

### 3 · 3 誌上発表論文抄録

#### Single-Tube Multiplex Polymerase Chain Reaction for the Detection of Genes Encoding *Enterobacteriaceae* Carbapenemase

Jpn J Infect Dis. 2020 Mar 24;73(2):166-172

Masanori Watahiki<sup>\*1</sup>, Ryuji Kawahara<sup>\*2</sup>, Masahiro Suzuki<sup>\*3\*4</sup>, Miyako Aoki<sup>\*3</sup>, Kaoru Uchida<sup>\*1</sup>, Yuko Matsumoto<sup>\*5</sup>, Yuko Kumagai<sup>\*6</sup>, Makiko Noda<sup>\*7</sup>, Kanako Masuda<sup>\*8</sup>, Chiemi Fukuda<sup>\*9</sup>, Seiya Harada, Keiko Senba<sup>\*10</sup>, Masato Suzuki<sup>\*11</sup>, Mari Matsui<sup>\*11</sup>, Satowa Suzuki<sup>\*11</sup>, Keigo Shibayama<sup>\*12</sup>, Hiroto Shinomiya<sup>\*10</sup>

<sup>\*1</sup> Department of Bacteriology, Toyama Institute of Health.

<sup>\*2</sup> Division of Microbiology, Osaka Institute of Public Health.

<sup>\*3</sup> Department of Microbiology and Medical Zoology, Aichi Prefectural Institute of Public Health.

<sup>\*4</sup> Present Address: Department of Microbiology, School of Medicine, Fujita Health University.

<sup>\*5</sup> Microbiological Testing and Research Division, Yokohama City Institute of Public Health.

<sup>\*6</sup> Hygiene Division, Bacteriology Section, Akita Prefectural Research Center for Public Health and Environment.

<sup>\*7</sup> Department of Infectious Diseases, Gifu Prefectural Research Institute for Health and Environmental Sciences.

<sup>\*8</sup> Hiroshima Prefectural Technology Research Institute, Public Health and Environment Center.

<sup>\*9</sup> Department of Microbiology, Kagawa Prefectural Research Institute for Environmental Sciences and Public Health.

<sup>\*10</sup> Department of Microbiology, Ehime Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science.

<sup>\*11</sup> Antimicrobial Resistance Research Center, National Institute of Infectious Diseases.

<sup>\*12</sup> Department of Bacteriology II, National Institute of Infectious Diseases.

A multiplex PCR assay in a single tube was developed for the detection of the carbapenemase genes of Enterobacteriaceae. Primers were designed to amplify the following six carbapenemase genes: bla<sub>KPC</sub>, bla<sub>IMP</sub>, bla<sub>NDM</sub>, bla<sub>VIM</sub>, bla<sub>OXA-48-like</sub>, and bla<sub>GES</sub>. Of 70 bla<sub>IMP</sub> variants, 67 subtypes were simulated to be PCR-positive based on in silico simulation and the primer-design strategy. After determining the optimal PCR conditions and performing in vitro assays, the performance of the PCR assay was evaluated using 51 and 91 clinical isolates with and without carbapenemase genes, respectively. In conclusion, the combination of multiplex PCR primers and QIAGEN Multiplex PCR Plus Kit was used to determine the best performance for the rapid and efficient screening of carbapenemase genes in Enterobacteriaceae. The assay had an overall sensitivity and specificity of 100%. This PCR assay compensates for the limitations of phenotypic testing, such as antimicrobial susceptibility testing and the modified carbapenem inactivation method, in clinical and public health settings.

#### Development of a Specific Cytolethal Distending Toxin (Cdt) Gene (Eacdt)-based PCR Assay for the Detection of Escherichia Albertii

Diagn Microbiol Infect Dis. 2019 Oct;95(2):119-124.

Atsushi Hinenoya<sup>\*1</sup>, Hidetoshi Ichimura<sup>\*2</sup>, Noritomo Yasuda<sup>\*3</sup>, Seiya Harada, Kazuhiro Yamada<sup>\*4</sup>, Masahiro Suzuki<sup>\*4</sup>, Yoshio Iijima<sup>\*5</sup>, Akira Nagita<sup>\*6</sup>, M John Albert<sup>\*7</sup>, Noritoshi

Hatanaka<sup>\*3</sup>, Sharda Prasad Awasthi<sup>\*3</sup>, Shinji Yamasaki<sup>\*8</sup>

<sup>\*1</sup> School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, 1-58, Rinku ourai-kita, Izumisano, Osaka 598-8531, Japan; Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, Osaka, Japan.

<sup>\*2</sup> School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, 1-58, Rinku ourai-kita, Izumisano, Osaka 598-8531, Japan.

<sup>\*3</sup> Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, Osaka, Japan.

<sup>\*4</sup> Department of Microbiology and Medical Zoology, Aichi Prefectural Institute of Public Health, Aichi, Japan.

<sup>\*5</sup> Department of Infectious Diseases, Kobe, Institute of Health, Hyogo, Japan.

<sup>\*6</sup> Department of Pediatrics, Mizushima General Hospital, Okayama, Japan.

<sup>\*7</sup> Department of Microbiology, Faculty of Medicine, Kuwait University, Jabriya, Kuwait.

<sup>\*8</sup> School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, 1-58, Rinku ourai-kita, Izumisano, Osaka 598-8531, Japan; Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, Osaka, Japan. Electronic address: shinji@vet.osakafu-u.ac.jp.

Many *Escherichia albertii* isolates, an emerging pathogen of human and birds, might have been misidentified due to the difficulty of differentiating this bacterium from *Escherichia coli* and *Shigella* spp. by routine biochemical tests, resulting in underestimation of *E. albertii* infections. We have developed a polymerase chain reaction (PCR) assay that targets *E. albertii* cytolethal distending toxin (Eacdt) genes, which include the genes previously identified as *Escherichia coli* cdt-II. This assay could generate a single 449-bp PCR product in each of 67 confirmed *E. albertii* strains but failed to produce PCR product from any of the tested non-*E. albertii* enteric strains belonging to 37 different species, indicating 100% sensitivity and specificity of the PCR assay. The detection limit was 10 CFU per PCR tube and could detect 10<sup>5</sup> CFU *E. albertii* per gram of spiked healthy human stool. The Eacdt gene-based PCR could be useful for simple, rapid, and accurate detection and identification of *E. albertii*.

## Nationwide Molecular Epidemiology of Measles Virus in Japan Between 2008 and 2017

Front Microbiol. 2019 Jul 4;10:1470.

Fumio Seki<sup>\*1</sup>, Masahiro Miyoshi<sup>\*2</sup>, Tatsuya Ikeda<sup>\*3</sup>, Haruna Nishijima<sup>\*4</sup>, Miwako Saikusa<sup>\*5</sup>, Masae Itamochi<sup>\*6</sup>, Hiroko Minagawa<sup>\*7</sup>, Takako Kurata<sup>\*8</sup>, Rei Ootomo<sup>\*9</sup>, Jumboku Kajiwaru<sup>\*10</sup>, Takashi Kato<sup>\*11</sup>, Katsuhiko Komase<sup>\*12</sup>, Keiko Tanaka-Taya<sup>\*12</sup>, Tomimasa Sunagawa<sup>\*12</sup>, Kazunori Oishi<sup>\*12</sup>, Nobuhiko Okabe<sup>\*13</sup>, Hirokazu Kimura<sup>\*14</sup>, Shigeru Suga<sup>\*15</sup>, Kunihisa Kozawa<sup>\*16</sup>, Noriyuki Otsuki<sup>\*1</sup>, Yoshio Mori<sup>\*1</sup>, Komei Shirabe<sup>\*17</sup>, Makoto Takeda<sup>\*1</sup>, Measles Virus Surveillance Group of Japan; Technical Support Team for Measles Control in Japan Collaborators

Rika Komagome, Asami Ohnishi, Hiroyuki Saito, Mie Sasaki, Kenichi Komabayashi, Atsuko Kanari, Tsutomu Tamura, Kazunari Yamamoto, Kanako Ishikawa, Fuminori Mizukoshi, Hiroyuki Tsukagoshi, Yasutaka Ogawa, Takashi Nakada, Ai Kasuga, Tomoko Ogawa, Hajime Yokoi, Rieko Suzuki, Hideaki Shimizu, Satoko Kanazawa, Masayuki Oonuma, Nagano Environ, Kanako Nishizawa, Yuichiro Okamura, Asaka Ikegaya, Takaharu Maehata, Toshihiko Furuta, Masaya Nakazawa, Yoshihiro Yasui, Shinichiro Shibata, Tsuyoshi Kuzuguchi, Yasunori Tanaka, Hajime Kusahara, Kayo Aoki, Sachi Hirata, Akiko Nagasao, Daiki Kanbayashi, Atsushi Kaida, Tatsuya Miyoshi, Miki Ogi, Taku Uemura, Shinya Kawanishi, Masaki Hiragakiuchi, Machi Inada,

Takashi Nishiyama, Chika Tatsumi, Masako Hamano, Naoki Shigemoto, Fujii Yoshiki, Sachiko Murata, Yukari Terajima, Yumiko Kawakami, Yuki Ashizuka, Chinami Wasano, Misato Tachibana, Akiko Honda, Takashi Sakai, Kaori Nishizawa, Yu Matsuura, Mutsuyo Gokuden, Minori Oyama, Kenji Someya, Yuichiro Nakatsu, Maino Tahara, Kouji Sakai, Yukari Yamada, Kumi Ueno-Yamamoto, Yuki Tada, Tomoe Shimada, Kazuyo Yamashita, Hitomi Kinoshita, Takuri Takahashi, Kazutoshi Nakashima, Hajime Kamiya, Kiyosu Taniguchi, Yoshinori Yasui

<sup>\*1</sup> Department of Virology 3, National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan.

<sup>\*2</sup> Hokkaido Institute of Public Health, Sapporo, Japan.

<sup>\*3</sup> Yamagata Prefectural Institute of Public Health, Yamagata, Japan.

<sup>\*4</sup> Chiba Prefectural Institute of Public Health, Chiba, Japan.

<sup>\*5</sup> Yokohama City Institute of Public Health, Yokohama, Japan.

<sup>\*6</sup> Toyama Institute of Health, Imizu, Japan.

<sup>\*7</sup> Aichi Prefectural Institute of Public Health, Nagoya, Japan.

<sup>\*8</sup> Osaka Institute of Public Health, Osaka, Japan.

<sup>\*9</sup> Tottori Prefectural Institute of Public Health and Environmental Science, Tottori, Japan.

<sup>\*10</sup> Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences, Dazaifu, Japan.

<sup>\*11</sup> Okinawa Prefectural Institute of Health and Environment, Uruma, Japan.

<sup>\*12</sup> Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan.

<sup>\*13</sup> Kawasaki City Institute for Public Health, Kawasaki, Japan.

<sup>\*14</sup> Graduate School of Health Science, Gunma Paz University, Takasaki, Japan.

<sup>\*15</sup> Department of Pediatrics, National Mie Hospital, Tsu, Japan.

<sup>\*16</sup> Graduate School of Medicine, Yokohama City University, Yokohama, Japan.

<sup>\*17</sup> Yamaguchi Prefectural Institute of Public Health and Environment, Yamaguchi, Japan.

Genotyping evidence that supports the interruption of endemic measles virus (MV) transmission is one of the essential criteria to be verified in achieving measles elimination. In Japan since 2014, MV genotype analyses have been performed for most of the measles cases in prefectural public health institutes nationwide. With this strong molecular epidemiological data, Japan was verified to have eliminated measles in March, 2015. However, even in the postelimination era, sporadic cases and small outbreaks of measles have been detected repeatedly in Japan. This study investigated the nationwide molecular epidemiology of MV between 2008 and 2017. The 891 strains in the total period between 2008 and 2017 belonged to seven genotypes (D5, D4, D9, H1, G3, B3, and D8) and 124 different MV sequence variants, based on the 450-nucleotide sequence region of the N gene (N450). The 311 MV strains in the postelimination era between 2015 and 2017 were classified into 1, 7, 8, and 32 different N450 sequence variants in D9, H1, B3, and D8 genotypes, respectively. Analysis of the detection period of the individual N450 sequence variants showed that the majority of MV strains were detected only for a short period. However, MV strains, MVs/Osaka.JPN/29.15/ [D8] and MVi/Hulu Langat.MYS/26.11/ [D8], which are named strains designated by World Health Organization (WHO), have been detected in many cases over 2 or 3 years between 2015 and 2017. The WHO-named strains have circulated worldwide, causing outbreaks in many countries. Epidemiological investigation revealed repeated importation of these WHO-named strains into Japan. To

demonstrate the elimination status (interruption of endemic transmission) in situations with repeated importation of the same strains is challenging. Nevertheless, the detailed sequence analysis of individual MV strains and chronological analysis of these strains provided sufficient evidence to show that Japan has still maintained its measles elimination status in 2017.

## 3・4 学会・研究会発表抄録

### 3・4・1 所外における学会・研究会

#### 飼育ネコからの SFTS 感染事例

2019（令和元）年度獣医学術九州地区学会 令和元年（2019年）11月8日 佐賀県

松本一俊\*<sup>1</sup>，大迫英夫\*<sup>1</sup>，八尋俊輔，酒井崇\*<sup>2</sup>

\*<sup>1</sup> 現食肉衛生検査所 \*<sup>2</sup> 現健康福祉部健康局薬務衛生課

2017年4月にSFTS発症ネコが和歌山県で世界で初めて確認され、ネコにおけるSFTSの存在が知られるようになった。患者宅周辺にはイノシシが出没する環境で、当該ネコは屋内外を自由に行動できる状態だったため、周辺に生息するマダニからネコが感染した可能性が考えられた。イヌ・ネコ等が野外からマダニを持ち込む危険性もあるため、飼い主への適正飼育とSFTSに関する知識の啓発が重要である。SFTSVはマダニサイクルとマダニ・動物サイクルによって維持されていると考えられている。マダニ・動物サイクルで重要なのは野生動物であるが、SFTS発症は確認されていない。SFTSVに感染した野生動物はSFTSV保有マダニを拡散し、人の生活圏へ入り込むことでヒトへの曝露リスクが高まる可能性がある。

#### 熊本県内の SFTSV 陽性マダニ採取地域と患者発生状況について

第27回ダニと疾患のインターフェイスに関するセミナー SADI 天草大会2019 令和元年（2019年）5月31～6月2日 熊本県

酒井崇\*

\* 現健康福祉部健康局薬務衛生課

ヒトとその愛玩動物であるネコからSFTSVが分離され、解析結果から発症したネコ由来のウイルスがヒトに感染した可能性が強く示唆された。

これまでのSFTSV感染の予防策としては、ヒトが媒介動物であるマダニに咬まれないことが重要であったが、愛玩動物についても同様のマダニ対策が必要であることが分かった。

また、発症動物の体液等を介してヒトが感染することが示唆されたので、動物病院等の診療従事者への感染リスクについて啓発指導していく必要がある。

#### 市中における薬剤耐性菌の糞便保菌状況調査

第45回九州衛生環境技術協議会 令和元年（2019年）10月3～4日 長崎県

梶島翔一郎

近年、CTX-M型の基質特異性拡張型βラクタマーゼ（Extended spectrum β-lactamase；ESBL）産生菌が世界的に増加している。特にCTX-M-15型のESBLを産生し、系統発生群B2、血清型O25b:H4、AchtmanらのMLSTによるシーケンスタイプが131（ST131）である特定クローンの大腸菌ST131が、国や地域を超えて急速に拡大し大きな社会問題となっている。この種の大腸菌は院内感染に加え、市中においても健康人に尿路感染症や肺炎等の腸管外感染症を引き起こすことがあり、かつ多くがセフェム系のみならずフルオロキノロン系やアミノグリコシド系にも耐性を示すことから抗菌薬の選択が難しく治療に長期

間を有する事例もある。

このような中、わが国では医療・介護領域での薬剤耐性菌調査はよく行われているが、市中における侵淫状況を調査した報告は少なく、熊本県のデータも見当たらない。そこで我々は市中における薬剤耐性菌の侵淫状況を把握するため、感染症発生動向調査や食中毒等で検査依頼のあった糞便検体を用い、2015年度から薬剤耐性菌の糞便保菌状況調査を行っているので報告する。

### 愛玩動物から分離された SFTSV の遺伝子学的分析について

第 45 回九州衛生環境技術協議会 令和元年（2019 年）10 月 3～4 日 長崎県

酒井崇\*

\* 現健康福祉部健康局薬務衛生課

近年、SFTSV のマダニからの感染経路以外に、ネコの咬傷やイヌとの濃厚接触によるヒトへの SFTSV 感染路が明らかになってきている。これまでの症例から、ネコは他の動物と比較して SFTSV に対する感受性が高く、また、感染発症率が高いと推察されている。また、熊本県内での患者 14 名（2019.6 月現在）についても 4 名が亡くなるなど、ヒトの SFTSV 感染症は死亡率が高い。

このような状況から熊本県でも県内の動物病院、保健所、動物愛護センターなどに協力していただき、愛玩動物の遺伝子検査や抗体検査を行った。死亡したネコ血清から SFTSV が分離されたことから愛玩動物からの飼い主への感染や、獣医師、動物看護師への感染の恐れがあり、マダニを介さなくてもヒトへの感染リスクがあることが示唆された。

### LC/MS/MS による高極性農薬の一斉分析法の開発

第 56 回全国衛生化学技術協議会年会 令和元年 12 月 5～6 日 広島県

日本農薬学会第 45 回大会 令和 2 年 3 月 8～10 日 大阪府 コロナ感染予防のため中止。講演要旨集の範囲でみなし開催

富永純司\*

\* 現農林水産部生産経営局農業技術課

25 成分の高極性農薬を対象に逆相カラムとイオン交換カラムの双方の性質を併せ持つマルチモードカラムを用いて、LC/MS/MS による一斉分析法の検討を行った。また、本法について、「食品中に残留する農薬等に関する試験法の妥当性評価ガイドライン」に基づく妥当性評価試験を行ったところ、良好な結果が得られたことから、本法は LC/MS/MS による高極性農薬の一斉分析において有効な手法であると考えられた。

### 有毒キノコに由来する毒成分の一斉分析法の開発

第 56 回全国衛生化学技術協議会年会 令和元年 12 月 5～6 日 広島県

本田大輔\*

\* 現健康福祉部健康局薬務衛生課

食中毒発生時に食品残品及び血清や尿からキノコ毒成分を迅速に検出することを目的にキノコ毒成分の一斉分析法の検討を行った。また、本分析法について「食品中に残留する農薬等に関する試験法の妥当性評価ガイドライン」に準拠した妥当性評価試験を行ったところ、良好な結果が得られた。また、本分析法は 1 検体当たりの前処理時間が 30 分程度、LC/MS/MS での測定時間が 20 分程度と短時間で、かつ、操作も簡便であることから、突発的に生じる食中毒に対して、迅速に対応できる非常に有効な手

法であると考えられる。

### 病畜に使用された抗菌性物質の同定に関する事例報告

第 45 回九州衛生環境技術協議会 令和元年 10 月 3~4 日 長崎県

山口奈穂

病畜に抗菌性物質の残留が疑われ、さらに調査が必要な場合、食肉衛生検査所からの依頼で、当所の LC/MS/MS を用いた残留動物用医薬品の一斉分析法で抗菌性物質の同定検査を実施している。その結果、一斉分析法は、これまで添加回収試験による妥当性評価を行ったのみであったが、抗菌性物質が残留していることが明らかな検体から検出できたことで、一斉分析法の有用性の確認ができた。また、分別推定法だけでは推定不能や、推定を誤る事例があることから、LC/MS/MS 等を用いた理化学的試験による高感度かつ網羅的な分析と合わせた確認が重要と考えられた。

### Regression Kriging 法を用いた九州地域における PM<sub>2.5</sub> 濃度の空間分布推定

第 60 回大気環境学会 令和元年 9 月 18~20 日 東京都

小原大翼

PM<sub>2.5</sub> による大気汚染の状況を正確かつ効率的に監視していくためには、PM<sub>2.5</sub> 質量濃度の空間分布を把握し、適切な常時監視測定網を設定することが重要である。本研究では、九州地域の PM<sub>2.5</sub> 質量濃度の空間分布を推定するために、2013 年 4 月から 2015 年 3 月の大気汚染常時監視測定局で観測された日平均のデータに Regression Kriging 法を適用し、PM<sub>2.5</sub> 質量濃度の空間分布の推定に影響を与える主要な設定条件の検討及び予測精度評価を行った。結果として、Regression Kriging 法を用いることで九州域の空間濃度分布を精度よく再現することが可能であり、高精度の推定のための計算条件の最適化には、R<sup>2</sup> 等の一般的な指標値に加えて、日単位の空間濃度分布の確認が有効であることが確認された。

### 可搬型蛍光顕微鏡を用いた解体現場におけるアスベスト調査事例について

第 45 回九州衛生環境技術協議会 令和元年 10 月 3~4 日 長崎県

小原大翼

本県では、解体現場での迅速分析が可能な可搬型蛍光顕微鏡（以下、「iFM」という。）を用いたアスベスト飛散状況の調査を実施しており、本協議会では 2018 年 10 月~2019 年 6 月にかけて本研究所で実施した、レベル 1 及びレベル 2 建材の除去作業（大気汚染防止法における特定粉じん排出等作業）延べ 15 現場における iFM 調査結果について報告した。結果として、全ての現場において敷地境界周辺への影響は確認されなかった。

### 五丁川における着色現象の原因の考察

第 45 回九州衛生環境技術協議会 令和元年 10 月 3~4 日 長崎県

石原宏明

熊本県宇城市の五丁川において河川が赤く着色する現象が発生したことから平成 29 年 11 月から平成 31 年 3 月にかけて河川水の水質調査等を実施し、発生原因の調査を実施した。河川の表層に浮かんでいた赤色の膜状のものを位相差顕微鏡で観察した結果、着色現象の原因が鞭毛藻類のユーグレナと推定された。

また、他の河川に比べ、五丁川は全リン濃度が高く、川の流れが緩やかであることがこの現象の発生に寄与していると推察された。

## 熊本県内河川における類似度指標を用いた水生生物調査結果の解析

第45回九州衛生環境技術協議会 令和元年10月3～4日 長崎県

内田大智\*

\*現県北広域本部保健福祉環境部

平成2年度から平成30年度にかけて県内の河川の環境基準点等35地点を対象に、のべ964回の水生生物調査を実施し、これらの調査結果について群集類似度を用いて生物相を解析した。

解析の結果、Horn Index 及び Jaccard Index の散布図において、水生生物調査で得られた生物相と熊本県独自の生物評価値には一定の関係性があることが示された。

また、生物評価値の改善が各 Index の生物相にも反映された地点が確認された。

### ヒトとその愛玩動物から分離された SFTSV の遺伝子解析

酒井崇\*

\* 現健康福祉部健康局薬務衛生課

ヒト検体とその飼いネコから SFTSV が陽性となる事例が確認された。これらの検体を用いてウイルス分離を試みたところ、各検体から SFTSV を分離することができた。これらのウイルスを遺伝子解析したところ、同じクラスターに分類され、極めて近縁であることが分かった。

これらのことにより、愛玩動物からヒトへの感染リスクがあることが示唆された。

### 有毒キノコに由来する毒成分の一斉分析法の開発

本田大輔\*

\* 現健康福祉部健康局薬務衛生課

食中毒発生時に食品残品及び血清や尿からキノコ毒成分を迅速に検出することを目的にキノコ毒成分の一斉分析法の検討を行った。また、本分析法について「食品中に残留する農薬等に関する試験法の妥当性評価ガイドライン」に準拠した妥当性評価試験を行ったところ、良好な結果が得られた。また、本分析法は1検体当たりの前処理時間が30分程度、LC/MS/MSでの測定時間が20分程度と短時間で、かつ、操作も簡便であることから、突発的に生じる食中毒に対して、迅速に対応できる非常に有効な手法であると考えられる。

### 河川における変色現象について

石原宏明

熊本県宇城市の五丁川において河川が赤く着色する現象が発生したことから平成29年11月から平成31年3月にかけて河川水の水質調査等を実施し、発生原因の調査を実施した。河川の表層に浮かんでいた赤色の膜状のものを位相差顕微鏡で観察した結果、着色現象の原因が鞭毛藻類のユーグレナと推定された。

また、他の河川に比べ、五丁川は全リン濃度が高く、川の流が緩やかであることがこの現象の発生に寄与していると推察された。

### 県内河川における水生生物相の変遷

内田大智\*<sup>1</sup>

\*<sup>1</sup> 現県北広域本部保健福祉環境部

平成2年度から平成30年度にかけて県内の河川の環境基準点等35地点を対象に、のべ964回の水生生物調査を実施し、これらの調査結果について群集類似度（Horn Index）を用いた散布図を作成し、その特徴を解析した。

その結果、群集類似度を用いた解析により、指標生物による生物相を反映した散布図を得ることができ、過去約30年間の調査結果を視覚的に捉え、経年的または一時的な生物相の変化を示すことができた。