



センター中庭の梅の花

かんぼ 環保センターだより

発行：岡山県環境保健センター

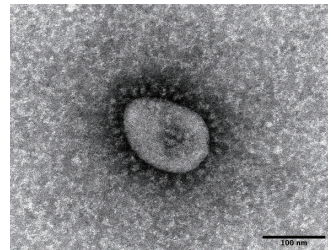
〒701-0298 岡山市南区内尾739-1
TEL:086-298-2682 FAX:086-298-2088
URL <https://www.pref.okayama.jp/site/712/>



目次	[巻頭]	新型コロナウイルスの流行の推移ー流行第1波～第8波を振り返ってー	1
	[環保研究レポート]	空間γ線線量率と積雪の関係について	2, 3
	[発信箱]	細菌による食中毒や感染症の感染源を調べる～MLVA法～	4

新型コロナウイルスの流行の推移ー流行第1波～第8波を振り返ってー

2019年12月に中国で初めて報告された新型コロナウイルス感染症は、2020年1月には日本でも初症例が発生しました。それから3年が経過し、2023年3月までに第1波から第8波までの流行が確認されており、2023年5月8日に5類感染症へ移行した後も、8～9月には全国的な流行が認められるなど、感染は収束していません。



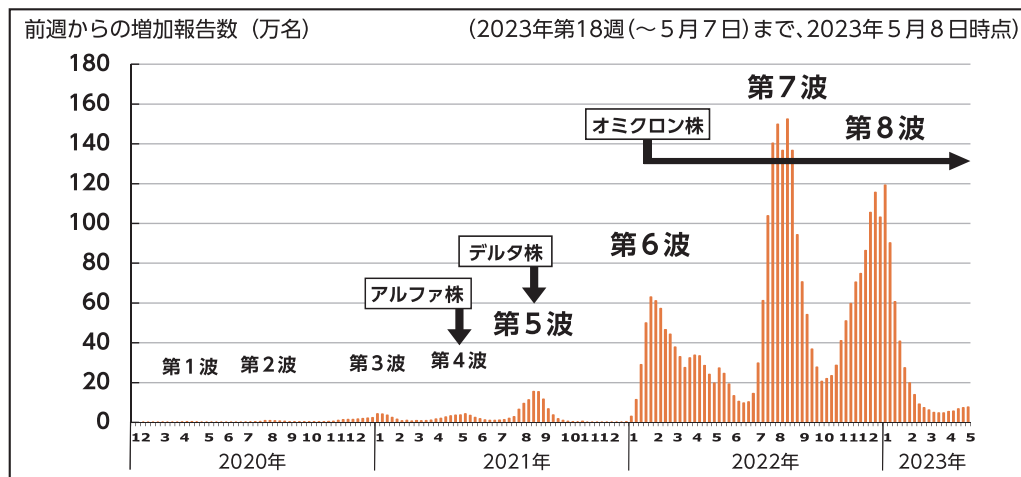
新型コロナウイルスの電子顕微鏡写真
出典：国立感染症研究所ホームページ

新型コロナウイルスは感染を繰り返す中で少しずつ変異していきます。これらのウイルスは変異株と呼ばれ、感染の広がりやすさや引き起こされる症状の程度が変わったり、ワクチンや薬が効きにくくなったりすることもあります。

これまでの国内の変異株の変遷を振り返ってみると、流行の第3波までは国内で変異を蓄積した株が主流でした。しかしながら、第4波以降は海外から持ち込まれたアルファ株（第4波）、デルタ株（第5波）及びオミクロン株（第6波～）の流行が急速に拡大し、現在もオミクロン株の中で様々な変異株への置き換わりが起っています。

当センターでは2021年6月から、県内感染者を対象に、変異株の流行を把握することを目的として、次世代シーケンサーを用いて新型コロナウイルスの全ゲノム解析を行っています。2023年以降の変異株の検出状況は、ホームページ上（<https://www.pref.okayama.jp/page/881841.html>）で随時公開しています。

(ウイルス科)



全国の新型コロナウイルス感染症届出数の推移（岡山県感染症情報センター公表資料より作成）

変異株の検出状況のHPはこちら



©岡山県「ももっち」

環境研究レポート 空間 γ 線線量率と積雪の関係について

1 はじめに

岡山県北部に位置する鏡野町上齋原地区にある人形峠周辺では、昭和30年に日本で初めてウラン鉱床の露頭が発見されたことから、現在の国立研究開発法人日本原子力研究開発機構人形峠環境技術センター（以下「人形峠センター」という。）が開設され、ウランの採鉱、製錬・転換、濃縮等の実用化技術の開発が行われてきました（図1）。現在では、人形峠センターはその役目を終え、濃縮ウラン製造後に残る滞留ウランの除去・回収や設備解体等の技術の開発を行いながら、施設の廃止措置が進められています。

岡山県では、昭和54年に鏡野町と国立研究開発法人日本原子力研究開発機構との三者間で環境保全協定を締結して以来、人形峠センター周辺における環境放射線等の監視測定を継続して行っています。



図1 人形峠センターの位置

監視測定は、人形峠センター周辺における異常の早期発見や、住民の放射線被ばく線量の推定、放射性物質の環境への蓄積傾向の把握等の調査を目的として、人形峠周辺に設置した観測局での連続測定と環境試料のサンプリング測定によって行っています。今回は監視測定における異常発見のためのデータ解析の一例について紹介します。

2 空間 γ 線の測定について

(1)空間 γ 線線量率

環境中の放射線（環境放射線）には、地面、大気から放出される放射線や宇宙から降り注ぐ放射線など自然由来のものも含まれており、この環境放射線の単位時間当たりの量を空間放射線線量率といいます。その中でも、代表的な放射線である γ 線については空間 γ 線線量率といいます。

空間 γ 線線量率は、3か所の観測局舎に設置しているモニタリングポストでリアルタイムに連続測定しています。また、サンプリング測定においても、積算線量計（RPLD）を用いて、年4回、それぞれ3か月程度の積算値を測定しています。

(2)RPLDによる測定について

RPLDは、素子（銀イオンを含有するリン酸ガラス）が受けた放射線量に比例して発光することを利用して空間 γ 線線量率を測定する装置です。この素子を内蔵したカートリッジを環境中に設置し、設置期間終了後に回収、測定を行っています（写真1）。

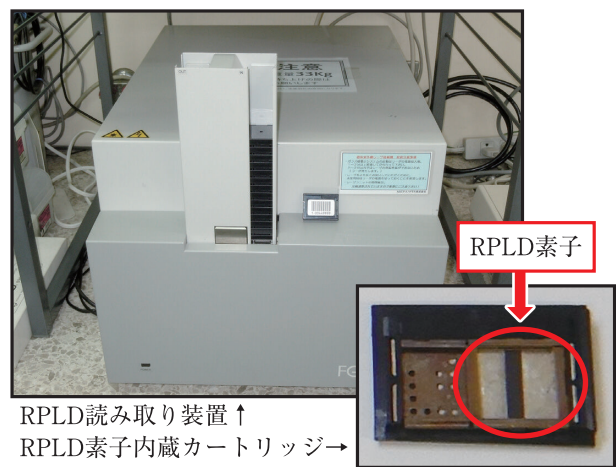


写真1 RPLD（素子と読み取り装置）

(3)第4四半期の測定について

人形峠センターがある鏡野町上齋原地区は豪雪地帯であり、冬には2mを超える積雪を記録することもあります（写真2）。そのような厳しい環境でも測定を行い、異常がないか確認しています。観測局舎のうち、赤和瀬局では積雪深の測定も行っています。



写真2 冬の観測局舎（赤和瀬局）

今回は、赤和瀬局における第4四半期（12月から3月までの間）のRPLDによる空間 γ 線線量率と積雪深のデータについて解析し、その関連性を確認しました。

3 空間γ線線量率と積雪深について

(1)各年度の測定結果について

図2はRPLDによる空間γ線線量率と積雪深について、平成30年度から令和4年度までの測定値を比較したグラフです。

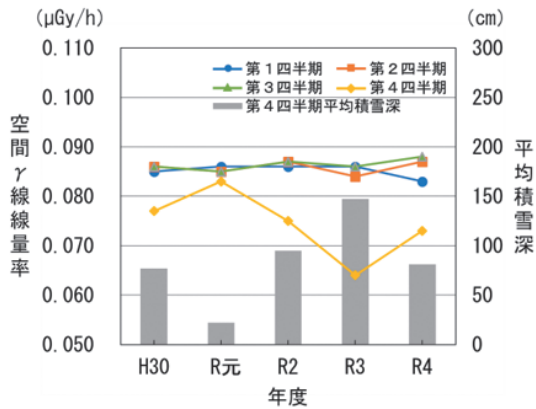


図2 空間γ線線量率と積雪深の比較

このグラフから、例年、第4四半期は第1～3四半期と比較して、空間γ線線量率が低くなる傾向にあることが分かります。一般的に、空間γ線線量率は、地面から放出される天然の放射線が積雪等により遮へいされると、値が低下することが知られています。第4四半期の設置期間の大半は雪に覆われており、積雪により遮へいされることで、空間γ線線量率が低下していると考えられます。

さらに各年度について詳しく見ていくと、令和元年度の第4四半期は、他の年度よりも値が高く、第1～3四半期と同程度の値となっていました。一方で、令和3年度の第4四半期は他の年度よりも一段と値が低くなっていました。また、積雪深はその逆で、令和元年度は低く、令和3年度は高くなっていました。

表1
冬期の設置期間中の
赤和瀬局の平均気温と
平均積雪深

年度	冬期平均 気温(℃)	冬期平均 積雪深(cm)
H30	0.0	77
R元	1.7	22
R2	-0.2	95
R3	-1.4	147
R4	-0.4	81

※ 各平均値は設置期間中の平均値

表1には各年度のRPLD設置期間の平均積雪深、平均気温を示しています。

令和元年度は全国的に記録的な暖冬となり、人形峠でもあまり雪が積もりませんでした。¹⁾ それに対して、令和3年度は、北日本

から西日本の日本海側を中心に大雪となり、人形峠でも、近年で最も積雪が多い年になりました。²⁾

これらのことから空間γ線線量率の値と積雪深に関連性があると分かります。

(2)空間γ線線量率と積雪深の相関

図3は、RPLDによる測定を始めた平成17年度以降について、第4四半期の空間γ線線量率と積雪深の関係を示したグラフです。このグラフから両者の相関を求めると、相関係数が-0.95(絶対値が1に近いほど関連性が強い。この場合は積雪が多いほど空間γ線線量率が低下する。)となり、非常に強い負の相関が確認できました。

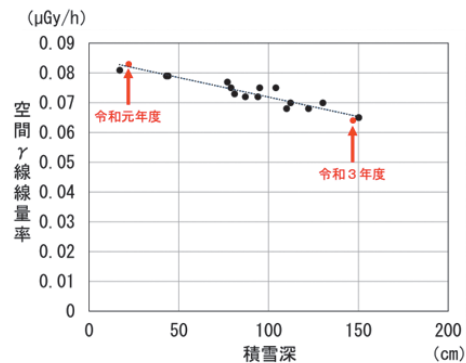


図3 空間γ線線量率と積雪深の比較

このことから、第4四半期の空間γ線線量率において、例年と比較して令和元年度に高く、令和3年度に低くなったのは、積雪深の違いによる遮へいの影響の差によるものであり、他の要因による異常値ではないことが分かりました。

4 まとめ

今回は、空間γ線線量率と積雪深のデータを解析し、2つのデータには非常に強い負の相関関係があり、環境変化に伴って数値が変動していることが分かりました。このように日々、蓄積したデータを解析し、異常の早期検知や特異値の原因分析などを行い、適切な監視測定を継続して行っています。岡山県「岡山県内の環境放射線等の状況」

(<https://www.pref.okayama.jp/page/332984.html>)

- 1) 令和2年報道発表資料「2020年冬の天候の特徴とその要因について」
- 2) 令和4年報道発表資料「令和4年冬の天候の特徴とその要因について」

(放射能科)



発信箱

細菌による食中毒や感染症の感染源を調べる～MLVA法～

食中毒や感染症の集団発生時に原因や感染経路を特定することは、被害の拡大防止に重要です。例えば、患者さんが食べた食品と患者さんからの検体（便など）から同じ種類の食中毒菌が見つかった場合、この食品は食中毒の原因ではないか？と考えられますが、これをより明確にするため、細菌をDNAレベルで調べることがあります。今回はその方法の一つであるMLVA法（Multilocus variable-number tandem-repeat analysis（反復配列多型解析）、マルチプレックスPCR法と高精度電気泳動などを組み合わせた方法です）についてご紹介します。

■MLVA法とは

細菌が持つDNA上には、同じ塩基配列が複数回繰り返す領域（反復配列領域）が複数存在します（図1）。

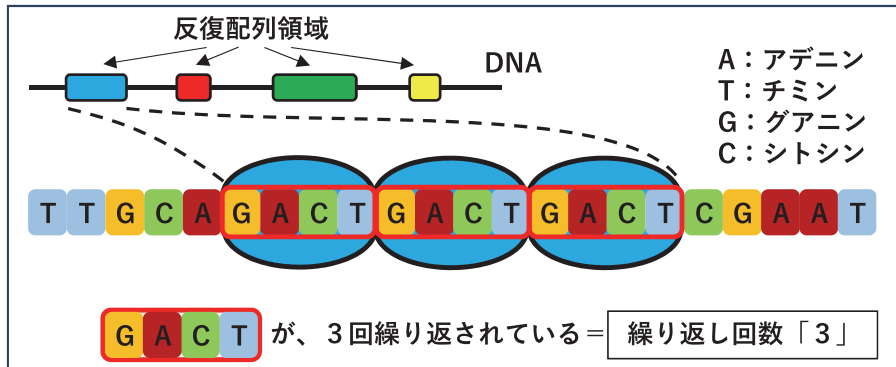


図1 DNA上に複数存在する反復配列領域と繰り返し回数

それぞれの反復配列領域内で同じ配列が繰り返される回数は、同じ種類の菌でも菌株によってそれぞれ異なります。そのため、この回数が同じ菌株同士は「DNAレベルで同じである」可能性があると考えられ、調べる反復配列領域の数を増やすことで、その確からしさが上昇します。MLVA法では、複数の反復配列領域内の繰り返し回数の組み合わせ（MLVAパターン）で菌株を型別します。

図2では、反復配列領域を4か所（A, B, C, D）とした大腸菌①～③のMLVAパターンを例として示しています。大腸菌①と③のMLVAパターンはともに「6-3-2-4」であるため、「大腸菌①と③は同一の菌である」という確からしさが高いといえます。他方、大腸菌②はMLVAパターン「4-6-4-2」となり、他の2株とはすべての領域で繰り返し回数が異なるため、「大腸菌②は、大腸菌①及び③とは異なる菌である」と考えることができます。

	大腸菌①				大腸菌②				大腸菌③			
反復配列領域	A	B	C	D	A	B	C	D	A	B	C	D
繰り返し回数	6	3	2	4	4	6	4	2	6	3	2	4
MLVAパターン	6-3-2-4				4-6-4-2				6-3-2-4			

図2 MLVA法による菌株の型別法（例：大腸菌）

■当センターでの取り組み

当センターでは、今回ご紹介したMLVA法を用い、医療機関から収集した腸管出血性大腸菌及び結核菌を解析し、県内の菌株の広がりを継続的に監視しています。また、これらの菌を原因とする食中毒や感染症の集団発生時には、保健所による感染源や感染経路の調査に協力するため、この方法による解析結果を提供しています。

（細菌科）