英生, 田中静佳, 小城伸晃, 中村夢奈, 池田辰也, 水田克巳

日本獣医師会雑誌. 2020;73;517-524.

山形県におけるマダニ媒介感染症 (TBD) 発生の考察の一助とするため、2016~2018 年に山形県内で採取された植生マダニ成虫 158 匹及び野生動物由来マダニ成虫 112 匹を対象に TBD 病原体遺伝子の検出を試みた。結果、全マダニ検体で国内既知の TBD である日本紅斑熱、ライム病、回帰熱、ダニ媒介脳炎、及び重症熱性血小板減少症候群の病原体遺伝子は不検出だった。一方、ヒトツトゲマダニ 30 匹及びヤマトチマダニ 1 匹からは *Rickettsia helvetica*, タネガタマダニ 1 匹からは *Rickettsia monacensis* 特異的塩基配列が検出された。本研究により、山形県では国内既知の TBD は人に対する大いなる脅威とは言えないものの、国内未報告の TBD を含め、今後も TBD 症例発生に対する注意が必要であると考えられた。

Seasonality of human coronavirus OC43, NL63, HKU1, and 229E infection in Yamagata, Japan, 2010–2019

Komabayashi K, Seto J, Matoba Y, Aoki Y, Tanaka S, Ikeda T, Matsuzaki Y, Itagaki T, Mizuta K

Jpn J Infect Dis. 2020;73:394-397.

抄録なし

Longitudinal epidemiology of human coronavirus OC43 in Yamagata, Japan, 2010–2017: Two groups based on spike gene appear one after another

Komabayashi K, Matoba Y, Tanaka S, Seto J, Aoki Y, Ikeda T, Shimotai Y, Matsuzaki Y, Itagaki T,

Mizuta K

J Med Virol. 2020;93:945-951.

Human coronavirus OC43 (HCoV-OC43) is divided into genotypes A to H based on genetic recombination including the spike (S) gene. To investigate the longitudinal transition of the phylogenetic feature of the HCoV-OC43 S gene in a community, phylogenetic analysis of the S1 region of the S gene was conducted using 208 strains detected in Yamagata during 2010 to 2017 with reference strains of the genotype. The S1 sequences were divisible into four groups: A to D. All Yamagata strains belonged to either group B or group D. In group B, 46 (90.2%) out of 51 Yamagata strains were clustered with those of genotype E reference strains (cluster E). In group D, 28 (17.8%) and 122 (77.7%) out of 157 Yamagata strains were clustered, respectively, with genotype F and genotype G reference strains. In cluster G, 28 strains formed a distinct cluster. Monthly distributions of HCoV-OC43 in Yamagata in 2010 to 2017 revealed that group B and group D appeared one after another. In group B, the cluster E strains were prevalent recurrently. In conclusion, epidemics of HCoV-OC43 in Yamagata, Japan might be attributable to two genetically different groups: group B showed a recurrent epidemic of strains belonging to a single phylogenetic cluster and group D showed epidemic strains belonging to multiple clusters.

Detection of tick-borne pathogens in ticks from dogs and cats in Yamagata Prefecture, Japan, 2018Seto J, Tanaka S, Kawabata H, Ito Y, Ikeda T, Mizuta K

Jpn J Infect Dis. 2021;74:122-128.

Companion animals can become infected with tick-borne diseases (TBDs) becoming a reservoir for human transfer, thereby damaging human health. To evaluate whether companion animals are infested with ticks harboring human TBD pathogens, we detected TBD pathogens in ticks collected from dogs and cats brought to animal hospitals in the Yamagata prefecture of Japan. An investigation of 164 adult ticks collected from 88 dogs and 41 cats between March and July 2018 revealed that this region was dominated by three tick species, *Ixodes ovatus* (n = 95, 57.9%), *Ixodes nipponensis* (n = 37, 22.6%) and *Haemaphysalis flava* (n = 10, 6.1%). To evaluate their pathogenic potential, we went on to test each tick for spotted fever group rickettsiae, Lyme disease borreliae, relapsing fever borreliae, tick-borne encephalitis virus, and *Huaiyangshan banyangvirus* (formerly SFTS virus). Our results identified two *I. ovatus* ticks infected with *Borrelia miyamotoi*, which causes emerging relapsing fever; several *I. nipponensis* ticks infected with *Rickettsia monacensis*, which cause rickettsiosis; and several *Ixodes persulcatus* ticks infected with *Rickettsia helvetica*, which can also cause rickettsiosis. These results suggest that dogs and cats, and veterinary professionals and pet owners, in the Yamagata prefecture have some risk of exposure to several

TBDs. This means that there should be continuous monitoring and reporting of TBDs, even those known to be uncommon in Japan, in both companion animals and humans to ensure the health and safety of both humans and animals in Japan.

Isolation of coxsackievirus A21 from patients with acute respiratory infection in Yamagata, Japan in 2019

Ikeda T, Aoki Y, Komabayashi K, Itagaki T, Mizuta K

Jpn J Infect Dis. 2021;74:172-174.

抄録なし

Seroprevalence of parechovirus A1, A3, and A4 antibodies in Yamagata, Japan, between 1976 and 2017

Mizuta K, Komabayashi K, Aoki Y, Itagaki T, Ikeda T

J Med Microbiol. 2020;69:1381-1387.

Introduction. Although new parechovirus A (PeVA) types, including parechovirus A3 (PeVA3) and PeVA4, have been reported in this century, there have not yet been any seroepidemiological studies on PeVA over a period of several decades.

Hypothesis/Gap Statement. The authors hypothesize that PeVA3 and PeVA4 emerged recently.

Aims. The aim was to clarify changes in the seroprevalence of PeVA1, PeVA3 and PeVA4.

Methodology. Neutralizing antibodies (NT Abs) were measured among residents in Yamagata, Japan in 1976, 1983, 1985, 1990, 1999 and 2017.

Results. The total NT Ab-positive rate for PeVA1 was between 90.7 and 100 % for all years analysed, with that for PeVA3 increasing from 39.6 % in 1976 to 69.6 % in 2017, and that for PeVA4 decreasing from 93.9 % in 1976 to 49.1 % in 2017. The distribution of NT Ab titres for PeVA1, PeVA3 and PeVA4 among those aged less than 20 years old was as follows: those $\geq 1 : 32$ for PeVA1 were between 68.0-89.2 % for all years analysed; those $\geq 1 : 32$ for PeVA3 was 15.4 % in 1976, 44.3-54.9 % in 1983-1990 and 64.8-68.0 % in 1999-2017; and those $\geq 1 : 32$ for PeVA4 were between 49.1-67.2 % in 1976-1990, 41.3 % in 1999 and 23.8 % in 2017.

Conclusions. Our findings in this seroepidemiological study over four decades suggested that PeVA1 has been stably endemic, while PeVA3 appeared around 1970s and has spread since then as an emerging disease, and

occasional PeVA4 infections were common in 1970s and 1980s but have been decreasing for several decades in our community.

Growth kinetics of influenza C virus antigenic mutants that escaped from anti-hemagglutinin esterase monoclonal antibodies and viral antigenic changes found in field isolates

Matsuzaki Y, Sugawara K, Shimotai Y, Kadowaki Y, Hongo S, Mizuta K, Nishimura H

Viruses. 2021;13:401.

The antigenicity of the hemagglutinin esterase (HE) glycoprotein of influenza C virus is known to be stable; however, information about residues related to antigenic changes has not yet been fully acquired. Using selection with anti-HE monoclonal antibodies, we previously obtained some escape mutants and identified four antigenic sites, namely, A-1, A-2, A-3, and Y-1. To confirm whether the residues identified as the neutralizing epitope possibly relate to the antigenic drift, we analyzed the growth kinetics of these mutants. The results showed that some viruses with mutations in antigenic site A-1 were able to replicate to titers comparable to that of the wild-type, while others showed reduced titers. The mutants possessing substitutions in the A-2 or A-3 site replicated as efficiently as the wild-type virus. Although the mutant containing a deletion at positions 192 to 195 in the Y-1 site showed lower titers than the wild-type virus, it was confirmed that this region in the 190-loop on the top side of the HE protein is not essential for viral propagation. Then, we revealed that antigenic changes due to substitutions in the A-1, A-3, and/or Y-1 site had occurred in nature in Japan for the past 30 years. These results suggest that some residues (i.e., 125, 176, 192) in the A-1 site, residue 198 in the A-3 site, and residue 190 in the Y-1 site are likely to mediate antigenic drift while maintaining replicative ability.

N–H insertion reaction *via* an iron carbenoid from α -diazophenylpropionate and its application to the formal total synthesis of stizolobinic acid

Shinohara H, Saito H, Homma H, Mizuta K, Miyairi S, Uchiyama T

Tetrahedron 2020;76:131619

The formal total synthesis of the non-proteinogenic amino acid stizolobinic acid was accomplished relying as key step on an iron carbenoid-based N–H insertion reaction. The N–H insertion of α -diazophenylpropionate and

benzylamine derivative catalyzed by tetrakis(pentafluorophenyl)porphyrin iron (III) chloride afforded the desired N-H insertion product in 79% yield. This is the first example of an N-H insertion involving α -diazophenylpropionate and an aliphatic amine catalyzed by an iron(III) porphyrin complex.

2) 学会発表

パレコウイルス A4型の血清疫学

水田克巳

第61回日本臨床ウイルス学会，2020年10月2日-31日，WEB 開催

【背景】パレコウイルス感染症は，気道感染症や胃腸炎などの日常よくみられる感染症から敗血症など重症感染症に至るまで臨床症状もさまざまであり，小児科領域では重要なウイルス感染症の1つである．検出される主な型としては，パレコウイルス A1 型 (PeVA1) と PeVA3 が圧倒的に多く，PeVA4 や PeVA6 がそれに続くとされている．我々は山形県における感染症発生動向調査事業の中で，2016年に初めて PeVa4 を1株分離したので，このウイルスを用いて血清疫学調査を実施することにした．

【目的】2017年の山形県民の PeVA4 に対する中和抗体保有状況を調査する．

【方法】PeVA4 山形分離株 (980-Yamagata-2016) をチャレンジウイルスとして，感染症流行予測事業において同意を得た山形県民 214 名の血清を段階希釈して反応させ，LLC-MK2-N 細胞を用いて中和抗体価を測定した．

【結果と考察】PeVa4 の検出が少ないにもかかわらず，山形県民は 0-29 歳で 9.1-50%，30 歳以上で 66.7-91.7% の陽性率があり，一定の中和抗体を保持していることがわかった．このことから，PeVA4 は，コミュニティにおいて，無症候性に感染して抗体獲得している可能性が高いと考えられた．

[非会員研究協力者：板垣勉（山辺こどもクリニック），駒林賢一，青木洋子・池田辰也（山形衛研）]

「特別企画 COVID-19—19人の専門家からのアップデート」 山形衛研における検査への対応 ～いかにさばるか～

水田克巳

第61回日本臨床ウイルス学会，2020年10月2日-31日，WEB 開催

山形県衛生研究所では1月31日に COVID-19 検査を開始した．3月31日に初めての県内陽性例が確認さ

れると、検体数は一気に100件を大きくこえた。5保健所とのやりとり、検査、結果報告、に現場は混乱した。そうした中、職員の創意工夫により、しだいに効率よく検査をさばくことが可能となり、第一波を乗り切ることができた。今回は、こうした経緯について紹介させていただく。

モデル試料ならびに食中毒試料を用いた トリカブト遺伝子検出法とアコニチン類分析法の比較

太田康介，大滝麻井子，平健吾，中島克則

日本食品衛生学会第116回学術講演会，2020年11月24-12月8日，WEB開催

トリカブトはニリンソウなど可食野草との誤認による食中毒が頻繁に発生している有毒植物である。近年は食中毒原因究明法として、植物種（属）固有の塩基配列を指標とした同定法が報告されている。しかし、当該手法を自然毒食中毒に適用した報告は少なく、その適用可能な試料に関する知見は十分でない。

そこで、本研究ではモデル試料（油いため、おひたし、吐物）を用いてPCRによるトリカブト遺伝子の特異的検出法（以下、PCR法）と、LC-MS/MSによるトリカブト毒成分分析法（以下、LC-MS/MS法）における検出（陽性）率を比較した。また、実際のトリカブト食中毒検査における原因究明に両手法を適用した。

モデル試料を用いた比較では、いずれの試料においても、LC-MS/MS法の方がPCR法よりも高い検出率であった。特に、人工消化処理を2時間以上行った吐物ではPCR法は全て陰性だったのに対し、LC-MS/MS法では全ての試料から毒成分であるアコニチンアルカロイド類が検出された。食中毒試料では、PCR法で陽性となった未調理残品において、毒成分が不検出となる試料があった。

呈色反応を用いたツキヨタケの鑑別法開発 -呈色物質の単離・構造決定-

篠原秀幸，大河原龍馬，中島克則

第57回全国衛生化学技術協議会年会，2020年11月9-10日，WEB開催

山形県で発生した毒キノコ食中毒はツキヨタケを原因とする事例が大半を占めている。ツキヨタケは可食のミキタケ、ヒラタケ、シイタケ（以下、食用キノコ）と外観が類似し、採取時に両者を誤認しやすい。

このような状況を鑑み、これまでにツキヨタケと食用キノコの鑑別法開発に取り組んできた。その中で5%水酸化カリウム含有エタノール溶液（ビーム試薬）による呈色反応が鑑別に有用であることを見出した。今回、当該鑑別法における呈色物質の1つについて、単離および構造決定を試みた。ツキヨタケのメタ

ノール抽出物をクロマトグラフィーや再結晶法などで精製し、紫色の個体を得た。この結晶について、核磁気共鳴装置（NMR）や高分解能質量分析装置（HR-MS）などを用いた各種スペクトル解析を行い、テレフォル酸であることを確認した。得られたテレフォル酸のエタノール溶液とツキヨタケ傘表皮のエタノール溶液について、ビーム試薬を滴下した際の呈色変化を比較したところ、両者の呈色変化が一致したことから、テレフォル酸が当該鑑別法における呈色物質であると断定した。

過去 10 年間の食品中放射性セシウム濃度の推移

進藤裕文，太田康介，和田章伸，酒井真紀子，中島克則

第 47 回山形県公衆衛生学会，2021 年 3 月 4 日，於山形

東京電力福島第一原子力発電所の事故からおよそ 10 年が経過した。この間、山形県の放射線モニタリングは事故直後の緊急事態期から、放射性物質が長期間にわたりほとんど検出されない状況である収束準備期へと変遷してきた。当所では現在も県内産の主要な農畜水産物（以下、県産食品）や県内で流通している県外産食品など、食品の放射性物質検査を継続している。今回は過去 10 年間に当所で検査した県産食品の放射性セシウム（セシウム 134，セシウム 137）合計濃度の推移を分析した。

検査した県産食品は全て食品衛生法で定める基準に適合していた。この 1331 試料中 71 試料からは基準値以下の濃度で放射性セシウムが検出されたが、2014 年度以降に検出されたのはきのこ 1 試料のみであった。このことから、県産食品に含まれる放射性セシウム濃度は基準値を超える可能性がないレベルにあると推測した。

スイセン食中毒事例における中毒成分の測定

成田弥生，太田康介，石田恵崇，進藤裕文，篠原秀幸，真田拓生，酒井真紀子，中島克則

第 47 回山形県公衆衛生学会，2021 年 3 月 4 日，於山形

2020 年 4 月、県内でニラにスイセンが混ざっていたことに気づかずにオムレツにして調理、喫食した 2 名が、吐き気の症状を呈する食中毒が発生した。食中毒原因がスイセンの誤食によるものか確認するため、LC-MS/MS により喫食残品であるオムレツ中の中毒成分を測定した。

測定の結果、植物片および卵から、スイセンの中毒成分であるガラントミンと一致するピークが認められた。以上のことから、本事例はスイセンによる食中毒と断定した。

ツキヨタケ食中毒疑い事例における科学的検査

渡部淳，和田章伸，太田康介，石田恵崇，成田弥生，小林伶，酒井真紀子，中島克則

第 47 回山形県公衆衛生学会，2021 年 3 月 4 日，於山形

2020 年 10 月山形県内において，ツキヨタケが原因と疑われる食中毒が発生した．当所では食中毒の原因を特定するために、喫食残品に含まれていた 2 種類のキノコおよびその煮汁を試料とし，PCR 法並びに植物性自然毒一斉分析法で検査した．

PCR 法では代表的な毒キノコ 8 種のプライマーを使用し検査を行った．ツキヨタケのプライマーを加えた試料のうち，キノコ 1 種からバンドが検出されたため，原因となったキノコがツキヨタケであると推測した．また，自然毒一斉分析法では，代表的な毒キノコに含まれる 5 種の毒成分を対象に検査を行い，各試料からツキヨタケの毒成分イルジン S を検出した．これは，イルジン S が水溶性で熱に比較的安定であるために，キノコから溶出し，検出したと考えられた．

これらの結果からツキヨタケに含まれる毒成分イルジン S による食中毒と特定し，これら分析法は本事例における原因究明に繋がった．

2020 年山形県感染症発生動向に関する検討

細谷翠，小川直美，会田健，長岡由香

第 47 回山形県公衆衛生学会，2021 年 3 月 4 日，於山形

新型コロナウイルス感染症の流行下における山形県の感染症発生動向について報告した．感染症発生動向調査により得られた，2015 年から 2019 年の主な全数把握感染症（結核，腸管出血性大腸菌感染症，レジオネラ症，百日咳）の報告数と定点把握感染症（全 15 疾患）の定点当たり報告数の平均値を 100 として，2020 年のデータと比較した．全数把握感染症で最も大きく減少したのは百日咳（3.9%）であった．報告の主となる小中学生の学校での感染対策が報告数減少に影響を与えたことが示唆された．レジオネラ症は報告が増え，153.8%であった．定点把握感染症は，全てにおいて過去 5 年平均値と比較して減少が見られた．インフルエンザは 64.7%であった．小児科定点把握感染症において，突発性発しんは 92.2%だったが，RS ウイルス感染症（7.3%），手足口病（3.1%），流行性耳下腺炎（4.0%）は顕著に減少した．STD 定点把握感染症は，尖圭コンジローマが 56.0%と減少したが，他 3 疾患は 80%を下回らなかった．行動変容により人と人との接触機会は減少したが，新型コロナウイルス感染症に対する感染対策は性感染症には大きく影響しなかったと考えられた．

山形県における感染症媒介蚊の発生源調査

小川直美, 細谷翠, 会田健, 長岡由香

第 47 回山形県公衆衛生学会, 2021 年 3 月 4 日, 於山形

【はじめに】国内において、デング熱をはじめとする蚊媒介感染症の輸入症例が継続的に報告されている。国内でよくみられるヒトスジシマカやアカイエカなども蚊媒介感染症の病原ウイルスを媒介することが可能であり、ウイルスが持ち込まれれば、国内で蚊媒介感染症の流行が発生する可能性もある。蚊媒介感染症の対策上、平時より蚊の発生源を把握し、蚊の生息密度を抑制しておくことが重要である。我々は山形県内において蚊幼虫（ボウフラ）の発生源調査を行なったので結果について報告する。

【方法】2020 年 6 月から 11 月に、山形県内の延べ 64 施設において蚊幼虫の発生源について調査した。調査場所は感染症媒介蚊として重要なヒトスジシマカの生息密度が高い住宅地とし、新型コロナウイルス感染症の発生状況を鑑み、人との接触を避けられる公園を中心に調査を行った。蚊幼虫の発生がみられた場合は幼虫を採取し、25℃でインキュベートして羽化させた後、顕微鏡を用いて形態学的に種別を同定した。また、採取した一部の蚊幼虫を用いて羽化を抑制する物質の検索を行った。同数の蚊幼虫を少量の餌を添加した蒸留水に入れ、市販の羽化抑制剤、食器用洗剤、食用油、食塩、重曹、クエン酸をそれぞれ加えて 25℃でインキュベートした。

【結果および考察】調査した 64 施設のうち、溜水がみられたのは 39 施設であり、そのうち 23 施設で蚊幼虫の発生が確認された。蚊幼虫の発生が多くみられたのは公園の手洗い場や雨水桝で、特に落ち葉などが水中に多くある場所で蚊幼虫の生息密度が高かった。ゴミなどの小容器が落ちている施設も多かったが、水が溜まっていないことがほとんどだった。本調査で確認された蚊幼虫は、ヒトスジシマカ、ヤマトヤブカ、アカイエカ群、ヤマトクシヒゲカの 4 種で、ヒトスジシマカが最も多く全体の 8 割を占めた。最も遅くヒトスジシマカ幼虫の生息が確認されたのは 11 月 12 日で、水温は 11.4℃であった。

幼虫の羽化抑制実験では、市販の羽化抑制剤と食器用洗剤の効果が高かった。市販の食器用洗剤 5 種について、界面活性剤濃度を変えて再度実験を行ったところ、界面活性剤の濃度が 0.1%以上の場合、24 時間後にほぼすべての幼虫が死亡した。

蚊幼虫の発生を防ぐには溜水をなくすことが最も有効であるが、溜水をなくすことができない場合、雨水桝などの水量が多い場所には市販の羽化抑制剤を使用することが有用である。古タイヤなど、水抜きが困難なものに溜まった水には食器用洗剤を少量添加することも有効と考えられる。