

【A. 食品に関する問題の不安について】

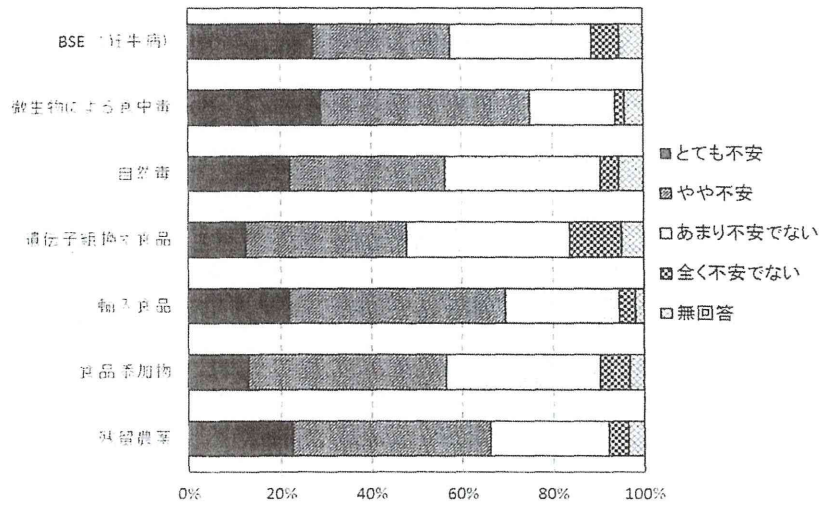


図1. 食品に関する問題の不安について

【B. 自然毒による食中毒に関して】

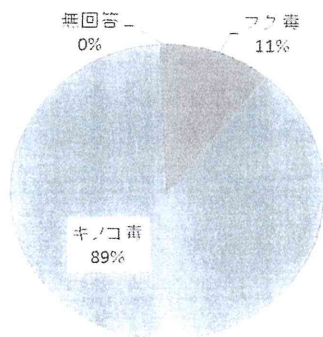


図2. <Q1>1年間に発生する食中毒の件数はフグ毒とキノコ毒のどちらが多いと思いますか？(正解:キノコ毒)

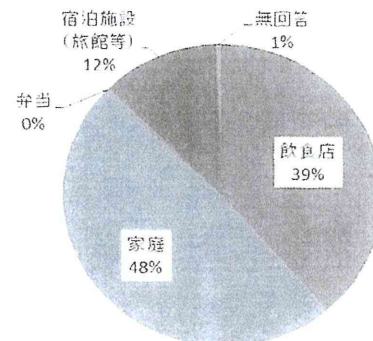


図3. <Q2>フグ毒による食中毒の発生場所等はどこが一番多いと思いますか？(正解:家庭)

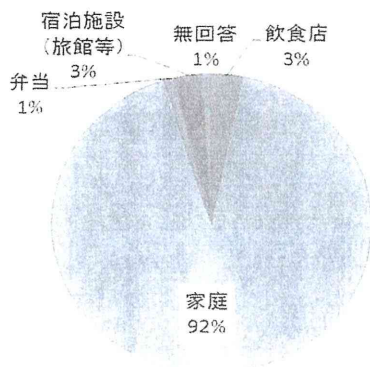


図4. <Q3>キノコ毒による食中毒の発生場所等はどこが一番多いと思いますか？(正解:家庭)

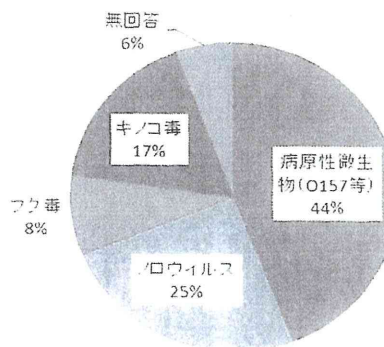


図5. <Q4>過去20年間の食中毒による死亡事例のうち最も多い原因はどれだと思いますか？(正解:フグ毒)

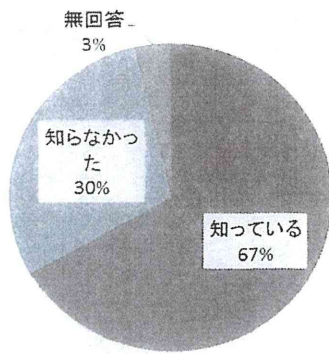


図6. <Q5>食用にできるフグの種類が決まっていることをご存知ですか？

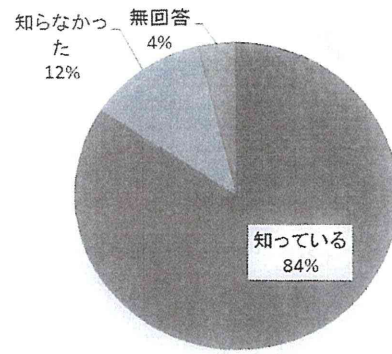


図7. <Q6>フグの肝臓は毒性が高いので食べてはいけないことをご存知ですか？

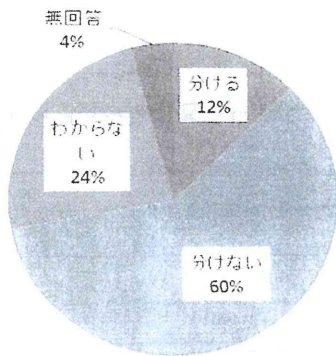


図8. <Q7>キノコ採りでたくさん採れたら知り合いに分けたいと思いますか？

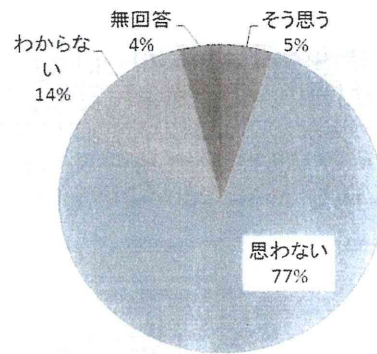


図9. <Q8>図鑑があれば食べられるキノコと毒キノコを見分けられると思いますか？

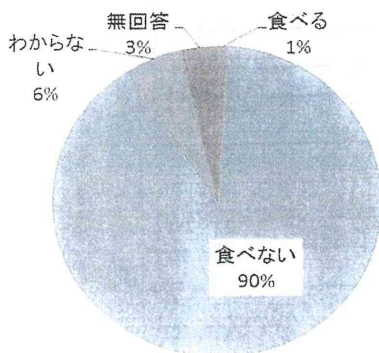


図10. <Q9>美味しそうに見えるキノコを見つけたら持ち帰って食べますか？

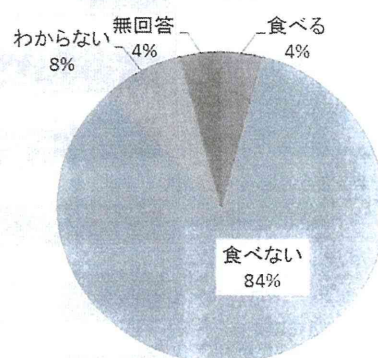


図11. <Q10>美味しそうに見える木の实を見たら摘んで食べますか？

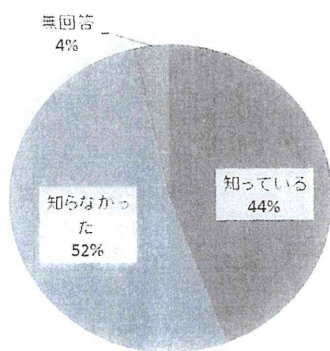


図12. <Q11>ジャガイモによる食中毒が毎年発生していることをご存知ですか？

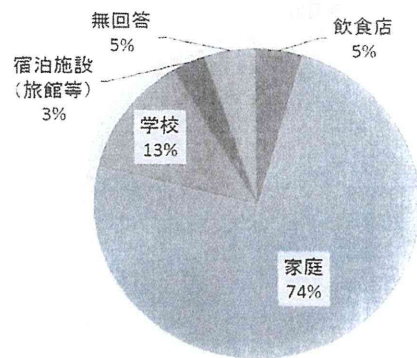


図13. <Q12>ジャガイモによる食中毒はどこで発生していると思いますか？(正解:学校)

【C. 自然毒に関連する用語について】

<Q>次の用語は全て自然毒に関連するものです。聞いたことがある又は自然毒と関連することについて、あなたをご存知の用語に○をご記入下さい。

- ある: 聞いたことがある又は自然毒と関連することを知っている
- ない: 聞いたことがない又は自然毒と関連することを知らない

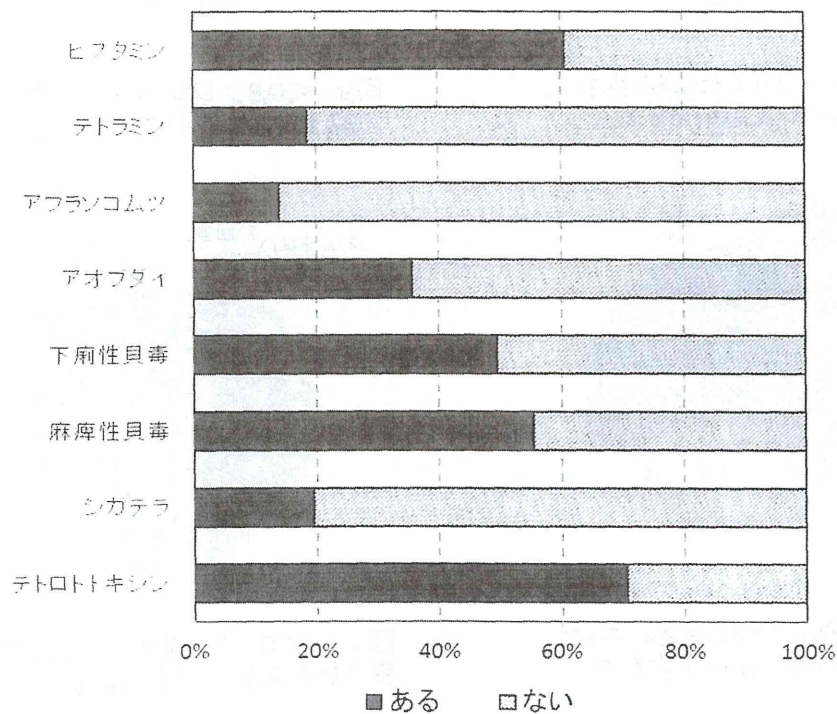


図14. マリントキシン等関連用語

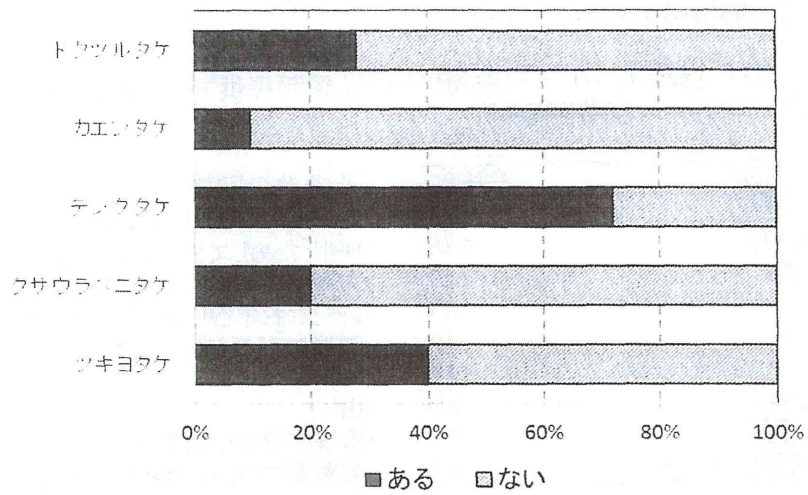


図15. 毒キノコの種類

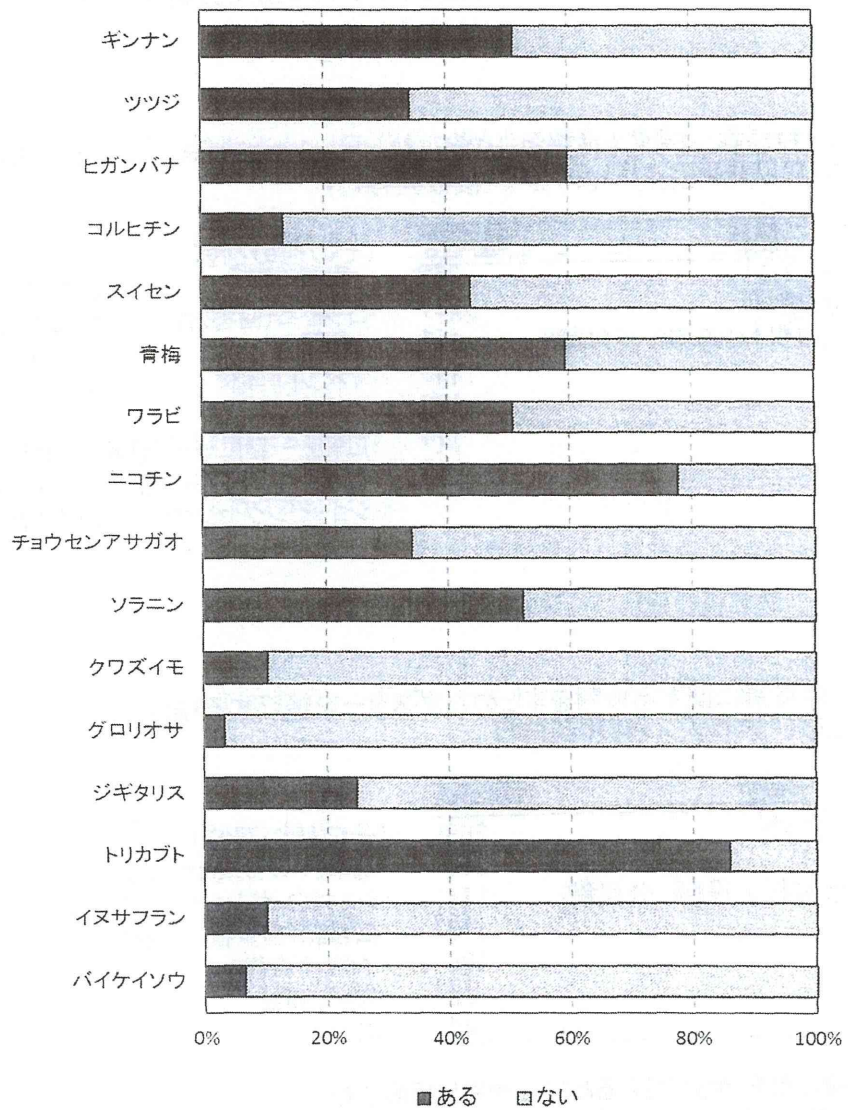


図16. 有毒な高等植物の関連用語

【D. 行政による情報提供の仕方について】

表1. <Q1> 行政が消費者に対して自然毒に関する情報提供をする場合、どのような方法が効果的だと思いますか。(複数回答可)

方法	回答数	(その他の回答)
テレビによる広報	275	・SNS等のネット上のコンテンツで広く提供するなど
小中学校での教育	235	・NHK「ためしてガッテン」みたいな番組
新聞による広報	183	・電車、バスの車内
自治体広報誌	145	・身近なお年寄りから習いました
政府・自治体HP	140	・職場のパパ向けの講演会
ポスター掲示	127	・メール
ラジオによる広報	87	・山
消費者向け講習会	84	・家庭に配布してほしい
街灯などでの展示コーナー	47	・自然毒についてはイメージできるように絵がよい ・TwitterでのPR。フォローしなくてもできるもの

- ・講習会は、ある程度興味のある方しか来れないと思うので、あまり効果的でないと思う
- ・ホームページを見ないような層にも、積極的な情報提供が必要
- ・ニュースだけでなく、ワイドショーやクイズ番組などのメディア利用であると良いのでは

表2. <Q2> 自然毒に関する情報をまとめたパンフレットを消費者に配布する場合、どこに置いておくのが効果的だと思いますか。(複数回答可)

場所	回答数	(その他の回答)
スーパーマーケット	262	・家庭に配る ・回覧板に添付(回答5件)
小中学校での配布	231	・コンビニ(回答2件) ・事業所、会社(回答2件)
都道府県や市町村の役所、公民館	151	・病院 ・ポストに入れる。
飲食店	149	・イベント会場 ・電車、バスの車内
保健所	123	・山
鉄道駅	74	・広報と一緒に配布(県政・市政だより)(回答3件)
図書館	45	・携帯ショップの待合室、銭湯などの温泉施設、病院 ・ショッピングセンター、人が多く集まる場所

表3. <Q3> 自然毒に関する情報をまとめたポスターを展示する場合、どこに置いておくのが効果的だと思いますか。(複数回答可)

場所	回答数	(その他の回答)
スーパーマーケット	268	・電車、バスの車内(回答2件)
小中学校	218	・ショッピングセンター、人が多く集まる場所
都道府県や市町村の役所、公民館	174	・広報誌(回覧板)(回答2件)
飲食店	157	・イベント会場
鉄道駅	124	・大学、高校
保健所	122	・山
図書館	44	

- ・飲食店、飲み屋、信号待ちで見えるところ、地面に埋め込む
- ・自然毒についてあまりPRされていません。ニュースや新聞でPRしなくては市民は知識が全くない
- ・毒きのこがある山の入り口、毒のある魚がよく獲れる海の周り
- ・スーパーマーケットに有毒魚のポスターが貼ってあると、お店に並んでいる魚がすべて有毒に見えてしまう

【E. 回答者について】

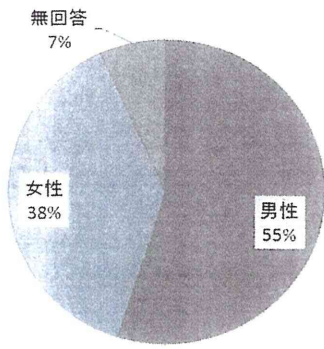


図17. 回答者の性別

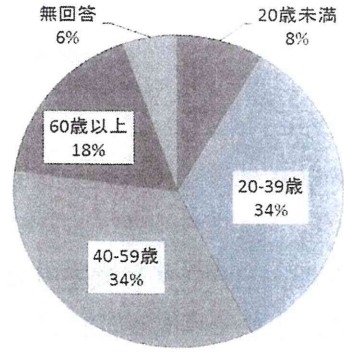


図18. 回答者の年齢

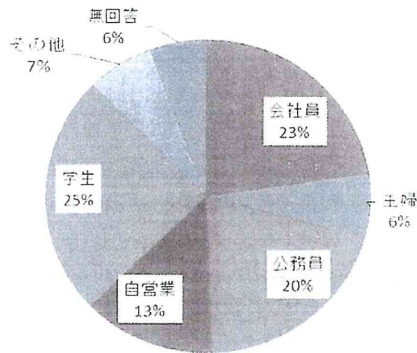


図19. 回答者の職業

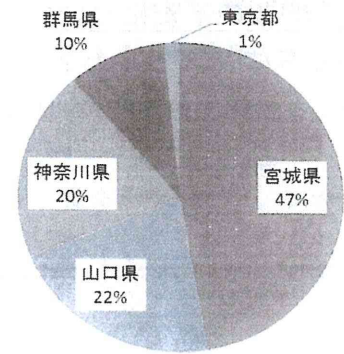


図20. アンケートを実施した都道府県

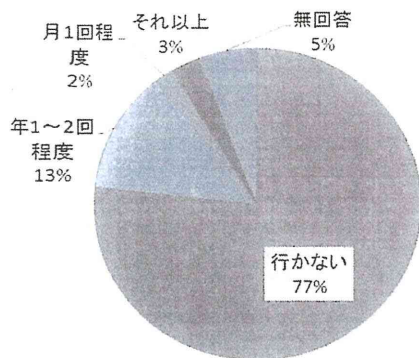


図21. 回答者が釣りに行く回数

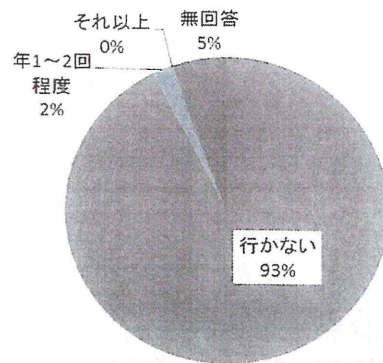


図22. 回答者がキノコ狩りに行く回数

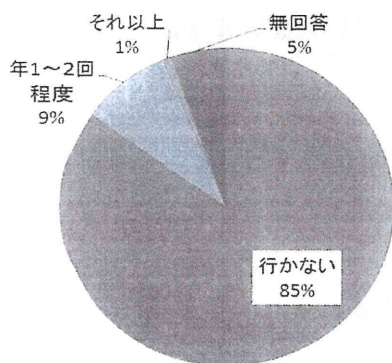


図23. 回答者が山菜採りに行く回数

## アンケート調査票

自然界の動物や植物等に含まれ、ヒトや動物へ有害な影響を与える毒素のことを「自然毒」と言います。身近なものでは、フグ毒、キノコ毒、植物毒などがあります。

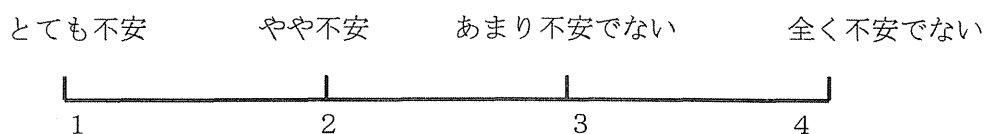
このアンケートは、消費者の皆様が「自然毒」をどのように捉えているかを理解し、行政機関による今後の自然毒による食中毒予防に役立てるためのものです。

どうかご協力をよろしくお願い申し上げます。

### A. 食品に関する問題の不安について

次のものについて不安を感じますか？

それぞれについて、次の1～4のうち1つ選び（ ）にご記入下さい。



残留農薬	(      )
食品添加物	(      )
輸入食品	(      )
遺伝子組換え食品	(      )
自然毒	(      )
微生物による食中毒	(      )
BSE (狂牛病)	(      )

### B. 自然毒による食中毒に関して

それぞれの問いに対して、最も適切だと思うものを○で囲んで下さい。

Q1. 1年間に発生する食中毒の件数はフグ毒とキノコ毒のどちらが多いと思いますか？

- ① フグ毒      ②キノコ毒

Q2. フグ毒による食中毒の発生場所等はどこが一番多いと思いますか？

- ① 飲食店      ②家庭      ③弁当      ④宿泊施設 (旅館等)

Q3. キノコ毒による食中毒の発生場所等はどこが一番多いと思いますか？

- ① 飲食店      ②家庭      ③弁当      ④宿泊施設 (旅館等)

Q4. 過去20年間の食中毒による死亡事例のうち最も多い原因はどれだと思いますか？

- ①病原性微生物 (O157等)      ②ノロウイルス      ③フグ毒      ④キノコ毒

Q5. 食用にできるフグの種類が決まっていることをご存知ですか？

- ①知っている ②知らなかった

Q6. フグの肝臓は毒性が高いので食べてはいけないことをご存知ですか？

- ①知っている ②知らなかった

Q7. キノコ採りでたくさん採れたら知り合いに分けたいと思いますか？

- ①分ける ②分けない ③わからない

Q8. 図鑑があれば食べられるキノコと毒キノコを見分けられると思いますか？

- ①そう思う ②思わない ③わからない

Q9. 美味しそうに見えるキノコを見つけたら持ち帰って食べますか？

- ①食べる ②食べない ③わからない

Q10. 美味しそうに見える木の実を見たら摘んで食べますか？

- ①食べる ②食べない ③わからない

Q11. ジャガイモによる食中毒が毎年発生していることをご存知ですか？

- ①知っている ②知らなかった

Q12. ジャガイモによる食中毒はどこで発生していると思いますか？

- ①飲食店 ②家庭 ③学校 ④宿泊施設（旅館等）

### C. 自然毒に関連する用語について

次の用語は全て自然毒に関連するものです。聞いたことがある又は自然毒と関連することについて、あなたをご存知の用語に○をご記入下さい。

テトロドトキシン (     )、 シガテラ (     )、 麻痺性貝毒 (     )、 下痢性貝毒 (     )  
アオブダイ (     )、 アブラソコムツ (     )、 テトラミン (     )、 ツキヨタケ (     )  
クサウラベニタケ (     )、 テングタケ (     )、 カエンタケ (     )、 ドクツルタケ (     )  
バイケイソウ (     )、 イヌサフラン (     )、 トリカブト (     )、 ジギタリス (     )  
グロリオサ (     )、 クワズイモ (     )、 ソラニン (     )、 チョウセンアサガオ (     )  
ヒスタミン (     )、 ニコチン (     )、 ワラビ (     )、 青梅 (     )、 スイセン (     )  
コルヒチン (     )、 ヒガンバナ (     )、 ツツジ (     )、 ギンナン (     )



## D. 行政による情報提供の仕方について

Q1. 行政が消費者に対して自然毒に関する情報提供をする場合、どのような方法が効果的だと思いますか。あなたが効果的だと思うものに○をご記入下さい（複数回答可）。

- 政府・自治体のホームページでの掲載 ( )
- 自治体広報誌への掲載 ( )
- 消費者向け講習会の開催 ( )
- ポスター展示 ( )
- テレビによる広報 ( )
- ラジオによる広報 ( )
- 新聞による広報 ( )
- 街頭などでの展示コーナー設置 ( )
- 小中学校での教育 ( )
- その他 (自由にお書き下さい: )

Q2. 自然毒に関する情報をまとめたパンフレットを消費者に配布する場合、どこに置いておくのが効果的だと思いますか。あなたが効果的だと思うものに○をご記入下さい（複数回答可）。

- 都道府県や市町村の役所、公民館 ( )
- 保健所 ( )
- 小中学校での配布 ( )
- スーパーマーケット ( )
- 鉄道駅 ( )
- 図書館 ( )
- 飲食店 ( )
- その他 (自由にお書き下さい: )

Q3. 自然毒に関する情報をまとめたポスターを展示する場合、どこに展示するのが効果的だと思いますか。あなたが効果的だと思うものに○をご記入下さい（複数回答可）。

- 都道府県や市町村の役所、公民館 ( )
- 保健所 ( )
- 小中学校 ( )
- スーパーマーケット ( )
- 鉄道駅 ( )
- 図書館 ( )
- 飲食店 ( )
- その他 (自由にお書き下さい: )



平成25年度 研究成果の刊行に関する一覧表

書籍

著者氏名	論文タイトル名	書籍全体の編集者名	書籍名	出版社名	出版地	出版年	ページ
Hajime TOYOFUKU	Regulatory Perspective in Translating Science into policy: Challenges in Utilizing Risk Assessment for the elaboration of Codex standards of Shellfish Safety	Sauvé, Gilbert	Molluscan Shellfish Safety	Springer	spain	2013	73
Hajime TOYOFUKU	Vibrio parahaemolyticus Risk Management in Japan.	Sauvé, Gilbert	Molluscan Shellfish Safety	Springer	spain	2013	129
豊福肇	新しい食中毒、リスクの複雑化とアウトブレイクについて、生食のおいしさとリスク。一色賢司監修、NTS	一色 賢司	生食のおいしさとリスク	NTS	日本	2013	395

雑誌

発表者氏名	論文タイトル名	発表誌名	巻名	ページ	出版年
Izumiya H, Terajima J, Yamamoto S, Ohnishi M, Watanabe H, Kai A, Kurazono T, Taguchi M, Asai T, Akiba M, Matsumoto Y, Tamura Y.	Genomic analysis of Salmonella enterica serovar Typhimurium definitive phage type 104.	Emerg Infect Dis	19	823	2013
豊福 肇、小林光士、下出俊樹、牛丸藤彦、小野寺仁、小池史晃、村瀬繁樹	JA飛騨ミートにおけるSSOP及びHACCPに基づく食品安全管理システムによる微生物制御とその微生物学的検証	日本獣医師会雑誌	66	718	2013
豊福 肇、長谷川 専、柿沼美智留	既存リスク評価ツールを用いた食品衛生監視指導効果の評価	日本獣医師会雑誌	66	816	2013
藤井建夫、豊福肇	醤油の品質管理とCodex規格	月刊フードケミカル		52	2014
豊福 肇	世界に通用する衛生管理手法とは、	月刊フードケミカル		24	2012
豊福 肇、小坂 健	微生物リスク評価の経緯	食品衛生研究	63	13	2013
小川麻子、加地祥文、豊福 肇	Codex Information. 第21回食品残留動物用医薬品部会	食品衛生研究	64	29	2014

発表者氏名	論文タイトル名	発表誌名	巻名	ページ	出版年
教馬恒平, 佐竹元吉, 紺野勝弘	重症トリカブト中毒事例とその食品衛生学的背景	食品衛生学雑誌	54	419	2013
登田美桜	CODEX INFORMATION FAO/WHO合同食品規格計画 第7回汚染物質部会	食品衛生研究	63	47	2013
登田美桜, 畝山智香子, 春日文子	過去50年間のわが国の高等植物による食中毒事例の傾向	食品衛生学雑誌	55	55	2014

研究成果の刊行物・別刷

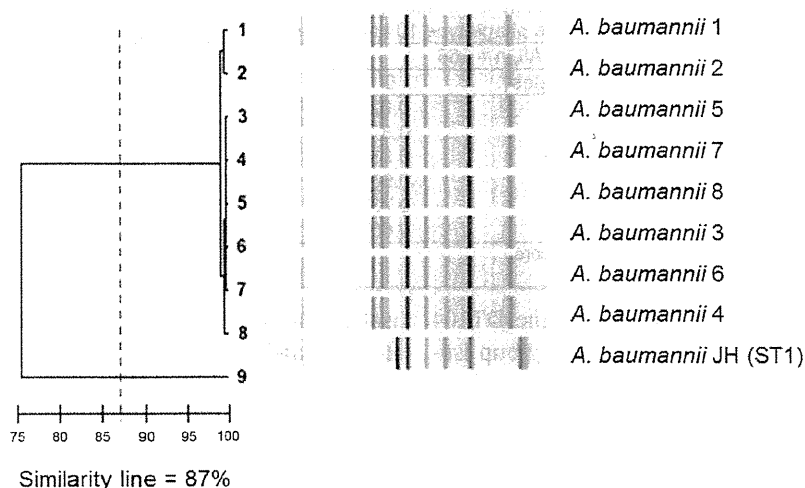


Figure. Results of Diversilab system (bioMérieux, La Balme-les-Grottes, France) analysis of *Acinetobacter baumannii* isolates. Similarity line shows the cutoff that separates the different clones.

identified mainly carbapenem-hydrolyzing carbapenemase OXA-58 (9).

Recently, we showed that the *bla*<sub>NDM-1</sub> gene was carried by a composite transposon bracketed by 2 copies of IS*Aba125* in *A. baumannii* (10). Cloning and sequencing of the genetic context of the *bla*<sub>NDM-1</sub> in the first isolate showed that transposon Tn125 was truncated at its 3'-end extremity by insertion sequence IS*Aba14*, giving rise to a truncated Tn125 ( $\Delta$ Tn125). PCR mapping of all isolates showed that they possessed this truncated isoform of Tn125, which was therefore probably no longer functional.

The identification of several clinical *A. baumannii* isolates that possessed the *bla*<sub>NDM-1</sub> gene and originated from North Africa, with no obvious link to the Indian subcontinent, strongly suggests that 1 NDM-producing *A. baumannii* clone is probably widespread in North Africa and that it might now act as a reservoir for NDM-1. This finding might indicate that control of spread of multidrug-resistant *A. baumannii* would have a primary role in controlling spread of NDM-1.

This work was funded by a grant from the Institut National de la Santé et de la Recherche Médicale.

**Rémy A. Bonnin, Gaëlle Cuzon,  
Laurent Poirel,  
and Patrice Nordmann**

Author affiliation: Hôpital de Bicêtre, Kremlin-Bicêtre, France

DOI: <http://dx.doi.org/10.3201/eid1905.121618>

#### References

1. Peleg AY, Seifert H, Paterson DL. *Acinetobacter baumannii*: emergence of a successful pathogen. Clin Microbiol Rev. 2008;21:538–82. <http://dx.doi.org/10.1128/CMR.00058-07>
2. Poirel L, Bonnin RA, Nordmann P. Genetic basis of antibiotic resistance in pathogenic *Acinetobacter* species. IUBMB Life. 2011;63:1061–7. <http://dx.doi.org/10.1002/iub.532>
3. Nordmann P, Poirel L, Walsh TR, Livermore DM. The emerging NDM carbapenemases. Trends Microbiol. 2011; 19:588–95. <http://dx.doi.org/10.1016/j.tim.2011.09.005>
4. Bonnin RA, Poirel L, Naas T, Pirs M, Seme K, Schrenzel J, et al. Dissemination of New Delhi metallo- $\beta$ -lactamase-1-producing *Acinetobacter baumannii* in Europe. Clin Microbiol Infect. 2012;18:E362–5. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-0691.2012.03928.x>
5. Boulanger A, Naas T, Fortineau N, Figueiredo S, Nordmann P. NDM-1-producing *Acinetobacter baumannii* from Algeria. Antimicrob Agents Chemother. 2012;56:2214–5. <http://dx.doi.org/10.1128/AAC.05653-11>
6. Clinical Laboratory Standards Institute. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. M100–S22. Wayne (PA): The Institute; 2012.
7. Bonnin RA, Rotimi V, Al Hubail M, Gasiorowski E, Al Sweih N, Nordmann P, et al. Wide dissemination of GES-type carbapenemases in *Acinetobacter baumannii* in Kuwait. Antimicrob Agents Chemother. 2013;57:183–8. <http://dx.doi.org/10.1128/AAC.01384-12>
8. Diancourt L, Passet V, Nemec A, Dijkshoorn L, Brisse S. The population structure of *Acinetobacter baumannii*: expanding multiresistant clones from an ancestral susceptible genetic pool. PLoS ONE. 2010;5:e10034. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0010034>
9. Gogou V, Pournaras S, Giannouli M, Voulgari E, Piperaki ET, Zarrilli R, et al. Evolution of multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii* clonal lineages: a 10-year study in Greece (2000–09). J Antimicrob Chemother. 2011;66:2767–72. <http://dx.doi.org/10.1093/jac/ckr390>
10. Poirel L, Bonnin RA, Boulanger A, Schrenzel J, Kaase M, Nordmann P. Tn125-related acquisition of *bla*<sub>NDM</sub>-like genes in *Acinetobacter baumannii*. Antimicrob Agents Chemother. 2012;56:1087–9. <http://dx.doi.org/10.1128/AAC.05620-11>

Address for correspondence: Patrice Nordmann, Service de Bactériologie-Virologie, Hôpital de Bicêtre, 78 Rue du Général Leclerc, 94275 Le Kremlin-Bicêtre Cedex, France; email: [nordmann.patrice@bct.aphp.fr](mailto:nordmann.patrice@bct.aphp.fr)

## Genomic Analysis of *Salmonella* *enterica* Serovar Typhimurium Definitive Phage Type 104

To the Editor: *Salmonella enterica* is among the leading causes of foodborne diseases worldwide. Multidrug-resistant *S. enterica* serovar Typhimurium definitive phage type (DT) 104 emerged during the early 1990s in the United Kingdom and spread worldwide thereafter (1). This phage-type strain harbors a chromosomally encoded genomic island, Salmonella Genomic Island 1, which is typically responsible for resistance to ampicillin, chloramphenicol,

streptomycin, sulfonamide, and tetracycline (2). Multilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA) is an established molecular epidemiologic tool; its high-resolution power has been applied to the subtyping of a variety of bacterial species (3). An MLVA system has been developed for analyzing *S. enterica* serovar Typhimurium (4,5).

The design of an MLVA system relies on the analyzed genome sequences. In this study, we found and evaluated a variable-number tandem-repeat region, or locus, designated DT104o. The locus is specific to *S. enterica* ser. Typhimurium DT104, according to the sequence of NCTC 13348 (available from the Sanger Institute, <http://www.sanger.ac.uk/resources/downloads/bacteria/salmonella.html>). The repeat unit sequence was CTCAGAA/TTCTGAG, spanning 1952121–1952274 on the reference genome or 22 repeats of 7 nt.

We used 266 apparently independent isolates of *S. enterica* serovar Typhimurium collected during 1981–2012; 103 were from human samples and 163 from non-human sources. Bacteriophage typing was performed according to Anderson's method and scheme (6). Types of 100 isolates were in the DT104 group, comprising DT104, DT104B, and U302, the latter being related to DT104 (2); MLVA was performed by using the 5 loci (STTR3, STTR5, STTR6, STTR9, and STTR10) with slight modifications (4,5). The DT104o locus was tested by using primers o-for (5'-GTCAACATGAACTGCCCTCA-3'), labeled with NED, and o-rev (5'-TTTGCTCTTCGCTCTTAGCAATC-3'); this spanned 1952367–1952043 on the reference sequence, resulting in a 325-bp product with 171-bp offset.

For all 266 isolates tested, the number of alleles and the Simpson's index of diversity score (*D*) identified in each locus are summarized in the Table. The 5 common and DT104o loci displayed high discriminatory power:

Table. Number of alleles and Simpson's index of diversity score in *Salmonella enterica* serovar Typhimurium definitive phage type 104 in humans\*

Locus	All, n = 266		DT104-group, n = 100	
	No. alleles†	<i>D</i>	No. alleles†	<i>D</i>
STTR9	5	0.62	1	0.00
STTR5	17	0.87	10	0.76
STTR6	20	0.93	16	0.90
STTR10	25	0.90	20	0.93
STTR3	12	0.73	2	0.20
DT104o	24	0.60	23	0.92

\**D*, Simpson's index of diversity score.

†Including the null allele.

DT104o was specific for the DT104 group, and all 100 DT104 group isolates displayed amplified products with 13–40 repeat copy numbers; the others showed the null allele. Focusing only on the 100 DT104 group isolates, the discriminatory power of STTR9 and STTR3 were poor, whereas STTR5, STTR6, STTR10, and DT104o displayed high discriminatory powers (Table). In addition, using the 5 common loci (MLVA5) in analysis, we identified 66 types with a *D* value of 0.974; use of MLVA5 plus the DT104o locus (MLVA6) identified 83 types with a *D* value of 0.984. These results indicate that the DT104o locus is highly specific and therefore useful as an additional molecular epidemiologic marker for analyzing *S. enterica* ser. Typhimurium DT104.

Because DT104o was highly variable, 5 DT104 strains were tested for the frequency of variants at each locus after 5 serial passages by using liquid culture: cultures were diluted 1:1,000 at each passage. Sixteen colonies of each strain were tested by using MLVA6 (online Technical Appendix Table 1, [wwwnc.cdc.gov/EID/article/19/5/12-1395-Techapp1.pdf](http://wwwnc.cdc.gov/EID/article/19/5/12-1395-Techapp1.pdf)). No variants were observed in STTR3, STTR9, or STTR10. STTR5, STTR6, and DT104o each showed 1 variant of 80 colonies. The results suggest that DT104o would not be less stable than other loci.

We also found that DT104o could provide more discriminatory power to MLVA5 in some settings (online Technical Appendix Table 2). We compared 2 settings using isolates from non-human samples. Setting 1 comprised

isolates 1a and 1b from an outbreak during 1996 and isolate 1c in 2007. Isolates 1a and 1b were identical by MLVA6. Isolate 1c was identical by MLVA5 but not by MLVA6. In Setting 2, three isolates obtained in different years also were identical by MLVA5, but differed from each other by MLVA6. This suggests that MLVA6 could be useful in some epidemiologic settings such as in an outbreak investigation, though more extensive study would be required to confirm this suggestion.

The DT104o locus is located at the proximal region of fragment 180 comprised of a prophage structure, which was proven to be DT104-specific in a previous study (7). This finding is consistent with the results of our study.

In conclusion, development of an MLVA system is dependent upon the genome sequences available, and the system is usually used for molecular subtyping of a certain serotype in a particular organism. However, a specific group of strains could cause a pandemic and become a target of public health concern, as was *S. enterica* ser. Typhimurium DT104. The MLVA system could be improved by adding loci based on the genome sequence of such pandemic strains. In this study, we showed that the newly identified DT104o locus could be useful in identification and subtyping of *S. enterica* ser. Typhimurium DT104.

#### Acknowledgment

We thank the staff at all the municipal and prefectural public health institutes of Japan for providing the isolates. We also thank Nobuko Takai and Jiyoung Lee for their technical assistance.

This study was partly supported by grants-in-aid from the Ministry of Health, Labour and Welfare of Japan (H22-Shokuhin-Ippan-012, H23-Shinko-Shitei-020, H24-Shokuhin-Ippan-007, and H24-Shokuhin-Ippan-008).

**Hidemasa Izumiya,  
Jun Terajima, Shouji Yamamoto,  
Makoto Ohnishi,  
Haruo Watanabe, Akemi Kai,  
Takayuki Kurazono,  
Masumi Taguchi, Tetsuo Asai,  
Masato Akiba, Yuko Matsumoto,  
and Yutaka Tamura**

Author affiliations: National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan (H. Izumiya, J. Terajima, S. Yamamoto, M. Ohnishi, H. Watanabe); Tokyo Metropolitan Institute of Public Health, Tokyo (A. Kai); Saitama Institute of Public Health, Saitama, Japan (T. Kurazono); Osaka Prefectural Institute of Public Health, Osaka, Japan (M. Taguchi); National Veterinary Assay Laboratory, Tokyo (T. Asai); National Institute of Animal Health, Ibaraki, Japan (M. Akiba); Yokohama City Institute of Health, Kanagawa, Japan (Y. Matsumoto); and Rakuno Gakuen University, Hokkaido, Japan (Y. Tamura)

DOI: <http://dx.doi.org/10.3201/eid1905.121395>

## References

- Threlfall EJ. Epidemic *Salmonella typhimurium* DT 104—a truly international multiresistant clone. *J Antimicrob Chemother.* 2000;46:7–10. <http://dx.doi.org/10.1093/jac/46.1.7>
- Briggs CE, Fratamico PM. Molecular characterization of an antibiotic resistance gene cluster of *Salmonella typhimurium* DT104. *Antimicrob Agents Chemother.* 1999;43:846–9.
- van Belkum A. Tracing isolates of bacterial species by multilocus variable number of tandem repeat analysis (MLVA). *FEMS Immunol Med Microbiol.* 2007;49:22–7. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1574-695X.2006.00173.x>
- Lindstedt BA, Vardund T, Aas L, Kapperud G. Multiple-locus variable-number tandem-repeats analysis of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Typhimurium using PCR multiplexing and multicolor capillary electrophoresis. *J Microbiol Methods.* 2004;59:163–72. <http://dx.doi.org/10.1016/j.mimet.2004.06.014>
- Larsson JT, Torpdahl M, Petersen RF, Sorensen G, Lindstedt BA, Nielsen EM. Development of a new nomenclature for *Salmonella typhimurium* multilocus variable number of tandem repeats analysis (MLVA). *Euro Surveill.* 2009;14:19174. <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19174>
- Anderson ES, Ward LR, Saxe MJ, de Sa JD. Bacteriophage-typing designations of *Salmonella typhimurium*. *J Hyg (Lond).* 1977;78:297–300. <http://dx.doi.org/10.1017/S0022172400056187>
- Hermans AP, Abee T, Zwietering MH, Aarts HJ. Identification of novel *Salmonella enterica* serovar Typhimurium DT104-specific prophage and nonprophage chromosomal sequences among serovar Typhimurium isolates by genomic subtractive hybridization. *Appl Environ Microbiol.* 2005;71:4979–85. <http://dx.doi.org/10.1128/AEM.71.9.4979-4985.2005>

Address for correspondence: Hidemasa Izumiya, 1-23-1 Toyama, Shinjuku-ku, Tokyo, 162-8640, Japan; email: [izumiya@nih.go.jp](mailto:izumiya@nih.go.jp)

## Single Genotype of *Anaplasma phagocytophilum* Identified from Ticks, Camargue, France

**To the Editor:** Granulocytic anaplasmosis is a tickborne zoonosis caused by *Anaplasma phagocytophilum* bacteria, which are emerging in Europe. Besides infecting humans, *A. phagocytophilum* infect a wide range of wild and domestic mammals (1). In Europe, the *Ixodes ricinus* tick is the main vector for the bacteria, but *A. phagocytophilum* has also been detected in association with *Rhipicephalus* and *Dermacentor* spp. ticks (2). The climate and biotopes of the Mediterranean region are particularly favorable for several species of ticks and, therefore, for tickborne diseases.

Although *I. ricinus* ticks are rare or absent in the Mediterranean Basin, serosurveys performed on equine

populations in Camargue, southern France, indicated an *A. phagocytophilum* seroprevalence of  $\approx 10\%$  (3). To investigate the prevalence and diversity of *A. phagocytophilum* bacteria in ticks in Camargue, we collected questing ticks from horse pastures and feeding ticks from horses.

Ticks feeding on horses were collected in randomly selected stables during 2007 (84 stables), 2008 (72 stable), and 2010 (19 stables). The stables were chosen among those where evidence of *A. phagocytophilum* seroconversion in horses had been previously found (3). In 2008 and 2010, questing ticks were collected by the dragging method in 19 pastures, around bushes, and in areas where horses spent the most time. Surveys were conducted in the spring, which represents the peak activity time of *Ixodes* ticks.

A total of 406 adult ticks were collected, representing 6 species: *Rhipicephalus bursa*, *R. sanguineus*, *R. turanicus*, *R. pusillus*, *Dermacentor marginatus*, and *Hyalomma marginatum*. Tick species were identified by morphologic criteria and molecular analyses based on mitochondrial 12S rDNA sequences (4). Total DNA was extracted from the ticks by using the NucleoSpin Tissue Kit (Macherey-Nagel, Düren, Germany) (5). *A. phagocytophilum* was detected by nested PCR targeting the 16S rDNA (online Technical Appendix 1, [wwwnc.cdc.gov/EID/article/19/5/12-1003-Techapp1.pdf](http://wwwnc.cdc.gov/EID/article/19/5/12-1003-Techapp1.pdf)).

Of the 406 ticks, 40 were infected with *A. phagocytophilum*. The infected group included ticks from all 6 collected species except *R. pusillus*. Infection rates among the species ranged from 0 to 22% (online Technical Appendix 2, [wwwnc.cdc.gov/EID/article/19/5/12-1003-Techapp2.pdf](http://wwwnc.cdc.gov/EID/article/19/5/12-1003-Techapp2.pdf)). The prevalence of *A. phagocytophilum* infection did not differ significantly between species (logistic regression model,  $p = 0.76$ ) but was higher among questing ticks than feeding ticks ( $p < 0.001$ ; odds ratio 1.15).



# 既存リスク評価ツールを用いた食品衛生監視効果の評価

豊福 肇<sup>1)†</sup>

長谷川 専<sup>2)</sup>

柿沼美智留<sup>2)</sup>

1) 国立保健医療科学院国際協力研究部 (〒351-0197 和光市南2-3-6)

2) 三菱総合研究所健康・医療グループ (〒100-8141 千代田区永田町2-10-3 東急キャピトルタワー)

## 既存リスク評価ツールを用いた食品衛生監視効果の評価

豊福 肇<sup>1)†</sup>長谷川 専<sup>2)</sup>柿沼美智留<sup>2)</sup>

1) 国立保健医療科学院国際協力研究部 (〒351-0197 和光市南2-3-6)

2) 三菱総合研究所健康・医療グループ (〒100-8141 千代田区永田町2-10-3 東急キャピトルタワー)

(2013年6月13日受付・2013年7月10日受理)

## 要 約

限られたリソースのなかで、リスク低減に向け、学術雑誌に公表されているリスク評価ツールを用いて、食品衛生監視員による監視指導のあり方を検討した。鶏の唐揚げ×カンピロバクター、目玉焼き×サルモネラ菌、ポテト野菜サラダ×黄色ブドウ球菌の3種類の食品とハザードの組み合わせについて通常監視下の相対リスクを推定した。さらに、食品衛生監視を高度化することによるリスクランキングの変化を推定した。唐揚げ、目玉焼き及びポテトサラダのリスクランキングは「57」、「52」及び「48」であった。さらに、加工、包装、冷却工程において、高度化監視により、加工の効果向上、再汚染の可能性低減及び加工後の管理システムの有効性向上を図ることにより、リスクが大きく下がること明らかとなった。これら工程及びその組み合わせが重点監視ポイントであることが示唆された。

—キーワード：監視指導，リスク評価，Risk Ranger.

日獣会誌 66, 816～819 (2013)

食品の安全性確保については、食品等の生産、製造等に携わる食品関連事業者が第一義的責任がある。一方、都道府県等の自治体は、食品関連事業者がその責務を果たし、安全な食品等を供給しているか否かを確認するため監視指導を行わなければならない。この監視指導においては、食品衛生法に基づく規格基準や食品添加物の使用基準などの遵守状況や、都道府県知事が定める管理運営基準及び施設基準の適合性等を確認する。しかし、対象施設におけるフローダイヤグラムのなかで、ハザード発生とその制御が必要な工程の特定、その制御の実施状況の確認といった監視（以後、「高度化された監視」という。）を実施する機会は限られている。そこで、本研究では、「通常監視」を施設基準や管理運営基準の遵守状況の確認と定義し、それに対し、ハザード発生制御が必要な工程における制御の実施状況の確認を行う「高度化された監視」をどのように行えば、リスク低減効果につながるか、その評価を試みた。

そのような場合、確率論的モデルによるフォーマルなリスク評価は理論的には厳密ではあると考えられるが、多額の資金と多大な労力を伴う。特に、食品安全分野においては信頼に足る十分なデータが不足しているという難点がある。そこで、Sumnerら [1] によって開発さ

れた、半定量的食品安全リスク評価ツールである Risk Ranger (Australia's food safety information portal) を用い、3種類の食品とハザードの組み合わせ（鶏の唐揚げ×カンピロバクター（以下、「*Campylobacter*」という）、目玉焼き×*Salmonella* Enteritidis（以下、「SE」という）及びポテト野菜サラダ×黄色ブドウ球菌（以下、「Sa」という））について、通常監視下のリスクランキングを推定した。さらに、食品衛生監視を高度化することにより、リスクランキングがどの程度変化するかを推定した。前2つの組み合わせは、原材料由来で、かつわが国でも食中毒事件が多い例として、ポテト野菜サラダは従事者からの汚染を想定した事例として選択した。

Risk Rangerのアウトプットである“リスクランキング”は、算出されたリスクがとり得る値の範囲を0から100の値をとるよう対数的に変換し、整数化して表現される。100年間で100億人あたり軽い（Mild）食中毒の発症が1件以下のリスク（ $2.75 \times 10^{-18}$ ）はリスクランキング0。逆に、全世界の国民の全食事に致死量の病原体が存在するレベルのリスクはリスクランキング100としている [1]。リスクランキングの数値が6増えると、絶対リスクは10倍増える。スプレッドシート上で使用できる Risk Ranger について、構造解析を行い、本研究

† 連絡責任者：豊福 肇（山口大学共同獣医学部）

〒753-8515 山口市吉田1677-1 ☎083-933-5827 FAX 083-933-5920 E-mail: toyofuku@yamaguchi-u.ac.jp

の目的に用いることができるか、妥当性確認を行った上で使用した。

Risk Rangerは次の10の質問に回答し(問11まであるうち問5は関係ないのでここでは割愛)、相対リスクを計算する。通常の監視活動下における各質問に対するパラメータは先行研究のSumnerら[1]及びSosa Mejiaら[2]を参考に次のように判断した。「①ハザードの重篤性」はSosa Mejiaら[2]に基づき、*Campylobacter*は“moderate (0.1)”, SE, Saは“mild (0.01)”とした。「②感受性集団」は3例とも一般集団を想定しているので“general (人口の100%)”を、「③喫食頻度」は仮定値とし、ポテト野菜サラダのみ“monthly”, 他は“weekly”とした。「④喫食集団の割合」は3例とも仮定値として“most (75% : 0.75)”とした。「⑥原材料の汚染確率」は鶏肉の*Campylobacter*はSuzukiら[3]の報告に基づき“Common (汚染率50% : 0.5)”, 卵のSEは食品安全委員会のリスクプロフィール(以下、「RP」という)に基づき“Rare (汚染率0.1% : 0.001)”, ポテト野菜サラダのSaは二次汚染を想定して“Other (0%)”とした。「⑦加工の効果」はポテト野菜サラダのみ、病原体の特性及び平成22年度国立保健医療科学院食品衛生監視指導コースに参加した食品衛生監視員によるアンケート結果(23名を対象に、3食品のCCPと考えられる工程について、監視項目の具体的内容と相対的な重要度(5段階評価)について質問し、有効回収率は100%であった。以下、「食監アンケート」という)に基づき“slightly reduced (50%の事例で減少させる : 0.5)”, 他はRPに基づき“usually eliminates (99%の事例でeliminateさせる : 0.01)”とした。「⑧加工後の二次汚染の可能性」はポテト野菜サラダのみ病原体の特性及び食監アンケートに基づき“Others (10%)”, 他はRPに基づき“yes-minor (1%の頻度でおきる : 0.01)”とした。「⑨加工後の管理システムの有効性」は、いずれも“controlled (病原体3倍増 : 3)”とし、「⑩加工後どの程度増殖すると感染または食中毒をおこすか?」については、Saは[2]に基づき“significant (10,000倍増 : 0.0001)”, その他は[2]及びRPに基づき“slight (病原体10倍増 : 0.1)”とした。「⑪喫食前の調理の効果」は、ポテト野菜サラダのみ家庭での再調理はないと仮定し、“no effect (1)”, その他は電子レンジでの調理を仮定し、“usually eliminates (99%の事例でeliminateさせる : 0.01)”とした。なお、Risk Rangerでは各工程における菌数の概念は考慮せず、問⑥及び問⑩で相対的に考えられている[1]。

食品衛生の監視の高度化によりリスクの低減効果につながるかと期待されるRisk Rangerのパラメータとして、食監アンケートから、「⑥原材料の汚染確率」「⑦加工の

効果」「⑧加工後の二次汚染の可能性」及び「⑨加工後の管理システムの有効性」の4つが該当すると考えられた。

具体例として、鶏の唐揚げの場合、原材料受入れ時の監視は、自主検査を行っている業者からの原材料購入指導等により、原材料の汚染率及び汚染濃度低減に寄与すると考えられた。寝かし温度管理及び油調の揚げ時間・温度管理に対する監視は病原体の増殖防止に寄与すると考えられた。トリミング、冷却及び包装工程の監視はこれら工程における二次汚染の可能性の低減に寄与すると考えられた。さらに、保管工程における監視も、病原微生物の増殖を抑制できることから、監視の高度化による効果が得られると判断された。以上のことから、各工程の監視の高度化に伴うリスク推定のため、Risk Rangerのパラメータを以下のように変更した。すなわち、「⑥原材料の汚染確率」を“Common (汚染率50% : 0.5)”から“Infrequent (汚染率1% : 0.01)”に設定、「⑦加工の効果」を“Usually eliminates (99%の事例でeliminateさせる : 0.01)”から“Reliably eliminates (0)”に設定、「⑧加工後の二次汚染の可能性」を“yes-minor (1%の頻度でおきる : 0.01)”から“Other (0.001% : 0.00001)”に変更、「⑨加工後の管理システムの有効性」を“controlled (病原体3倍増 : 3)”から“well controlled (増菌及び汚染なし : 1)”に設定した。

目玉焼きの場合、原材料受入れ時の的確な監視は原材料の汚染率及び汚染濃度低減に寄与すると考えられた。卵割工程及びグリル工程における監視は病原体の増殖防止に寄与すると考えられた。また、包装工程における監視は二次汚染の可能性の低減に寄与すると考えられた。さらに、冷却及び保管の工程における監視は病原体の増殖防止に寄与すると考えられた。これらのことから、監視の高度化はリスク低減効果が得られると判断された。以上のことから、Risk Rangerの以下のパラメータを変更した。すなわち、「⑥原材料の汚染確率」を“Rare (0.1% : 0.001)”から“Other (0.001% : 0.00001)”に設定、「⑦加工の効果」を“Usually eliminates (99%の事例でeliminateさせる : 0.01)”から“Reliably eliminates (0)”に設定、「⑧加工後の二次汚染の可能性」を“yes-minor (1%の頻度でおきる : 0.01)”から“Other (0.001%の頻度 : 0.00001)”に設定、「⑨加工後の管理システムの有効性」を“controlled (病原体3倍増 : 3)”から“well controlled (増菌及び汚染なし : 1)”に設定した。

ポテト野菜サラダについてはSaによる二次汚染を想定したため、原材料の汚染については考慮していない。洗浄・殺菌工程及び加熱工程における監視は病原体の生残防止に寄与すると考えられた。充填(盛付け)工程における監視は二次汚染の可能性の低減に寄与すると考

表 監視の高度化によるリスクランキングの変化

パラメータ の変更	鶏の唐揚げ × <i>Campylobacter</i>	目玉焼き × <i>Salmonella</i> <i>Enteritidis</i>	ポテト野菜 サラダ × 黄色ブドウ 球菌
⑥のみ	57→57	52→52	—
⑦のみ	57→57	52→52	48→48
⑧のみ	57→56	52→35	48→25
①のみ	57→55	52→49	48→45
⑥+⑦	57→57	52→52	—
⑥+⑧	57→46	52→35	—
⑥+⑨	57→55	52→49	—
⑦+⑧	57→40	52→35	48→25
⑦+⑨	57→55	52→49	48→45
⑧+⑨	57→53	52→32	48→23
⑥+⑦+⑧	57→40	52→35	—
⑥+⑦+⑨	57→55	52→49	—
⑥+⑧+⑨	57→43	52→32	—
⑦+⑧+⑨	57→38	52→32	48→23
⑥+⑦+⑧+⑨	57→38	52→32	—

注) パラメータ: ⑥原材料の汚染確率, ⑦加工の効果, ⑧加工後の二次汚染の可能性, ⑨加工後の管理システムの有効性

られた。さらに、冷却工程及び保管工程における監視は病原体の増殖抑制及び毒素産生抑制に寄与すると考えられた。これらのことから、監視の高度化はリスク低減効果が得られると判断された。以上のことから、Risk Rangerのパラメータ⑦、⑧及び⑨を目玉焼きと同様に設定した。

通常の監視指導下での唐揚げ、目玉焼き及びポテト野菜サラダのリスクランキングは「57」、「52」及び「48」と推定された。

次に、監視活動の高度化によるリスク低減の程度を検討した。鶏の唐揚げでは、ある工程のみ監視を高度化してもリスクの低減にあまり効果がなかった。一方、加工工程及び加工後の工程における高度化監視はリスクランキングを57から38へと大幅に減少させた(表、⑦+⑧+⑨、⑥+⑦+⑧+⑨)。すなわち、原材料受入れ段階よりも、寝かし・油調・保管工程における温度管理(菌の増殖・生残防止)及び二次汚染の防止について監視を高度化することが効果的であることが示された。

一方、目玉焼きについては、包装工程に加え、冷却工程及び保管工程の監視を高度化した場合(表、⑧+⑨、⑥+⑧+⑨、⑦+⑧+⑨、⑥+⑦+⑧+⑨)リスクラン

キングが52から32と大きく減少した。しかし、包装工程のみ監視を高度化した場合(表、⑧のみ)でもリスクランキングは52から35と大きく減少した。以上のことから、包装工程での二次汚染防止について監視することが効果的であることが示された。

また、ポテト野菜サラダについては、充填(盛付け)工程での二次汚染の防止及び保管工程での温度管理に対する高度化監視はリスク低減に寄与することが示された(表、⑧+⑨、⑦+⑧+⑨)。

本研究においては、既存のモデルであるRisk Rangerを用いて、3つの食品とハザードの組み合わせ事例について、どの工程のどのような管理を変えていけば相対リスクが低減するかを推定することができた。

食品衛生監視員による監視は、限られた時間のなかで効果的に監視を行い、その場で同時に営業者教育を行わなければならない面もある。通常監視では許可要件の施設基準の遵守状況の確認が優先的作業になる。今回の研究で、リスクランキングを小さくするためには、施設基準のようなハード面を中心とした通常の監視指導では不十分であることが明らかになった。そこで、施設で製造している各品目のHazard Analysis and Critical Control Point (HACCP)に基づいたハザード分析、その結果に基づくCCPまたはISO22000に規定されたOperational Pre-requisite Program (OPRP)に該当する工程の管理が適切に行われているかを監視する必要がある。すなわち、実際の工程における制御状況の目視確認またはモニタリング記録の確認をチェックするといった高度監視が必要であると考えられた。

本研究は厚生労働科学研究費補助金(食品の安全確保推進研究事業「食品衛生監視員による監視の高度化に関する研究」)の一部として行われた。

## 引用文献

- [1] Sumner J, Ross T: A simple, spreadsheet-based, food safety risk assessment tool, *Int J Food Microbiol*, 77, 39-53 (2002)
- [2] Sosa Mejia Z, Beumer RR, Zwietering MH: Risk evaluation and management to reaching a suggested FSO in a steam meal, *Food Microbiol*, 28, 631-638 (2011)
- [3] Suzuki H, Yamamoto S: *Campylobacter* contamination in retail poultry meats and by-products in the world: a literature survey, *J Vet Med Sci*, 71, 255-261 (2009)