

福島医発第0221号(地)

平成26年 4月22日

各 医 師 会 長 殿

福 岡 県 医 師 会

会 長 松 田 峻一良

(公 印 省 略)

「病原微生物検出情報(2014年3月号)」の送付について

標記の件につきまして、日本医師会感染症危機管理対策室より、別紙のとおり情報提供がありましたのでお知らせいたします。

また、本病原微生物検出情報は、下記の国立感染症研究所のホームページに掲載されておりますので、ご参照ください。

記

国立感染症研究所ホームページ

URL : <http://www.nih.go.jp/niid/ja/iasr.html>

小郡三井医師会より

感染症対策担当理事 白石恒明
会長 蒲池 壽

(地Ⅲ9)
平成26年4月8日

都道府県医師会
感染症危機管理担当理事 殿

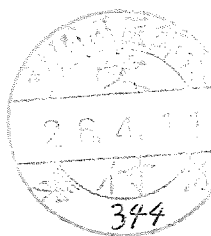
日本医師会感染症危機管理対策室長
小森 貴

「病原微生物検出情報」の送付について

時下益々ご清栄のこととお慶び申し上げます。

さて、「病原微生物検出情報」の2014年3月号〈特集：ロタウイルス 2010～2013年〉をお送りいたしますので、ご査収の程よろしくお願い申し上げます。

なお、本病原微生物検出情報は、国立感染症研究所のホームページ (<http://www.nih.go.jp/niid/ja/iasr.html>) に掲載しておりますので、管下郡市区医師会等に対する周知方ご高配下さいますよう、お願い申し上げます。



病原微生物検出情報

月報

Infectious Agents Surveillance Report (IASR)

http://www.nih.go.jp/niid/ja/iasr.html

Vol.35 No. 3 (No.409)

2014年3月発行

国立感染症研究所
厚生労働省健康局
結核感染症課

事務局 感染研感染症疫学センター

〒162-8640 新宿区戸山1-23-1

Tel 03(5285)1111 Fax 03(5285)1177

E-mail iasr-c@nih.go.jp

(禁、無断転載)

ロタウイルスの概要3, 全遺伝子配列に基づくヒトロタウイルスの遺伝子型別とその世界的な動向4, ロタウイルス感染症集団発生状況と流行株の特徴: 大阪市5, A群ロタウイルス検出状況: 岡山県6, 感染症サーベイランスにおけるロタウイルス検出状況: 新潟県8, ロタウイルス胃腸炎サーベイランス9, ロタウイルスワクチンの導入とその影響の評価11, 国内におけるロタウイルスワクチン導入前の腸重積発生頻度12, SFTSウイルスの国内分布調査結果(第二報)13, 山形県で検出された抗インフルエンザ薬耐性A(H1N1)pdm09ウイルス14, A(H1N1)pdm09ウイルスによる生来健康小児の急性インフルエンザ脳症死亡例: 長野県16, 増加しつつある梅毒: 感染症発生動向調査からみた動向17, 稀な血清型 Agbeni が同定された3件のサルモネラ感染事例の解析: 秋田県18, チフス菌・パラチフスA菌のファージ型別成績19, 日本のHIV感染者・AIDS患者の状況20

本誌に掲載された統計資料は、1)「感染症の予防及び感染症の患者に対する医療に関する法律」に基づく感染症発生動向調査によって報告された、患者発生および病原体検出に関するデータ、2) 感染症に関する前記以外のデータに由来する。データは次の諸機関の協力により提供された: 保健所、地方衛生研究所、厚生労働省食品安全部、検疫所。

<特集> ロタウイルス 2010~2013年

ロタウイルスはレオウイルス科に属する11分節の2本鎖RNAウイルスである。内殻蛋白の抗原性に基づいてA~G群に分類され、ヒトからはA~C群が検出される。ロタウイルスは乳幼児におけるウイルス性急性胃腸炎の主要な原因であり、ほとんどのヒトは5歳までに一度は感染すると考えられている(本号3ページ)。ロタウイルスは糞口感染により伝播し、1~4日の潜伏期を経て、下痢、嘔吐、発熱などの症状を引き起こす。特異的な治療法はなく、点滴や経口補液などの対症療法を行う。通常1週間程度で回復するが、他のウイルス性胃腸炎に比べると重度の脱水症状を呈することが多い。頻度の高い合併症として痙攣があり、痙攣が長時間続く場合は予後不良となり後遺症の危険性も高まる。他にも腎不全や肝機能障害などの合併症を認めることがあり、脳炎・脳症も稀にみられる。医療が充実した先進国ではロタウイルス感染症による死

亡は稀だが、発展途上国では小児死亡の主要原因の一つであり、現在でも年間約45万人の子供が亡くなっているとされる(Lancet Infect Dis 12: 136-141, 2012)。

感染性胃腸炎患者発生状況: ロタウイルス胃腸炎は、感染症法に基づく感染症発生動向調査において、全国約3,000の小児科定点から5類感染症として報告される「感染性胃腸炎」(<http://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/kekkaku-kansenshou11/01-05-18.html>)の中に、他の病原体による胃腸炎とともに含まれる。また、法施行規則改正により、2013年10月14日から「感染性胃腸炎(病原体がロタウイルスであるものに限る。)」として、全国約500の基幹定点医療機関からロタウイルス単独で届出がなされることとなった(2013年9月30日健感発0930第1号、届出基準は<http://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/kekkaku-kansenshou11/01-05-39.html>)。この措置によりロタウイルス胃腸炎(特に重症者)の実態把握がより容易になると思われる。

感染性胃腸炎の患者報告は、毎年11~12月にかけて急増し、2~5月にかけてなだらかなピークがみられ、それ以降減少している(図1)。ロタウイルス検出のピークは2~5月のピークと重なり、11~12月のピークはノロウイルス検出(<https://nesid3g.mhlw.go.jp/Byogentai/Pdf/data11j.pdf>)のピークに重なる。

ロタウイルス検出状況: 地方衛生研究所(地衛研)が病原体定点(小児科定点のうちの約10%)の胃腸炎患者から採取された便材料や集団発生例の調査などで採取された検体の病原体検査を行っている。2010~2013年の4年間に、60地衛研がA群を、8地衛研がC群を報告した。ロタウイルス検出報告数は2005/06~2009/10シーズンは700~800例前後であったが、2010/11シーズンに増加した(表1、次ページ図2)。A群がそのほとんどを占め、C群の報告

図1. 週別感染性胃腸炎患者報告数と検体採取月別群別ロタウイルス検出状況、2004年9月~2013年12月

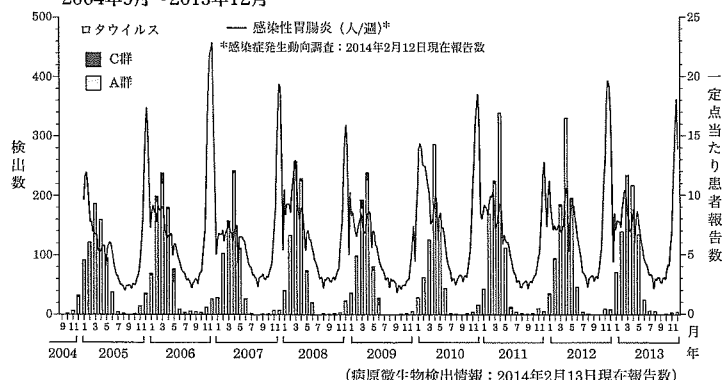


表1. 検体採取シーズン別ロタウイルス検出状況、2005/06~2013/14シーズン

群・遺伝子型	検体採取シーズン*									
	2005/06	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	2012/13	2013/14	
群不明	4	1	1	-	6	7	-	2	-	
A群	774	709	764	661	718	923	891	846	17	
遺伝子型不明	550	496	561	458	485	487	447	494	14	
G1	107	68	30	57	83	104	243	302	-	
G2	2	52	2	4	5	23	22	29	-	
G3	35	54	52	138	138	292	132	10	2	
G4	-	-	-	-	-	2	-	-	-	
G8	1	-	-	-	-	-	-	-	-	
G9	79	39	119	4	7	15	46	11	1	
G12	-	-	-	-	-	-	1	-	-	
C群	57	5	7	44	1	6	19	1	-	
合計	835	715	772	705	725	936	910	849	17	

*9月~翌年8月

(病原微生物検出情報: 2014年2月13日現在報告数)

(特集つづき)

図2. A群ロタウイルス遺伝子型別検出状況, 2005/06~2012/13シーズン

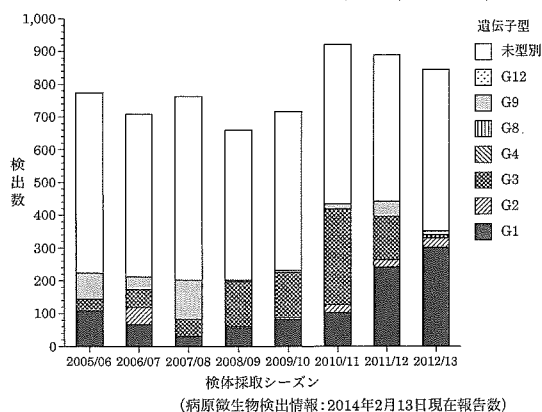
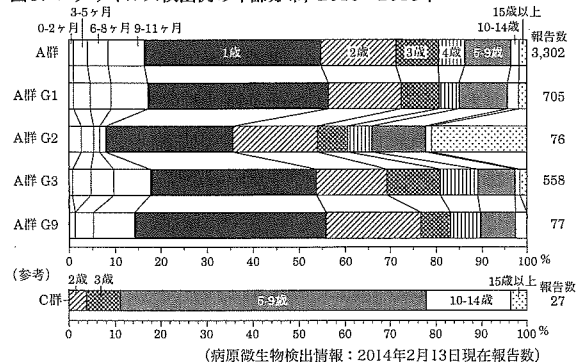


図3. ロタウイルス検出例の年齢分布, 2010~2013年



は少ない (2010/12シーズン以降は0.1~2.2%)。日本ではB群の報告はまだない。

A群ロタウイルス遺伝子型別: A群ロタウイルスは、ウイルス粒子の最外層を構成している2種類の中和抗原蛋白VP7およびVP4の遺伝子配列より、血清型を反映するG型とP型の型別がなされる。ヒトから検出されるロタウイルスの大部分は、G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8], G9P[8]の5種類である (本号4ページ)。わが国においては、現在、一部の地衛研でG型別検査を行い、報告している (本号5~8ページ)。

2010~2013年にA群ロタウイルスが検出された3,302例の年齢分布は、1歳 (38%), 0歳 (16%), 2歳 (16%)の順に多く、0~2歳で全体の7割を占める (年齢不詳を除く) (図3)。0歳児では月齢6カ月以上が多かった。この傾向はG1, G3, G9それぞれの遺伝子型に限った場合でも同様の傾向であった。G2型検出例は少ないが、1歳 (28%) に次いで15歳以上の割合が多く (21%), 他の型とはやや異なる分布を示した。一方、C群が検出された27例では、5~9歳が最も多く (18例), 次いで10~14歳 (5例) であった。

合併症例: 2010~2013年にロタウイルスが検出された症例のうち、脳炎・脳症22例、髄膜炎4例などの重症例の報告があった。腸重積症からのA群ロタウイルス検出も4例あった。

集団発生: ロタウイルス感染症の集団発生の場所の多くは保育所や幼稚園であるが、小学校、中学校、老人ホーム、福祉施設などでも集団発生がみられる (IASR

表2. ロタウイルスによる集団発生事例*, 2010~2013年

推定感染場所	発生時期 (年)				合計
	2010	2011	2012	2013	
保育所	16	12	24	7	59
小学校	1	6	9 (1)	3 (1)	19 (2)
福祉施設	1	4	-	-	5
幼稚園	-	1	4	-	5
老人施設	1	1	1	1	4
飲食店	-	-	2 **	-	2
中学校	-	-	2	-	2
高校	-	-	1	-	1
宿舍	-	-	1	-	1
その他/不明	2	2 (1)	4	2	10 (1)
合計	21	26 (1)	48 (1)	13 (1)	108 (3)

*地方衛生研究所からの「集団発生病原体票」による

**食品媒介の食中毒2事例

()はC群ロタウイルスによる事例 (再掲)

(病原微生物検出情報: 2014年2月13日現在報告数)

33: 13~14, 2012 & 33: 197~198, 2012 & 33: 271, 2012 & 34: 69~70, 2013 & 34: 264~265, 2013) (表2)。集団発生病原体票により地衛研から報告された2010~2013年のロタウイルスによる胃腸炎集団発生は、A群105事例、C群3事例であった (表2)。ほとんどの推定伝播経路は、ヒト-ヒト感染とされ、食品を介する食中毒事例はA群による2012年の2事例のみであった。また、5事例 (A群4事例、C群1事例) は、患者数50人以上の集団発生 (2011年4~5月2事例、2012年3~4月3事例) であった。

予防: ロタウイルスは感染力が非常に強く、ウイルス粒子10~100個で感染が成立すると考えられている。感染者の下痢便1g中には 10^{10} ~ 10^{11} 個ものウイルスが含まれ、衛生状態が改善されている先進国でもロタウイルスの感染予防はきわめて難しい。現在、単価 (G1P[8]) と5価 (G1, G2, G3, G4, P[8]) の2種類の経口弱毒生ロタウイルスワクチンがあり、重症化・合併症予防を目的として130カ国以上で導入され、既に53カ国で定期接種化されている (本号9ページ)。わが国でも、それぞれ2011年11月と2012年7月から任意接種が可能となっており、接種率は2012年7月時点で約35%, 2013年4月時点で約45%と推定されている (本号10ページ)。

今後の課題: わが国においてもロタウイルスワクチンの定期接種化に向けた検討が進んでいる。海外における複数の研究結果から、重症のロタウイルス下痢症に対する予防効果は、経済的に豊かな国においては約90%とされている (予防接種・ワクチン分科会予防接種基本方針部会, ロタウイルスワクチン作業班中間報告書, 2013年11月18日)。国内においてワクチンを導入した際の有効性や安全性を評価することが今後の主な課題であり、1) ワクチン導入前後のロタウイルス感染症の発生動向 (特に重症例) の変化の把握, 2) 安全性に関して、日本に先だってワクチンを導入している国々から腸重積症の若干の発生頻度の上昇が指摘されているため、ワクチン導入前後の腸重積症の推移の注意深いモニタリング (本号12ページ), 3) ワクチンの選択圧による野生株のウイルス学的な変化について監視するための、国立感染症研究所と地衛研・大学等によるロタウイルスサーベイランス体制の整備検討, 等が必要である。

＜特集関連情報＞

ロタウイルスの概要

ロタウイルスは、主に乳幼児に急性胃腸炎を引き起こす代表的なウイルスであり、先進国・発展途上国を問わず世界中に広く分布している。わが国においても、ロタウイルス胃腸炎による年間の患者数は約80万人、入院者数は約7～8万人に及ぶと推計されており、毎年数名の死亡者が報告されている。ロタウイルスは感染力が非常に強く、衛生環境の整った先進国であっても、概ね5歳までにはほぼ100%のヒトがロタウイルスに一度は感染すると考えられている。

わが国におけるロタウイルス流行のピークは2～5月にかけてみられ、ノロウイルス流行のピーク（12月～翌年2月）より少し遅れて現れる傾向がある。感染経路は糞口感染であり、1～4日の潜伏期間を経て下痢・嘔吐・発熱などの症状が現れる。適切な治療を受ければ1週間程度で回復するが、治療を受けないまま下痢や嘔吐で水分が失われ続けると重度の脱水症となり、痙攣やショックを引き起こす。また、腎炎・腎不全・心筋炎・脳炎・脳症・HUS（溶血性尿毒症症候群）・DIC（播種性血管内凝固症候群）・腸重積などの重篤な合併症を併発することもある。ロタウイルスは一度の感染では終生免疫が得られず、複数回発症することもある。感染を繰り返すたびに軽症化する傾向があり、大人ではあまり発症しなくなるが、近年は成人の間でもロタウイルスによる集団感染事例や食中毒事例がしばしば報告されている。

ロタウイルス遺伝子

ロタウイルスはレオウイルス科 (*Reoviridae*) に分類されるエンベロープを持たないウイルスである。ウイルス粒子は外殻、内殻、コアタンパクからなる三重構造を持ち、その内部に11分節からなる2本鎖RNAのゲノムを有している（図1）。この11本の遺伝子分節には6種の構造タンパク（VP）と6種の非構造タンパク（NSP）がコードされている。ロタウイルスは内殻を構成しているVP6の抗原性に基づいてA～G群に分類されているが、ヒトの間で流行を引き起こす

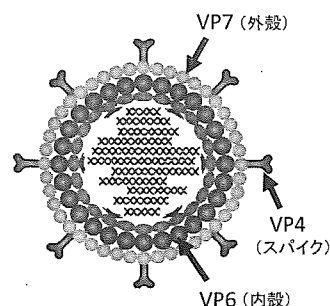


図1. ロタウイルス粒子の模式図

のは大部分がA群である。C群も少ないながら流行しており、わが国でも時折集団感染例が報告されている。A群ロタウイルスの各タンパク質の機能はある程度解析されており、それぞれの機能に由来した遺伝子型の命名法が確立されている（表）。A群ロタウイルスの疫学調査では、従来から中和抗原を有するVP7（G type）とVP4（P type）の遺伝子型調査が行われており、ヒトから検出されるウイルスの約90%はG1P[8]、G2P[4]、G3P[8]、G4P[8]、G9P[8]の5種類で占められていることが分かっている。しかし、異なる型のウイルスに重複感染することにより、それぞれの遺伝子分節が組み換えられ、新しい遺伝子型構成を持つウイルス（遺伝子再集合体、リアソータント）が出現することがあり、非常に多彩な進化を遂げる可能性を秘めている。従って、VP7とVP4の遺伝子型を調べただけではそのウイルス株の性質を正確に把握することができない。そこで2008年にロタウイルス分類ワーキンググループ（RCWG）により、11本の全遺伝子分節の塩基配列に基づく遺伝子型別法が提唱された。この型別法ではVP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5の順に、各遺伝子型をGx-P[x]-Ix-Rx-Cx-Mx-Ax-Nx-Tx-Ex-Hx（xは型別番号）のように羅列表記する。近年、この遺伝子型別法に基づいた全塩基配列解析による分子疫学研究が盛んに行われるようになり、ロタウイルスの地域伝播やヒト-動物間などの種間伝播、リアソータントの形成様式といった、ロタウイルスの生態に関する知見が数多く蓄積され始めている。

表. ロタウイルス遺伝子と各タンパクの機能

ウイルス遺伝子	遺伝子型	型名の由来	機能
VP7	G	Glycosylated	外殻タンパク, 糖タンパク
VP4	P	Protease-sensitive	ヘマグルチニン・スパイク, プロテアーゼ感受性
VP6	I	Inner capsid	内殻タンパク
VP1	R	RNA-dependent RNA polymerase	RNA依存性RNAポリメラーゼ
VP2	C	Core protein	コアタンパク
VP3	M	Methyltransferase	メチルトランスフェラーゼ
NSP1	A	Antagonist to interferon	インターフェロンアンタゴニスト
NSP2	N	NTPase	NTPase, viroplasm形成
NSP3	T	Translation enhancer	ウイルスmRNAの翻訳
NSP4	E	Enterotoxin	エンテロトキシン
NSP5	H	PHosphoprotein	リン酸化タンパク, viroplasm形成

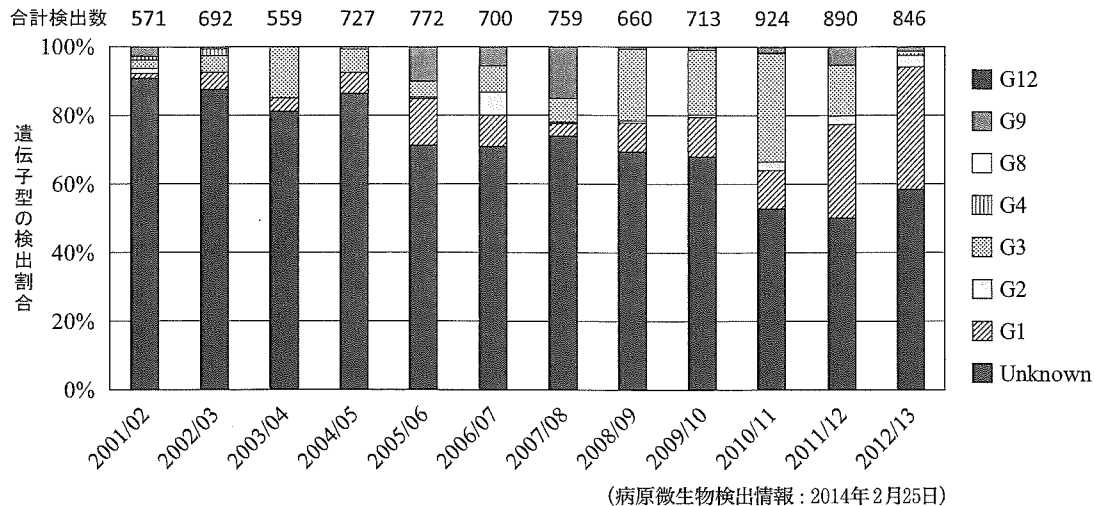


図2. A群ロタウイルスの検出状況(地衛研からの報告)

ロタウイルスワクチン

近年、わが国においてもロタウイルスワクチンが認可され、任意接種が可能となった。ワクチンにはロタリックス (GSK, 2011年11月発売) と、ロタテック (MSD, 2012年7月発売) の2種類があり、いずれも経口生ワクチンであるが、その組成は大きく異なっている。ロタリックスは弱毒生ヒトロタウイルス (G1 P[8]) を使用した単価のワクチンであり、一方のロタテックはウシロタウイルスをベースにしてヒトロタウイルスのVP7 (G1~4) およびVP4 (P[8]) の遺伝子を組み換えた5種のリアソータントを混合した5価ワクチンである。どちらも世界で主に流行している株 (上述の5種類) に対しては、ほぼ同等の防御効果があるとされている。

ロタウイルスの疫学調査

これまでわが国ではロタウイルスの分子疫学調査は断片的にしか行われてこなかったため、データの蓄積が乏しい。全国の地方衛生研究所 (地衛研) と検疫所からの病原体検出報告によれば、ロタウイルスは年間700~900件前後の報告があるが、その中でVP7の遺伝子型別検査が行われているのは40%前後であり、報告している都道府県の偏りが大きい。全国的な流行を正確に反映しているとは言い難い状況である (図2)。その限られたデータを見る限りでは、わが国に流行している遺伝子型は諸外国と同様にG1, G2, G3, G9が大部分を占めており、その割合はシーズンによって少しずつ変化している。また、2013年10月からロタウイルス胃腸炎が基幹定点の届出対象になったため、これによって、わが国におけるロタウイルスの流行状況を把握し、ロタウイルスワクチンの効果が評価可能になることが期待される。ただし、この調査には遺伝子型の報告は含まれていないため、野外流行株の変化を監視するためには、より詳細な分子疫学調査が必要である。

わが国においてワクチン接種が開始された直後である2012年以降、厚生労働省のロタウイルス研究班によ

る分子疫学調査や、地衛研における検査結果から、これまでに報告されたことの無い遺伝子型構成 (G1-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2) を持ったロタウイルスが、全国的に流行していることが明らかとなった。この新しいリアソータントが発生した要因や、感染が拡大した過程については未だ不明であるが、今後も主要流行株の1つとして残り続ける可能性があり、長期的な監視が必要である。また、このリアソータントは従来の検出・検査法 (イムノクロマト法やELISA法, multiplex-PCR法など) では区別できないため、VP7, VP4以外の遺伝子型を同時に検査する必要がある。ロタウイルスの疫学調査が一筋縄ではいかないことを示している。

国立感染症研究所ウイルス第二部
藤井克樹 片山和彦

<特集関連情報>

全遺伝子配列に基づくヒトロタウイルスの遺伝子型別とその世界的な動向

ロタウイルスはレオウイルス科の一員であり、11本の分節化した2本鎖RNAをゲノムとして有する。A群ロタウイルス (RVA) では、ウイルス粒子の最外層を構成する2種の中和抗原蛋白VP7, VP4の遺伝子配列により遺伝子型 (各々G型, P型) が区別される。これらは以前用いられていた血清型に概ね対応するものであり、RT-PCRによる型別が可能であることから、ロタウイルスの疫学的研究では通常よく調べられている。ヒトではG1-G4, G9, P[4], P[6], P[8] が普遍的に多く、それぞれの動物種においても高頻度の遺伝子型が知られる。

2008年, Rotavirus Classification Working Group (RCWG) はロタウイルスの全11遺伝子分節の配列 (全ゲノム) に基づく遺伝子型別のスキームを提唱した¹⁾。その背景には、全遺伝子配列が決定されたウイ

ルス株の数が増えてきたこと、従来の分子疫学ではVP7, VP4 遺伝子以外の遺伝子分節に関する情報が欠如していたこと、ロタウイルスワクチンの普及に伴い野外株の性状を正確・詳細に解析することが必要となったことなどがある。この型別は、ロタウイルス蛋白 VP7-VP4-VP6-VP1-VP2-VP3-NSP1-NSP2-NSP3-NSP4-NSP5 の各遺伝子に各々G-P-I-R-C-M-A-N-T-E-H 遺伝子型を対応させ、型別番号とともに表記するものである。各遺伝子分節の型別を行うには、そのORF 部分の配列を決定し、それを米国NCBI (国立生物工学情報センター) のサイトで利用可能なBLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>) を用いて、既知の類似配列を検索する。それが当該RNA 分節の遺伝子型のカットオフ値を超える一致率 (通常カットオフ値の少なくとも2%以上) を示した場合、その既知配列の遺伝子型と同じ型と判定する。これにはウェブツールであるRotaC^{2.0} (<http://rotac.regatools.be/>) を利用することもできる。部分配列を用いる場合でも、ORF の少なくとも50%以上または500塩基以上の配列を決めることが必要である。新規の型と思われる配列または明確に型判定ができない配列をみつけた場合は、その配列をRCWGのメンバーへ送付すると精査を受けたのち判定された遺伝子型番号が通知される。

多くのヒトロタウイルスはWa 遺伝子群、DS-1 遺伝子群 (Wa, DS-1 はプロトタイプ株の名称) に属し、それらの全遺伝子分節の遺伝子型の組み合わせ (遺伝子配座) は、各々G1/3/4-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1, G2-P[4]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2と表記される。そのほかにヒトロタウイルスでは、比較的稀なAU-1 遺伝子群 (G3-P[9]-I3-R3-C3-M3-A3-N3-T3-E3-H3/6) がある。野外株の中にはこれら3つの遺伝子群の間で形成された遺伝子再集合体 (リアソータント) がみつかることがあるが、その場合7つ以上の遺伝子分節が属している遺伝子群を、その株の遺伝子群とする。以上述べたような遺伝子型別 (全遺伝子分節) に加え、各遺伝子分節の系統解析を行うことにより、ロタウイルス株の遺伝学的位置づけ (動物ロタウイルスとの関連や地域間の異同) を明確にすることができる。

全遺伝子配列に基づく遺伝子型別が用いられる研究には主に2つある。それらは稀に検出される非定型的ヒトロタウイルス (ヒトでは稀なG/P型、またはG/P型の稀な組合せ等) の解析と、ある地域に優勢なロタウイルス株の長期間にわたる分子進化の解析である。非定型的ヒトロタウイルスについては多数の論文が発表されており、それらはヒトへ伝播した動物ロタウイルス、動物とヒトのロタウイルス間のリアソータント、あるいは異なる遺伝子群間のリアソータントなどであることが分かっている。長期間 (5年以上) にわたる分子進化については、今のところ米国 (ワシントンDC,

ナッシュビル) と中国 (武漢) での研究²⁻⁴⁾ しかなく、今後世界各地からの報告が待たれる。その他縦断的な調査においても、代表的な株について全遺伝子解析が行われる場合があり、通常のコモンなG/P型の株でもVP7/VP4 遺伝子以外の遺伝子分節の解析により、遺伝子群間のリアソータントであることが判明した例も少なくない。最近、このような全ゲノム解析に基づく分子疫学的研究が増えつつあり、ロタウイルスの分子進化の様態が包括的に理解できるようになってきた。

最近の世界的なG/P型の分布状況は、前回のレビュー時⁵⁾ と比べ顕著な変化はなく、主要な型は5つ (G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8], G9P[8]) であり、中でもG1P[8]が主体である⁶⁾。ただし地域によってはG12が優勢なところもある。従来から南アジア地域ではG2P[4]、中国を含む東アジアではG3P[8]の割合が高かったが、近年それらの減少傾向とG1またはG9増加の兆しが見え始める。最近の傾向として注目されるのは、アフリカに多いG8が低頻度ながら世界中で検出の報告がみられるようになったことである。同様に主に南米でみられるG5や、偶蹄類に多いG6ロタウイルスなどの報告も世界的に散見されるようになり、また、ヒトでは稀なG10やG14が各々豪州と米国で同定されている⁷⁾。世界的なロタウイルスワクチンの導入に伴って、非定型的な遺伝子型が増加するとの推測もあり、主要な遺伝子型に加え、非定型的または稀な型の動向についても今後監視を強めていく必要があると考えられる。

参考文献

- 1) Arch Virol 153: 1621-1629, 2008
- 2) PLoS Pathog 5: e1000634, 2009
- 3) J Virol 86: 9148-9162, 2012
- 4) PLoS ONE, 2014 (in press)
- 5) IASR 32: 64-66, 2011
- 6) Wkly Epidemiol Rec 88: 217-223, 2013
- 7) Emerg Infect Dis 19: 1321-1323, 2013

札幌医科大学医学部衛生学 小林宣道

<特集関連情報>

大阪市におけるロタウイルス感染症集団事例発生状況と流行株の特徴 (2009~2013年)

主に小児の感染性胃腸炎患者検体から検出されるA群ロタウイルス (RVA) は11本の分節ゲノムを有し、その遺伝子型の組み合わせはGx-P[x]-Ix-Rx-Cx-Mx-Ax-Nx-Tx-Ex-Hx (xは数字) と表記される¹⁾。この中で、最初の三つはRVAの中和抗原を包含する外殻蛋白質VP7 (G型) およびVP4 (P型)、そして内殻蛋白質であるVP6 (I型) である。一般的には、遺伝子型をG型とP型の組み合わせ (GxP[x]) のみで簡便に示すことが多く、遺伝子型別もそれに合わせて行っている

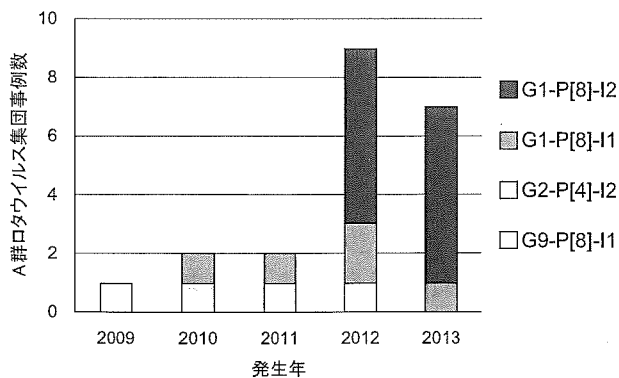


図. 大阪市のA群ロタウイルス集団事例における遺伝子型(2009～2013年)

が、本稿ではさらにI型を加え、2009～2013年の5年間に大阪市内で発生したRVA胃腸炎集団事例から検出されたG-P-I遺伝子型について報告する。

大阪市内では、施設から感染症の発生が報告された場合に、感染拡大防止および病原体特定のために保健所の調査が行われる。上述の期間に発生したヒト-ヒト感染が疑われる小児の感染性胃腸炎集団事例のうち、当研究所で実施したELISA (ロタクロン, TFB社) でRVA陽性となったRVA集団事例は2009年に1事例、2010年に2事例、2011年に2事例、2012年に9事例、2013年に7事例の計21事例であった。これらのうち、小学校における事例は2010年12月の1事例のみで、残りは保育所あるいは幼稚園において3～5月に発生した事例であった。ELISA陽性の全検体について、RVAのVP7, VP4ならびにVP6遺伝子をRT-PCR法にて増幅し²⁾、ダイレクトシークエンス後、RotaC³⁾を用いてG-P-I型を決定した。その結果、5年間の合計としてG1-P[8]-I1が5事例、G1-P[8]-I2が12事例、G2-P[4]-I2が1事例、G9-P[8]-I1が3事例から検出された。興味深いことに、2009～2011年に年間1もしくは2事例だったRVA事例数が2012年以降増加した際に、その6割以上を占めたのがG1-P[8]-I2であった(図)。検出されたすべてのG1-P[8]-I2株の塩基配列は、いずれも高い一致率(>99%)を示したため、互いに近縁であると考えられる。また、BLAST検索の結果、G1-P[8]-I2が検出された2012年以前の登録株の中では、VP7およびVP4遺伝子はともにRVA/Human-wt/USA/2007719635/2007/G1P[8] (以後、2007719635株) と最も高い一致率を示した (VP7, 99.6%; VP4, 99.4%)。

次に、G1-P[8]-I2が検出された12事例のうち6事例の株について11分節すべての遺伝子型を決定したところ、それらはすべてG1-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2を有していた⁴⁾。RVAのプロトタイプとしてWa株 (G1-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1) とDS-1株 (G2-P[4]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2) があるが、G1-P[8]-I2株はI2以下9分節がDS-1株様の遺伝子構成をもつ非典型的なG1P[8]であるため、DS-1様G1P[8]であるといえる。葛谷らは、岡山県における

2011/12シーズンに検出されたRVAの5分節を解析し、7割以上がDS-1様G1P[8] (G1-P[8]-I2-E2-H2) であったと報告している⁵⁾。岡山県ならびに大阪市内で検出されたDS-1様G1P[8]の各遺伝子の一致率はVP7遺伝子で99.8～100%, VP4遺伝子で99.9～100%, VP6遺伝子で99.8～100%, NSP4 (E型) 遺伝子で98.8～99.7%, NSP5 (H型) 遺伝子で99.7～100%と非常に高かった⁴⁾。

また、2013年に沖縄県石垣島で検出されたRVAのVP7およびVP4遺伝子は、ともに前出の2007719635株に最も高い一致率を示すG1P[8]であったとの報告があり⁶⁾、近縁株が日本で広範に流行していたことが示唆される。この石垣島のRVA株のG型およびP型以外の遺伝子型については不明であるが、DS-1様G1P[8]であった可能性は高いと考えられる。

大阪市内では、DS-1様G1P[8]は過去2年間にわたって検出された。2014年の集団事例はG2P[4]に始まり、DS-1様G1P[8]はまだ検出されていない。現在のところ、日本以外の国でDS-1様G1P[8]が流行しているとの報告はないが、今後の動向を注視したい。

本事例に関して疫学調査等の情報収集にご協力いただいた関係保健福祉センター各位に深謝いたします。

参考文献

- 1) Matthijnssens J, *et al.*, Arch Virol 156: 1397-1413, 2011
- 2) Fujii Y, *et al.*, Microbiol Immunol 56: 630-638, 2012
- 3) RotaC^{2.0} automated genotyping tool for Group A rotaviruses (<http://rotac.regatools.be/>)
- 4) Yamamoto SP, *et al.*, Emerg Infect Dis, 2014 (in press)
- 5) Kuzuya M, *et al.*, J Med Virol, 2013 Sep 16. doi: 10.1002/jmv.23746 (Epub ahead of print)
- 6) 仁平 稔, 他, IASR 34: 264-265, 2013

大阪市立環境科学研究所

山元誠司 入谷展弘 改田 厚 久保英幸
長谷 篤

大阪市保健所

藤森良子 森 宏美 伯井紀隆 辻本光広
半羽宏之

<特集関連情報>

岡山県におけるA群ロタウイルスの検出状況 (2010/11～2012/13シーズン)

我々は、岡山県におけるA群ロタウイルス (RVA) 流行状況を把握するため、(独)国立病院機構岡山医療センター小児科の協力を得て、胃腸炎患者におけるRVA検出状況および検出ウイルスのVP7遺伝子型 (G型) 分布状況について継続的な調査を実施してお

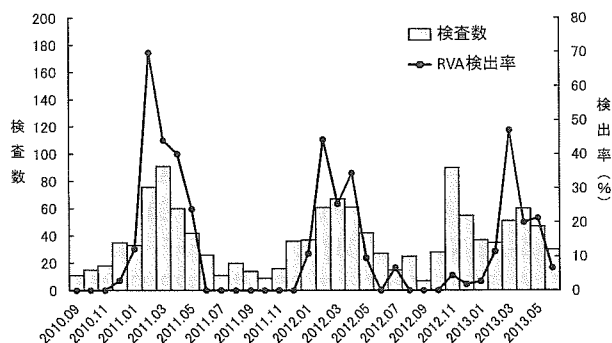


図. 岡山県におけるA群ロタウイルスの検査状況

り、2000～2010年の10シーズンについては本誌既報^{1,2)}である。今回はRVAワクチンの国内導入前後の時期にあたる2010～2013年の3シーズンの状況について報告する。

2010年9月～2013年6月までの3シーズン（9月～翌年8月を1シーズンとする。2012/13シーズンは6月まで）のウイルス性胃腸炎を疑う患者糞便1,288件（2010/11:438件, 2011/12:410件, 2012/13:440件）を対象とし、RVA検出市販キット（ELISA法またはイムノクロマト法）による検査を実施するとともに、陽性例についてGouveaらの逆転写PCR（RT-PCR）法³⁾またはシーケンシングによりG型を同定した。

検査の結果、262検体（20.3%）からRVAが検出された。シーズン別検出率は2010/11が30.1%, 2011/12が18.5%, 2012/13が12.6%と低下傾向がみられ、シーズン別検出率に大きな変動がみられなかった前報²⁾とは異なる結果であった。図に検査数およびRVA検出率の経時的推移を示す。RVAの検出率のピークは、前報よりやや早く1～3月、ピーク時の値は前報²⁾同様44.3～69.7%と高率であったが、2010/11シーズンに比べて2011/12, 2012/13両シーズンは、やや低い傾向であった。また、2011/12, 2012/13両シーズンは、少数ながら夏季（6, 7月）にRVAが検出された（図）。

次に、RVA陽性262件のG型別結果を示す。3シーズンを通してのG型別割合はG3型65.7%, G1型30.5%, G9型2.3%, G2型1.1%で、その他にG1 & G3の混合感染例が1例認められた（表）。シーズン別では、2010/11, 2011/12シーズンは2008/09, 2009/10シーズンに引き続きG3型が優占型となったが、2011/12シーズンにはG1型の割合が増加し、2012/13シーズンは6シーズンぶりにG1型が優占型となった。

我々は、2011/12シーズンの岡山県において、これまでに検出されたことのないタイプのRVAを報告した⁴⁾。このウイルスは、VP7およびVP4遺伝子型（P型）がG1型プロトタイプのWa株と同じG1P[8]型であるのに対し、VP6, NSP4およびNSP5/6遺伝子型はG2型プロトタイプのDS-1株と同一であるという、異なるgenogroup間（Wa genogroupとDS-1 genogroup）の遺伝子再集合体（リアソータント）に由来する株で

表. 岡山県におけるシーズン別G型別結果（2010/11～2012/13）

G型	シーズン			計
	2010/11	2011/12	2012/13	
G1	3 (2.3)	28 (36.8)	49 (90.6)	80 (30.5)
G2	2 (1.5)	0	1 (1.9)	3 (1.1)
G3	126 (95.4)	45 (59.2)	1 (1.9)	172 (65.7)
G9	1 (0.8)	3 (4.0)	2 (3.7)	6 (2.3)
G1&G3	0	0	1 (1.9)	1 (0.4)
計	132	76	54	262

*()内は型別割合 (%)

あった。さらに、この株が同シーズンに検出されたG1型全体の71.4%を占めて広く流行したことも明らかにした⁴⁾。本株を簡易的に見分けるには、通常のGおよびP型別に加え、NSP4およびNSP5/6遺伝子の全長を比較することが有効と考えられる⁴⁾。そこで、2012/13シーズンにおけるリアソータント株の流行状況を明らかにするため、G1P[8]と同定された49株についてRT-PCR法によりNSP4およびNSP5/6遺伝子全長をそれぞれ増幅し、両者の鎖長を比較した。その結果、25株（51.0%）がリアソータント株と推定され、これまで遺伝的に不安定であるとされてきた異なるgenogroup間のリアソータント株が、2シーズン連続で広範な流行を起こしたことが今回初めて明らかになった。

わが国においては、RVAワクチンとしてRotarix[®]（GSK社）が2011年11月から、RotaTeq[®]（MSD社）が2012年7月から導入された。今回、ワクチン導入前後にあたる3シーズンのRVA流行状況を解析したところ、ウイルス検出率の低下傾向や、リアソータント株の2シーズン連続の流行など、これまでになかった状況が観察された。期間・地域ともに限定された調査であるため、これらの状況とワクチン導入との関係は明確ではないが、今後従来とは異なる流行パターンに移行するおそれもあり、広範囲での継続的かつ詳細な監視体制の強化が必要である。また、今回2シーズン連続の流行が明らかとなったリアソータント株は、今後新たな流行株として定着する可能性も十分に考えられるが、本株は通常の型別のみでは発見できないため、簡便かつ確実な検査法の開発が望まれる。

参考文献

- 1) 葛谷光隆, 他, IASR 26: 4-6, 2005
- 2) 葛谷光隆, 他, IASR 32: 71-72, 2011
- 3) Gouvea V, *et al.*, J Clin Microbiol 28: 276-282, 1990
- 4) Kuzuya M, *et al.*, J Med Virol, 2013 Sep 16. doi: 10.1002/jmv.23746 (Epub ahead of print)

岡山県環境保健センター

濱野雅子 木田浩司 藤井理津志 溝口嘉範
岸本壽男

岡山県食肉衛生検査所 葛谷光隆

独立行政法人国立病院機構岡山医療センター

金谷誠久 福岡義久

<特集関連情報>

新潟県の感染症サーベイランスにおけるロタウイルスの検出状況, 2011~2013年

2005~2010年の間の、新潟県におけるA群ロタウイルス (RVA) の検出状況について、IASRに報告した (IASR 32: 73-74, 2011)。その後のロタウイルスの検出状況を追加して報告する。

2006~2013年までの年ごとのロタウイルスの検出状況を図1に示した。RVAのG型別では、2009年、2010年とG3の占める割合が多かったが、2011年に減少し、

2012年には検出されなくなった。数年継続したG3型RVAの流行の終息ともとれる。2012年はG3の減少に代わり、G9とG2が増加したが、2013年はG1が16検体中13検体 (81.2%) を占め、医療機関との共同研究で実施している1地域における調査でもG1が多かった。このG1株の遺伝子11分節の型はG1-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2とVP7遺伝子 (G1) とVP4遺伝子 (P[8]) 以外すべてDS-1株 (G2P[4]) 類似の型となっており、Kuzuyaらの報告しているOH3625/2012株とVP6, VP7, NSP4遺伝子の塩基配列が一致した。VP7遺伝子とVP6遺伝子の系統樹の比較を例

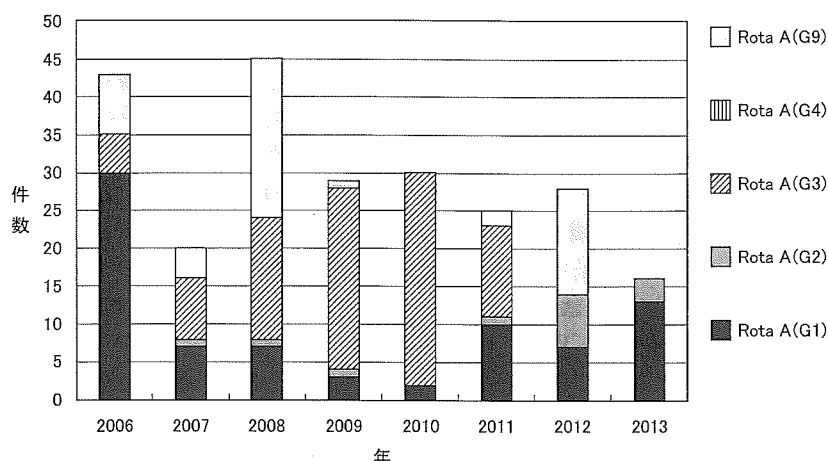


図1. 2006~2013年の間の新潟県の病原体サーベイランスにおけるA群ロタウイルスのG型別検出動向

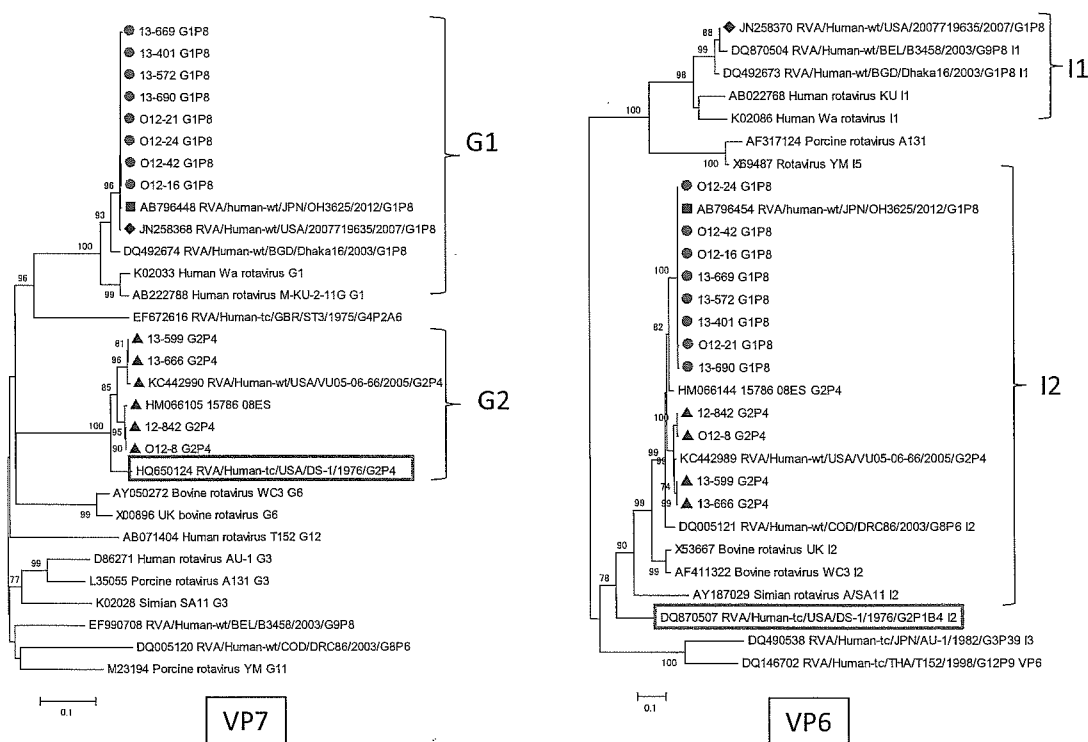


図2. 2012~2013年に新潟県で検出されたG1P[8]株とG2P[4]株のVP7遺伝子とVP6遺伝子の系統樹

●は2012~2013年にかけ新潟県で検出されたG1-P[8]-I2株、▲はG2-P[4]-I2株、◆のJN258730株はVP7遺伝子がG1-P[8]-I2株に近縁なG1-P[8]-I1株、■はKuzuyaらのOH3625/2012株。実線で囲んだ株はG2P[4]の代表株のDS-1。従来は、◆のようにVP6にI1に分類されるG1-P[8]株が多かったと思われるが、VP7とVP4遺伝子以外の遺伝子が、G2P[4]に類似のG1-P[8]-I2株が2012年から検出されている。

表1. 2012～2013年における新潟県の病原体サーベイランス検体中のロタウイルスワクチン接種の有無とロタウイルスの検出状況

	2012年	2013年	合計
●感染性胃腸炎として受付検体数	190	133	323
■ワクチン接種欄の記載あり	99	84	183
▲ロタウイルスワクチン接種有り	6	20	26
・ロタウイルス陽性	1	0	1
・その他のウイルス陽性 (アデノ、サポ、パレコ、アストロ、コクサッキー)	2	6	8
・ウイルス性病原体検出せず	3	14	17
▲ロタウイルスワクチン接種無し	90	64	154
・ロタウイルス陽性	20	13	33
▲ポリオウイルスワクチン接種有り	3	0	3
■ワクチン接種欄の記載無し	91	49	140
・ロタウイルス陽性	3	3	6
■ロタウイルス陽性	24	16	40

示した(前ページ図2)。このDS-1株類似のG1P[8]株は新潟県でも2012年から検出されている。

新潟県の感染症発生動向調査では、例年、第15～22週(4～5月)にかけて、12月のノロウイルスによる感染性胃腸炎流行のピークとは別の流行期があり、ロタウイルス胃腸炎の動向を反映していると考えられる。2013年は、第17週、第20週で定点当たり患者数が17を超え、例年よりピーク時の患者報告数が多かった。2013年の患者報告数の増加は、新しいDS-1様のG1P[8]株の影響も考えられることから、今後この株の動向に注目したい。

2012年と2013年の新潟県の病原体サーベイランスの検体中におけるロタウイルスワクチン接種の有無とロタウイルスの検出状況を、表1にまとめた。ロタウイルスワクチンの接種を受けていてロタウイルスが検出された胃腸炎患者は26人中1人(3.8%)であった。この患者は、単価ワクチンであるロタリックスを2011年12月26日に初回、2012年1月24日に2回目の接種を受けていた。2012年5月16日に胃腸炎症状を発症し、5月18日に採取された患者便からロタウイルスが検出された。ロタウイルスの遺伝子型は、G2-P[4]-I2であった。一方、ワクチン接種を受けておらずロタウイルスが検出された胃腸炎患者は154人中33人(21.4%)であった。このデータからも、ロタウイルスワクチンは感染予防に有効と考えられるが、接種者でも少数の感染事例があるようだ。

ロタウイルスの入院サーベイランスが始まり、今春が初めてのロタウイルスの流行期となる。提示した症例のように、ロタウイルスワクチン接種者や入院重症例から検出されるロタウイルスの遺伝子型は、ワクチンの評価のために重要となる。病原体検査票のワクチン接種歴の記録も今後徹底が望まれる。

参考文献

- 1) Kuzuya M, et al., J Med Virol, 2013 Sep 16. doi: 10.1002/jmv.23746 (Epub ahead of print)

新潟県保健環境科学研究所ウイルス科

田村 務 加藤美和子 広川智香

田澤 崇 渡部 香

原こども医院

院長 原 鍊太郎

新潟大学医歯学総合病院小児科

助教 大石智洋

<特集関連情報>

ロタウイルス胃腸炎サーベイランス

～エビデンスに基づいたワクチンの導入と評価を目指して～

はじめに

ロタウイルスは乳幼児の重症急性胃腸炎の主要な原因であり、世界的にワクチンを用いて重症化、合併症予防を行う取り組みがなされており、すでに53カ国でロタウイルスワクチンが定期接種として導入されている。今後ロタウイルスワクチンを国内で活用していくうえで、ワクチン導入前のわが国におけるロタウイルス胃腸炎の疾病負荷(ベースライン)を把握しておくことは、ワクチン効果の評価等を行う上で重要である。我々は2007年以降ロタウイルス胃腸炎の入院例、外来受診例の状況を把握するためのサーベイランスを実施している。

方 法

以下の方法で、入院例、外来例に分けてサーベイランスを実施した。なお、入院例、外来例ともに生後14日以上5歳未満の児で、下痢(受診前24時間以内に3回以上の便)、または嘔吐(受診前24時間以内に1回以上)を認め、医師が急性胃腸炎と診断した症例のみを対象としている。

i) 入院例

三重県内の3市(津市、伊勢市、松阪市-前向き調査のみ)における5歳未満小児の急性下痢症入院例を後ろ向き(2003～2007年)と前向きの観察研究として調査した。なお、前向き調査は現在も同地域で継続中であるが、本稿には2007年11月1日～2010年10月31日までの結果を示した。後ろ向き調査は入院例の性別、年齢、入院月別にロタウイルス検査の実施の有無を調べ、それぞれのグループの検査陽性率を検査未実

施群に適応してロタウイルス胃腸炎入院例を推測した¹⁾。前向き調査は急性胃腸炎入院例に対し、便サンプルを採取しロタウイルス迅速検査を実施するとともに、陽性例についてはPCR法にてロタウイルスの遺伝子型 (GタイプおよびPタイプ) を決定した²⁾。

ii) 外来例

三重県津市における5歳未満小児の急性下痢症の前向き観察研究であり、観察期間は2011年1年間で実施した。三重県津市内で小児科を標榜する医療機関から急性胃腸炎と診断した患者の性別、月齢、受診月情報を収集し (津市周辺の小児科標榜施設からは津市在住の患者が受診した場合報告)、さらに、津市内の定点医療機関では、急性胃腸炎と診断された患者に関して可能な限りロタウイルス迅速検査を実施、性別、年齢、入院月別に得られた検査陽性率を検査未実施群に適応し、ロタウイルス胃腸炎患者数を推測した。なお、定点医療機関 (三重県津市、岡山県倉敷市、千葉県いすみ市) では現在も便サンプル採取を継続している。

iii) 遺伝子型調査

外来例、入院例を問わず、本サーベイランス参加医療機関でロタウイルス陽性便サンプルを採取できた場合、遺伝子型を決定した。具体的には便サンプルよりRNAを抽出し、すべてのGタイプ、あるいはPタイプに共通のプライマーを使用して逆転写反応を用いた1st PCRを行い、続いて各遺伝子型に特異的なプライマーを用いた2nd PCRを行い、生成物をアガロースゲル電気泳動にて泳動し、増幅長を確認することで遺伝子型を判定した。

結 果

i) 入院症例

国立病院機構三重病院の例を用いて後ろ向き調査の結果を示す (図1)。急性胃腸炎入院患者のうち、およそ75%が冬季 (12月～翌年5月) に入院していた。このうちほぼ3/4の症例に対してロタウイルス迅速診

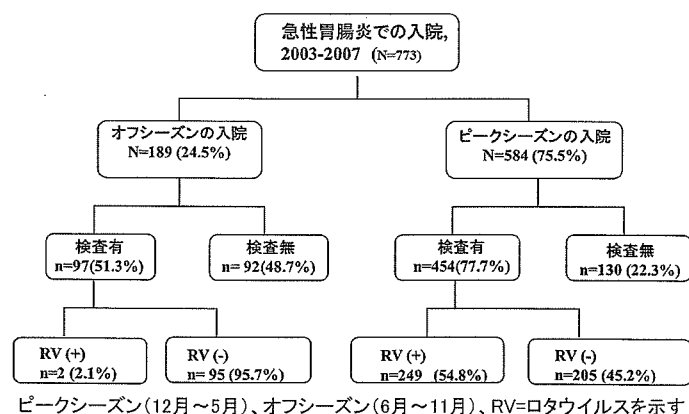


図1. 国立病院機構三重病院における急性胃腸炎入院患者とロタウイルス検査結果の分布 (2003～2007年)

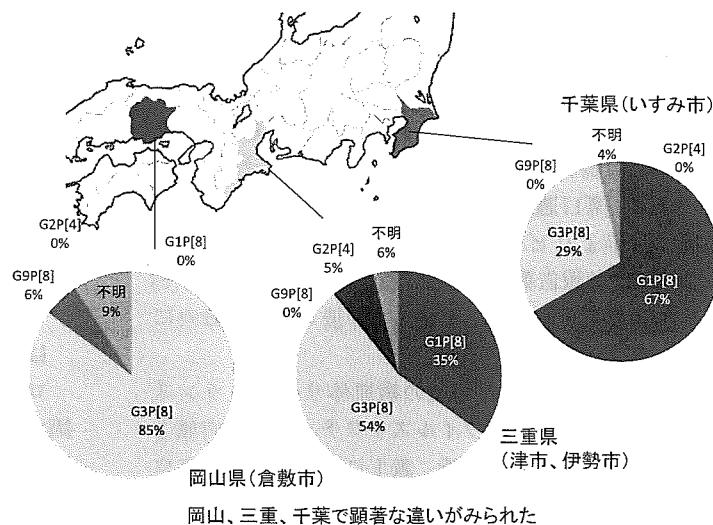


図2. 本サーベイランス参加地域における2011年に採取された便サンプルにおけるロタウイルス遺伝子型分布状況

断キットでのロタウイルス感染の有無が検査されており、55%が陽性であった。これらの結果を、同時期に入院し、検査を受けていない症例に適応し、オフシーズンも同様の方法を用いることで実際の患者数を推計した。この結果から、5歳未満児のロタウイルス胃腸炎入院例は1,000人当たり3.8人 (津市)、4.9人 (伊勢市) と推測された。松阪市も加えた前向き調査でも同様の方法を用い、各市における罹患率を求めた (表)。

ii) 外来症例

入院例と同じ手法を用いて定点医療機関の検査結果

表. 三重県3市 (津、伊勢、松阪) におけるロタウイルス胃腸炎入院例サーベイランスにおける患者報告数と検査結果、年齢、性別、入院月により調整された患者数を用いた入院率 (2007～2009年)

市	5歳未満の人口 ^a	ロタウイルス陽性入院症例数 (2年間)	入院率 (1,000人/年) ^b	調整後ロタウイルス陽性入院症例数 (2年間)	調整後入院率 (1,000人/年) ^b	5歳までに入院するリスク ^c
津	12,549	111	4.4 (95%CI: 3.6, 5.3)	121	4.8 (95%CI: 4.0, 5.7)	1 in 40
松阪	7,487	70	4.7 (95%CI: 3.6, 5.9)	81	5.4 (95%CI: 4.3, 6.7)	1 in 37
伊勢	5,775	33	2.8 (95%CI: 2.0, 4.0)	36	3.1 (95%CI: 2.1, 4.3)	1 in 61

^a 2005年国勢調査の人口を使用 ^b Fisher's exact test

^c 2007年出生率: 津 (2,434), 松阪 (1,517), 伊勢 (1,097)

をもとに外来でのロタウイルス胃腸炎患者数の把握を試みた。ロタウイルス胃腸炎外来受診例は1歳に最も多く、5歳未満の人口に基づいた受診率は134.8/1,000人/年であった。従って入院例の結果と合わせると、三重県津市のロタウイルス胃腸炎入院率は発症者の約4%と考えられた。

iii) 遺伝子型調査

それぞれの地域から集められたロタウイルス陽性例の便サンプルを用いたPCR法による遺伝子型の分布状況は、年次、地域によって異なるものであった。前向き調査開始時(2007年)はG3タイプが優位であったが、地域によっては次第にG1タイプが優位となっていた。2011年シーズンの遺伝子型の分布状況を前ページ図2に示した。

考 察

本サーベイランスにより、ロタウイルスワクチン導入前のわが国のロタウイルス胃腸炎の疾病負荷が示された。入院例の結果は、ロタウイルスワクチンをすでに導入している先進国のワクチン導入前の入院率と大差はなかった(アメリカ2.7, イギリス5.2/1,000人/年)。これらのサーベイランスを継続し、ワクチン導入後の結果と比較することで、ワクチンの効果評価を実施できる。また、本サーベイランスにより、国内の遺伝子型の分布が時間、地域で異なることが示されたため、ワクチン導入後の遺伝子型変化のモニタリングは、接種率も含め、それぞれの地域でサーベイランスを実施する必要性を示すデータとなった。さらに、入院、外来例のエビデンスが出そろったことで、ワクチンのcost effective analysisの実施も可能となるため、ワクチン定期接種化の議論にも参考となると考えられる。

謝辞：本調査にご協力いただいた医療機関の皆様に深謝いたします。

参考文献

- 1) Kamiya H, *et al.*, J Infect Dis 200 (Suppl 1): S140-146, 2009
- 2) Kamiya H, *et al.*, Jpn J Infect Dis 64 (6): 482-487, 2011

国立感染症研究所感染症疫学センター

神谷 元 河野有希 伊東宏明

国立病院機構三重病院

庵原俊昭 神谷 齊 浅田和豊 菅 秀

木下麻衣子 藤澤隆夫 長尾みづほ

根来麻奈美 谷口清洲

川崎医科大学小児科

中野貴司 田中孝明

藤田保健衛生大学ウイルス・寄生虫学講座

油井晶子 谷口孝喜

うめもとこどもクリニック 梅本正和

外房こどもクリニック 黒木春郎

東京医科歯科大学 Francis Dennis

山田赤十字病院

井上正和 東川正宗 伊藤美津江

松阪中央総合病院 神谷敏也

国立病院機構三重中央医療センター

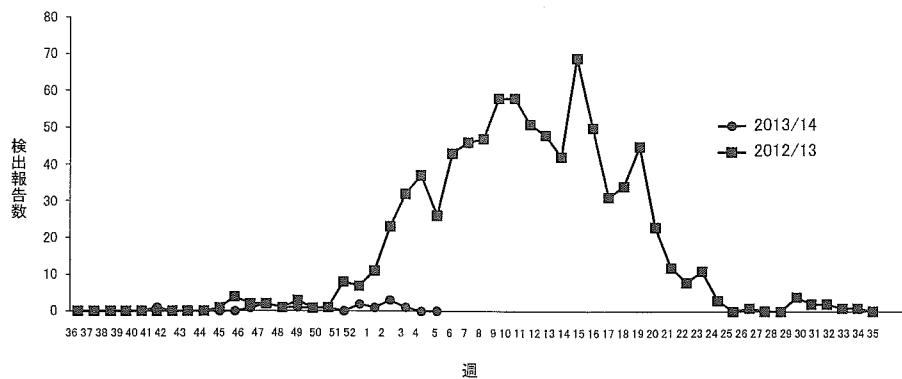
井戸正流 田中滋己

<特集関連情報>

ロタウイルスワクチンの導入とその影響の評価

二つの弱毒生ロタウイルスワクチン、単価ロタウイルスワクチン(GSK社)と5価ロタウイルスワクチン(MSD社)がそれぞれ2011年11月と2012年7月からわが国でも使用されるようになった。これら二つのワクチンがどちらも接種されるようになった2012年7月～2013年4月までの10カ月間の出荷数は、単価ロタウイルスワクチンが520,946ドース、5価ロタウイルスワクチンが237,034ドースであった。厚生労働省の予防接種・ワクチン分科会予防接種基本方針部会、ロタウイルスワクチン作業班の中間報告では、ロタウイルスワクチンの接種率は、2012年7月の時点で約35%、2013年4月の時点で45%に達していると推計している。その影響はどのように表れているのだろうか。この目的のために厚生労働科学研究による「網羅的ロタウイルス分子疫学基盤構築とワクチン評価」班(片山班)が結成され、現在集積された情報を解析中である。しかし、残念ながらその成果をここに示すことができない。その理由は、本研究班による調査が、ワクチン接種がほぼ半数に及んだ時点という解析のためにはもっとも好都合な時期を含んでいるが、接種者と未接種者との違いが明確に表れるのは、接種約1年後に来るロタウイルス流行期、つまり、今年(2014年)の1～6月にかけての流行でのデータに依存しなければならないからである。

そこで、速報性のある感染症疫学センターが2014年2月14日現在でまとめた各都道府県市の地方衛生研究所(地衛研)からのロタウイルス検出報告数の推移を見てみよう(次ページ図)。2012～2013年の流行期に比べて2013～2014年の流行期からの検出がまだみられない。例年12月の末から1月に始まるロタウイルス流行の立ち上がりは1月中に起こっていない。米国では2006年からロタウイルスワクチンが定期接種に導入されたが、この1年後の2007～2008年には、検査機関でのロタウイルス検出率の週を追っての推移に、ピークが低くなりかつ遷延するという変化がみられた。次ページ図に示した地衛研からのロタウイルス検出について、この時点で解釈するのは尚早であるが、仮に米国でみられた変化と同様のものとすると、これはワクチンの間接効果(集団免疫)と呼ばれる現象の可能性がある。



病原微生物検出情報(2014年2月14日)
<https://nesid3g.mhlw.go.jp/Byogentai/Pdf/data10i.pdf>に基づいて作成

図. 2012年第36週～2014年第5週の間に地方衛生研究所で検出されたロタウイルス陽性検体の報告数の推移

間接効果とは、ワクチン未接種の小児あるいは予防接種時に対象年齢外であった小児にもみられる発病予防効果のことである。米国では、ロタウイルスワクチンの導入後2年が経過した2008年に、推定接種率が0歳代で57%、1歳代で17%に達したとき、ロタウイルスによる入院数の減少が、予防接種の直接効果によって説明できる数よりも大きかった。これは環境中に排泄されるウイルス量が減少したこと、あるいは感受性の高い年齢層の小児の減少によりウイルスの伝播が途絶えがちになったことなどによって、未接種児も発病を免れたものと考えられている。

片山班の立ち上げがタイムリーであったのはワクチン接種がほとんどない最後の状況をかりうじてベースライン情報として獲得できたことであろう。まだ、完全な解析は終了していないが、その1例をあげると、5歳未満のロタウイルス胃腸炎による入院率に関するところがある。ロタウイルス胃腸炎による入院率とそこから計算される総入院数は、入院を予防することがロタウイルスワクチンの第1の目的であることを考えれば、ワクチンの効果を評価するための基盤的な情報である。しかし、わが国における報告は秋田県、三重県、京都府からのものに限られていた。しかも、秋田県での研究が一樣に三重県や京都府の研究から得られた入院率より2～3倍高いことが、全国の総数を算出する上での問題点であった。片山班では、既報で調査が行われた秋田県と京都府の二つの病院で、統一プロトコールにより、5歳未満の小児における急性胃腸炎の全例から臨床検体を採取し、国立感染症研究所で検査するという方法により比較した。この結果、京都府南丹地区の入院率は、3.9人/1,000人/年となり、秋田県由利地区では11.4人/1,000人/年であった。それぞれが過去に発表した調査では、京都では5.1人/1,000人/年、秋田では13.7人/1,000人/年であったので、ほぼ同様の入院率であったといえる。すなわち、京都や三重でのロタウイルス胃腸炎の入院率は、秋田の約3分の1に相当し、明らかな地域差が存在することが示さ

れた。今後、接種率の高まりとともにロタウイルス胃腸炎による入院数の減少が期待されるが、地域差の存在は、ワクチンが疾病負担に与えるインパクトを評価する際に考慮する必要がある。

長崎大学大学院医歯薬学総合研究科

感染免疫学講座 中込とよ子 中込 治

<特集関連情報>

国内におけるロタウイルスワクチン導入前の腸重積の発生頻度(暫定結果)

全世界において重症小児下痢症の主要原因の一つとなっているロタウイルスは、感染力が強く、途上国・工業国にかかわらず、すべての小児が5歳までに罹患すると考えられている。諸外国でも多く用いられ、わが国でも認可され接種可能となった二つのロタウイルスワクチンについては、高い防御効果を認める一方で、以前に使用されていたロタウイルスワクチンの、特に初回接種後には、腸重積症発症のリスクが高まる時期があることがわかっていた。現在用いられている二つのロタウイルスワクチンにおいても、腸重積症の発症率の若干の上昇を報告し始めている国がある。従って、今後本格的にワクチンが導入されるわが国において、ワクチン導入前の腸重積症の発症率の把握は、ロタウイルスワクチンの効果評価、安全性のモニタリングを実施するにあたり大変重要である。

厚生労働科学研究費補助金(新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業)による「ワクチンにより予防可能な疾患に対する予防接種の科学的根拠の確立及び対策の向上に関する研究(研究代表者:大石和徳)班では、ロタウイルス導入前後のわが国における腸重積症の発生頻度について、10道県の小児科入院施設のある医療施設のご協力のもと人口ベースで調査を実施してきた。現時点での暫定結果としてワクチン導入前の状況について報告する。具体的には、ロタウイルスワクチン導入前の5年間(2007～2011年)につい

て、10道県（北海道、新潟、福島、千葉、三重、愛知、高知、岡山、長崎、沖縄）における小児科入院施設のある医療機関の5歳未満小児腸重積症入院患者の情報を、各医療機関の担当者が入院台帳より全例抽出し、共通の調査票に対して記入する（後ろ向き調査）。腸重積症の症例定義は、日本小児救急医学会「エビデンスに基づいた小児腸重積症の診療ガイドライン」に従って定義した。データ解析は、人口ベースで腸重積症の罹患率が算出できる地域か否かで区分し、可能な地域（8道県）に関しては発生率などを解析した（北海道は1大学関連施設のみの参加であり、過去データより1/3人口を母数とした）。

2014年1月23日現在、本サーベイランスに報告され症例定義を満たしたものは後ろ向き調査として2,003人（対象者の88%）であった。過去5年間の年間報告例の中央値は411例（幅354～433例）であった。報告例の93%が非観血的整復で治療をされ、観血的整復例は4.6%であった。ほぼ全例回復しているが、3例（0.1%）死亡例の報告があった。腸重積症の原因についての調査では70%が原因不明であり、次いで便からアデノウイルスが検出された症例が3.3%、腸管出血性大腸菌（EHEC）および腸管病原性大腸菌（EPEC）が3.1%となっており、ロタウイルスは11例（0.6%）であった。

月別の患者報告数をみると、腸重積症は5～8月にかけてピークがあり、年末にかけて再び患者数が増加する二峰性の増加となっている。病原体サーベイランスにより得られたロタウイルス検出数の発生時期を重ねると、ロタウイルスの流行時期と腸重積症患者の増減に関連性は認められなかった。

ロタウイルスワクチン接種を行う1歳未満に注目すると、月齢4カ月頃より患者数が増加し、月齢7カ月以降はほぼ横ばいの報告数であった。生後6週間からロタウイルスワクチン接種は可能（Rotarix®は24週まで、Rotateq®は32週まで）であるが、今回の調査から、疾病の性質、腸重積症の発生時期を考慮すると、早めの接種開始がワクチンによらない紛れ込み事例減少に重要と考えられた。

人口ベースで解析可能な8道県（北海道、福島、千葉、新潟、三重、福岡、長崎、沖縄）に絞って腸重積症の罹患率を解析した（ $n=1,851$ ）。5歳未満の腸重積症発症率は39.5/100,000、1歳未満に限定すると68.3/100,000であった。諸外国からの報告は様々であり（米国35/100,000、スイス38/100,000、ニュージーランド65/100,000、英国66/100,000、デンマーク71/100,000、香港78～100/100,000）、今回得られたデータは、ロタウイルスワクチン導入前のわが国独自のベースライン情報として、各国のそれと大きく離れていない。男児の方が女児に比べリスクが高く（リスク比1.84；95%信頼区間1.67～2.02）、年齢ごとのリスク比も罹患率の

最も低い4歳児を基準にすると、0歳児のそれが最も高く6.62（95%信頼区間5.37～8.23）、年齢が大きくなるにつれて低くなっている。ただし、国内の先行研究では10万人当たり乳児158とする報告があり（Noguchi A, *et al.*, Jpn J Infect Dis, 2012 Jul）、本調査でも地域ごとに発生率のばらつきを認めるため、より正確なデータを得るには、サンプリングの方法に対する工夫や、多くの地域のサーベイランスへの参加が必要となると考えられた。今後の課題である。

現在、本研究グループにおいては、ワクチン導入後の前向き調査も実施中であり、関係者の皆様のさらなるご協力を得て、わが国におけるロタウイルスワクチン導入前後の腸重積症の発生頻度に対する基礎データの確保に努めていきたいと考えている。以下の先生方、および各自治体における協力病院の先生方、事務職員の皆様に感謝申し上げます。

調査地域の北から南の順で、堤 裕幸先生（北海道）、細矢光亮先生（福島県）、須磨崎 亮先生（茨城県）、石和田稔彦先生（千葉県）、齋藤昭彦先生（新潟県）、庵原俊昭先生（三重県）、菅 秀先生（三重県）、中野貴司先生（岡山県）、森島恒雄先生（岡山県）、小田 慈先生（岡山県）、脇口 宏先生（高知県）、藤枝幹也先生（高知県）、宮崎千明先生（福岡県）、岡田賢司先生（福岡県）、森内浩幸先生（長崎県）、安慶田英樹先生（沖縄県）。

国立感染症研究所感染症疫学センター

砂川富正 神谷 元 河野有希 多屋馨子

大日康史 菅原民枝 大石和徳

川崎市衛生研究所 岡部信彦

<速報>

重症熱性血小板減少症候群（SFTS）ウイルスの国内分布調査結果（第二報）

マダニ媒介性の重症熱性血小板減少症候群（SFTS）は、2013年1月に国内の患者が初めて確認された新興ウイルス感染症である。これまでに患者の発生した自治体は、九州・四国・中国・近畿地方の13県（兵庫、島根、岡山、広島、山口、徳島、愛媛、高知、佐賀、長崎、熊本、宮崎および鹿児島県）である。

SFTSウイルス（SFTSV）が分布する地域では、マダニとマダニに吸血される動物との間でSFTSVが循環・保持される仕組みが成立している。ヒトはSFTSVを保有するマダニに咬まれることで感染する。動物はSFTSVに感染しても発症しないが、感染すると抗体ができる。日本国内には、47種のマダニが生息する。SFTSVの国内分布状況を把握し、その自然界での生活環を明らかにすることは、SFTS患者発生リスクの評価し、効果的な感染予防対策を立てる上で非常に重要である。

2013年5月から開始された厚生労働科学研究「SFTS

の制圧に向けた総合的研究(研究代表者 倉田 毅)」において、マダニからのSFTSV遺伝子検出法および動物のSFTSV抗体測定法が開発された。これらの検査法により、既に患者が発生している地域だけでなく、患者の発生のない地域も含めて、これまでに入手できたマダニや動物血清の検体を用いて調査を実施したところ、以下のことが明らかになった。

1) マダニについて:九州から北海道の26自治体において、植生マダニ(植物に付着し、動物やヒトを待ち構えているマダニ)とシカに付着しているマダニ(18種4,000匹以上)を調査したところ、複数のマダニ種(タカサゴキラマダニ、フタトゲチマダニ、キチマダニ、オオトゲチマダニ、ヒゲナガチマダニ等)から、SFTSV遺伝子が検出されたが、保有率は5~15%程度とマダニの種類により違いがあった。また、これらのSFTSV保有マダニは、既に患者が確認されている地域(宮崎、鹿児島、徳島、愛媛、高知、岡山、島根、山口、兵庫県)だけではなく、患者が報告されていない地域(三重、滋賀、京都、和歌山、福井、山梨、長野、岐阜、静岡、栃木、群馬、岩手、宮城県、北海道)においても確認された。調査できたマダニ数が数匹と少なかったため、現時点では判断できなかった3自治体(福岡、熊本、福島県)を除くと、調査したすべての自治体でSFTSV遺伝子を持つマダニがみつかったことから、SFTSV保有マダニは調査していない自治体を含めて国内に広く分布していると考えられる。

2) 動物のSFTSV抗体保有状況について:保存血清等を用いて調査した前回の調査〔SFTSウイルスの国内分布調査結果(第一報), IASR 34: 303-304, 2013〕に加えて、2013(平成25)年度にシカ(16自治体)、イヌ(2自治体)のSFTSV抗体調査を行った。その結果、シカでは、前回の調査と併せて検体が得られた地域(27自治体)のうち、17自治体(福岡、熊本、宮崎、鹿児島、島根、広島、山口、徳島、愛媛、三重、滋賀、京都、兵庫、和歌山、長野、静岡、宮城県)でSFTSV抗体陽性のシカが確認されたが、その他の10自治体(大分、高知、岐阜、山梨、栃木、群馬、千葉、岩手、福島県、北海道;ただし大分、高知、千葉、福島県は、それぞれ3, 1, 5, 4頭しか調査されていない)では陽性のシカは今回の調査ではみつからなかった。また、シカにおける抗体陽性率は、0%(抗体陽性動物みつからず)から最大で90%と地域差が大きく(陽性シカがみつかった地域での平均は31%)、特にSFTS患者発生地域およびその近隣地域で抗体陽性率が高い傾向がみられた。イヌでは、検体が得られた地域(19自治体)のうち、九州(熊本、宮崎、鹿児島県)、四国(徳島、香川、愛媛、高知県)以外に、患者が報告されていない自治体(三重、富山、岐阜県)でも抗体保有動物が存在した。一方、9自治体(沖縄、長崎、広島、滋賀、愛

知、静岡、長野、新潟県、北海道)では陽性のイヌはみつからなかった。

本病の発生が先に報告された中国では、SFTSVの主な媒介マダニはフタトゲチマダニとされ、また、ヤギ、ヒツジ、ウシ、イヌ等の動物がSFTSVの抗体を高率に保有していることから、フタトゲチマダニとこれらの動物との間でSFTSVの生活環ができていていると考えられている。一方、日本では、少なくともフタトゲチマダニとタカサゴキラマダニがSFTSVを媒介すると考えられている。今回の調査結果から、これら2種のマダニ以外にもSFTSVを保有するマダニ(特にチマダニ属)が複数種存在することが分かった。今回の調査は、前回の調査〔SFTSウイルスの国内分布調査結果(第一報)〕をさらに拡大して実施されたものであり、より多くの地域を対象とした。未だ、マダニ、動物とも全国を網羅的に調査されていないが、SFTSV保有マダニは調査していない自治体を含めて国内に広く分布していると考えられる。

今後、研究班としては、各自治体や関係者の協力を得ながら、対象地域や検体採取地点、動物の種類・頭数を広げて調査を実施することにより、マダニと動物におけるSFTSVの生活環をより詳細に解明したい。

なお、今回の調査にあたって御協力をいただいた、大日本猟友会ならびに徳島県他多くの自治体関係者の皆様に感謝申し上げます。

国立感染症研究所獣医科学部

森川 茂 宇田晶彦 木村昌伸 藤田 修
加来義浩 今岡浩一

同 昆虫医科学部 澤辺京子

同 細菌第一部 川端寛樹

同 ウイルス第一部 安藤秀二 西條政幸

山口大学共同獣医学部

前田 健 高野 愛

岐阜大学応用生物科学部 柳井徳磨

馬原アカリ医学研究所 藤田博己

福井大学医学部 高田伸弘

厚生労働省結核感染症課

中嶋建介 福島和子

<速報>

山形県で検出された抗インフルエンザ薬耐性A(H1N1)pdm09ウイルス

2013/14シーズン開始以来、札幌市を中心に、抗インフルエンザ薬耐性A(H1N1)pdm09ウイルスの検出報告が続いている¹⁻³⁾。山形県において、札幌市および三重県で検出された耐性ウイルスと同一由来と考えられる耐性ウイルスが検出されたので報告する。

日本国内における抗インフルエンザ薬耐性株サーベイランスは、全国の地方衛生研究所(地衛研)と国立感

感染症研究所（感染研）が共同で実施している。2013/14シーズンに山形県の患者から分離されたA(H1N1)pdm09ウイルス11株について、山形県衛生研究所において遺伝子解析による薬剤耐性マーカーの一次スクリーニングを行ったところ、11株のうち2株がNA蛋白にH275Y耐性変異をもつことが明らかになった。そこで、引き続き感染研においてオセルタミビル（商品名タミフル）、ペラミビル（商品名ラピアクタ）、ザナミビル（商品名リレンザ）およびラニナミビル（商品名イナビル）に対する薬剤感受性試験を行った。その結果、H275Y変異をもつ2株はいずれもオセルタミビルおよびペラミビルに対して耐性を示すことが確認された。一方、ザナミビルおよびラニナミビルに対しては感受性を保持していた。

山形県で検出された2株のオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスについて、NA遺伝子の塩基配列を2013/14シーズンに国内外で検出された耐性ウイルスと比較した結果を図1に示す。山形県で検出された耐性ウイルスは、国内の耐性ウイルスに特徴的なV241I, N369KおよびN386K変異をすべてもっており、札幌市および三重県で検出された耐性ウイルスと同一由来であると考えられる。

オセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスが検出された山形県の2名は同じ小学校に通っており、患者1は患者2の兄弟とクラスメートであった。2名の患者はいずれも検体採取前に抗インフルエンザ薬の投与を受けておらず、薬剤によって患者の体内で耐性ウイルスが選択された可能性は否定される。患者1は、発症1～2日前に関東地方のテーマパークを訪問していた。このテーマパークは海外からの訪問客も多く、患者1がこの訪問の際に抗インフルエンザ薬耐性のA(H1N1)pdm09ウイルスに感染した可能性も考えられる。なお、患者1、患者2ともにザナミビル（リレンザ）の服用により軽快し、家族内に発症者はいなかった。

山形県では2013/14シーズンには、2013年11月に2株、2014年1月に9株の合計11株のA(H1N1)pdm09ウイルスが検出されている。2株のオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスはいずれも2013年11月に検出された。2014年1月に検出されたウイルス9株は、すべての抗インフルエンザ薬に対して感受性を示し、2013年11月に検出されたオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスの地域流行は認められていない。

2013/14シーズンには、2014年第5週までに、国内で22株（7%）のオセルタミビル・ペラミビル耐性A(H1N1)pdm09ウイルスが報告されている。これらの耐性ウイルスは、ウイルスの安定化をもたらす変異

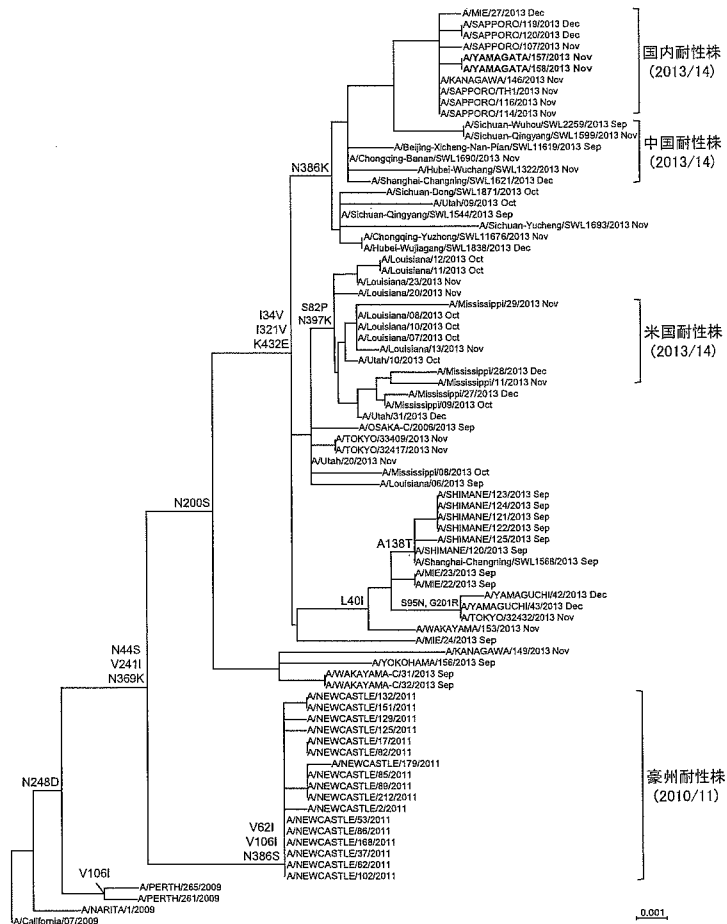


図1. 国内外で検出されたオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスのNA遺伝子の系統樹解析

を伴っている^{1,2)}。2014年1月からはA(H1N1)pdm09が流行ウイルスの優位を占める傾向がみられることから、今後のインフルエンザの流行に伴って、耐性ウイルスの拡大も懸念される。米国ルイジアナ州および隣接するミシシッピ州においても、オセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスの報告が続いているが、国内の耐性ウイルスは、遺伝子配列から米国の耐性ウイルスとは区別される^{1,2)}。一方、2014年1月中旬に中国から報告された2013/14シーズンのオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスの遺伝子配列から、国内の耐性ウイルスは中国株と共通の祖先に由来する可能性が示された（図1）。

国内で分離されたオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルスについて抗原性解析を行った結果、2013/14シーズンのワクチン株A/California/7/2009の抗原性と一致していることが明らかになった。したがって、今シーズンのワクチンは、オセルタミビル・ペラミビル耐性A(H1N1)pdm09ウイルスに対する有効性が期待される。

また、国内のオセルタミビル・ペラミビル耐性ウイルス感染患者の症状・病態は、札幌での重症の肺炎症例⁴⁾を除き、感受性ウイルス感染患者とは違いはないと報告されている。ウイルス遺伝子の解析では、2009年の(H1N1)2009パンデミックの際にヨーロッパの

重症患者の一部で報告された、鳥型レセプターへの結合性を高めるようなHA遺伝子の変異(D222G, Q223Rなど)⁵⁻⁷⁾は起こっておらず、耐性ウイルスの病原性が増強している所見はない。

2014年1月28日に日本小児科学会インフルエンザ対策ワーキンググループにより2013/2014シーズンのインフルエンザ治療指針が示された⁸⁾。その中で、現時点での外来治療における対応として、「多くは自然軽快する疾患でもあり、抗インフルエンザ薬の投与は必須ではない」とされている。また、NA蛋白にH275Y耐性変異をもつインフルエンザウイルスに関して、小児ではオセルタミビル投与群と非投与群の間で有熱期間に差がなかったという報告もある⁹⁾。日本国内の抗インフルエンザ薬耐性ウイルスの検出状況は地衛研と感染研により随時発表されている¹⁰⁾。抗インフルエンザ薬の投与に際しては、各地域での耐性ウイルスの検出状況に注意を払うことが必要であろう。

オセルタミビル、ペラミビルおよびザナミビルは研究用試薬を購入し、ラニナミビルは第一三共株式会社から研究用に提供を受けた。

参考文献

- 1) IASR 35: 42-43, 2014
- 2) Takashita E, *et al.*, Euro Surveill 19: pii: 20666, 2014
- 3) IASR 35: 43-45, 2014
- 4) IASR 35: 41-42, 2014
- 5) Chutinimitkul S, *et al.*, J Virol 84: 11802-11813, 2010
- 6) Liu Y, *et al.*, J Virol 84: 12069-12074, 2010
- 7) Zhang Y, *et al.*, J Virol 86: 9666-9674, 2012
- 8) 日本小児科学会インフルエンザ対策ワーキンググループ, 2013/2014シーズンのインフルエンザ治療指針
http://www.jpeds.or.jp/modules/news/index.php?content_id=86
- 9) Saito R, *et al.*, Pediatr Infect Dis J 29: 898-904, 2010
- 10) 抗インフルエンザ薬耐性株サーベイランス
<http://www.nih.go.jp/niid/ja/flu-m/2068-flu/flu-dr/>

国立感染症研究所

インフルエンザウイルス研究センター

高下恵美 江島美穂 伊東玲子 三浦 舞

藤崎誠一郎 中村和哉 岸田典子 徐 紅

土井輝子 佐藤 彩 菅原裕美 小田切孝人

田代真人

横山小児科医院 横山新吉

山形県衛生研究所微生物部

青木洋子 矢作一枝 的場洋平 水田克巳

山形県健康福祉部健康福祉企画課 池田辰也

<速報>

インフルエンザA(H1N1)pdm09による生来健康小児の急性インフルエンザ脳症死亡例の報告 — 長野県

今シーズン流行初期である2014年1月中旬に、生来健康な9歳児がインフルエンザ脳症を発症し、発症から2日目に死亡した。患児の鼻咽頭から検出されたウイルスがA(H1N1)pdm09であった。A(H1N1)pdm09による小児重症例が認められたことにより、今シーズンA(H1N1)pdm09による急性脳症に関して注意を喚起すべきと考えられたため報告する。

症 例

9歳男性。今シーズンインフルエンザワクチンは未接種。2014年1月9日より咳嗽、鼻汁出現。1月10日朝6時38.5°Cの発熱出現。同日、前医A(総合病院小児科)を受診、鎮咳去痰薬と解熱剤(アセトアミノフェン)が処方された。抗インフルエンザ薬は投与されず。11日咳嗽、鼻汁が増悪したが、お昼に少量食事摂取(プリン)。「ドスン」というベッドから落ちるような音が聞こえ、うなり声、尿便失禁、開眼しているも視線合わず、顔色不良という状況で発見された。13時50分に救急要請、前医Aへ搬送された。搬送中に嘔吐あり、呼びかけには反応なし。同医で迅速診断キットにてインフルエンザA陽性。集中治療目的で当院にドクターヘリ搬送となった。当院到着時、Glasgow coma scale(GCS); E1V1M4で、眼球左方偏位、左上肢屈曲位で硬直していた。痙攣持続していると判断され、気道確保など集中治療開始したが、ショック状態は続いていたため、人工心肺装置を装着し循環管理開始した。また、出血傾向あり播種性血管内凝固症候群(DIC)も合併していた。抗インフルエンザ薬(ペラミビル)に加えて、ステロイドパルス、シクロスポリンなどインフルエンザ脳症に対する特異療法を開始した。しかし、脳波は平坦となり、入院翌日には瞳孔散大と対光反射の消失を認めたため、人工心肺中止し、永眠された。Autopsy imaging(AI)としてのMRI撮影、病理解剖を行い、脳幹、視床、基底核中心に高信号域を認め、大脳皮質にも一部広がりをも認めた。

Sick contact: 児発症と同時期に父、弟2人(5歳、2歳)が迅速診断キットでインフルエンザA陽性であった。

既往歴・家族歴: 特記すべきことなし

剖検結果: 肉眼的には、脳浮腫が強く、小脳扁桃ヘルニアや孔ヘルニアなどの脳ヘルニアをきたしていた可能性が高い、また散在性に脳壊死を認めた。

ウイルス学的検査: 咽頭と鼻腔ぬぐい液(2014年1月11日17時採取)を長野県環境保全研究所に送付し、RT-PCR法を用いて遺伝子検査を実施したところ、A(H1N1)pdm09が検出された。また、MDCK細胞で分離されたA(H1N1)pdm09株に対し、TaqMan RT-

PCR法を用いてNA（ノイラミニダーゼ）遺伝子を解析したところ、オセルタミビルおよびペラミビルの臨床効果の低下に関与しているといわれている耐性変異（H275Y変異）は検出されなかった。

考 察

本症例はA(H1N1)pdm09による急性脳症を発症し、集中治療にもかかわらず死亡された症例である。原因微生物と思われるA(H1N1)pdm09ウイルスは、今シーズン国内からも報告され¹⁾、重症例の報告もある²⁾。A(H1N1)pdm09ウイルスによる急性脳症は、2009/10年流行期には331例と、それ以前の季節型インフルエンザ流行期での急性脳症発症数に比べて多いという報告がされている（Guら³⁾）。今シーズンA(H1N1)pdm09ウイルスの再流行により、急性脳症症例が増加することが懸念されるため報告した。

急性脳症は、感染症（多くの場合、ウイルス感染症）を契機に急激に生じた脳機能の全般的な障害と水口⁴⁾は定義している。急性脳症は様々な分類がなされているが、本症例は、顕著なDICとショックを合併し、Hemorrhagic shock with encephalopathy syndrome（HSE症候群）に合致する。HSE症候群は、「サイトカインの嵐」を主病態とする予後不良で、急性期死亡率が高い疾患である。本症例は、救急要請から2時間半後の集中治療室入室時にはすでにショック、DIC状態と病勢が強く救命しえなかった。

小児のインフルエンザ脳症の生存率を向上できる画期的な治療法の開発が待たれる。

参考文献

- 1) IASR 34: 343-345, 2013
- 2) IASR 35: 41-42, 2014
- 3) Gu Y, *et al.*, PLoS One 2013; 8(1): e54786
- 4) 水口 雅, 小児感染免疫 20 (1): 43-50, 2008
長野県立こども病院小児集中治療科
笠井正志 黒坂了正
同臨床検査科 小木曾嘉文
長野県環境保全研究所感染症部 小林広記

<速報>

増加しつつある梅毒

—感染症発生動向調査からみた梅毒の動向—

梅毒は多くの先進諸国同様、日本でも減少傾向にあったため、昔の病気と考えられていた。しかし近年、欧米では男性と性交をする男性（Men who have sex with men: MSM）を中心に感染が広がっていることが報告されている¹⁻³⁾。そこで、日本における近年の梅毒の発生動向を調べることにした。

2001～2013年までの感染症発生動向調査年報と人口動態統計を用いて、近年の梅毒の動向を調べた。感染症発生動向調査に関しては、2012年までのデータは年

報を用い、2013年のデータは2014年1月10日現在の暫定集計を用いた。人口は厚生労働省の人口動態統計（各年の10月1日現在の人口、2013年は推定値）を用いた。

2013年の梅毒総報告数は1,226例であり、前年2012年の総報告数875例に対して1.4倍に増加していた（図1）。人口10万当たり発生率は2012年が0.7であったのに対し、2013年は1.0であった（図2）。なお、感染症発生動向調査における梅毒の捕捉率について、年次変動を示すデータはない。

性別は男性が989例（80.7%）と多数を占めており、男性の人口10万当たり発生率は1.6であった（女性は0.4）。年齢群別の人口10万人当たり発生率をみると、男性では25～29歳が3.9で最も高く、次いで35～39歳の3.4であった。男性の20～50代の発生率はいずれも2012年より増加していた（次ページ図3）。女性では20～24歳が1.3で最も高く、次いで25～29歳の0.9であった。

症状は無症候が473例（38.6%）、早期顕症Ⅰ期が220例（17.9%）、早期顕症Ⅱ期が469例（38.3%）、晚期顕症が60例（4.9%）、先天梅毒が4例（0.3%）であった。2012年と比べると男女ともに無症候と早期顕症Ⅱ期の増加が目立った。

感染経路は、男性では861例（87.1%）が性的接触と報告されており、同性間または異性/同性間性的接触が443例（51.5%）と過半数を占め、そのうち同性間性的接触が432例（50.2%）、異性/同性間性的接触11例

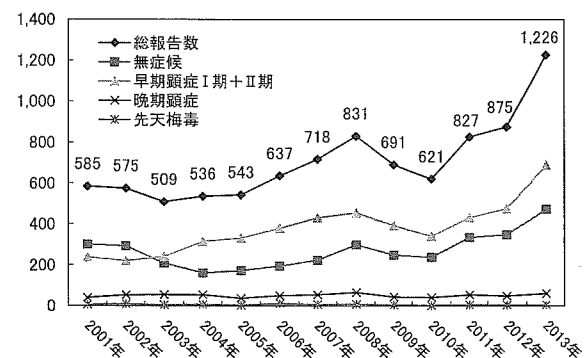


図1. 年別病態別報告数

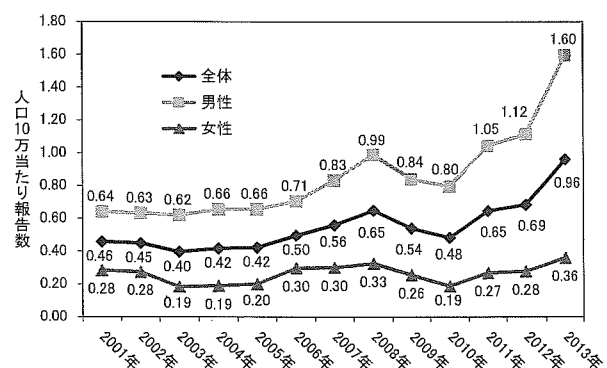


図2. 年別性別人口10万当たり報告数

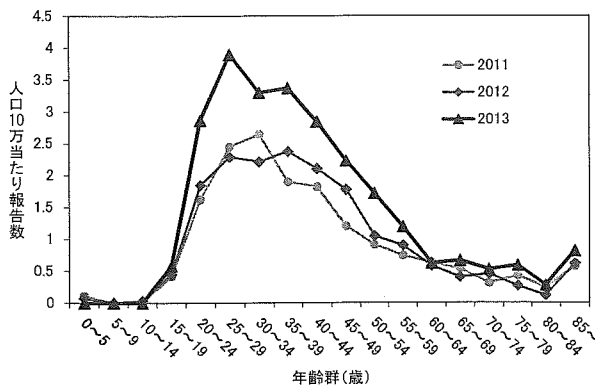


図3. 年齢群別年別人口10万当たり報告数・男性 (2011～2013年)

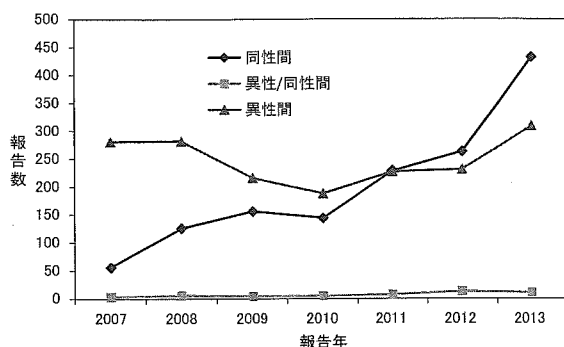


図4. 年別感染経路別報告数・男性 (2007～2013年)

(1.3%), 異性間性的接触は309例 (35.9%) であった (図4)。女性は160例 (67.5%) が性的接触と報告されており, 異性間性的接触が141例 (88.1%) と多くを占めた。

梅毒は近年, 10～40代の男性同性間性的接触感染が急増してきている。これは異性間性的接触による感染者が多くを占めるとされる性器クラミジア感染症や淋菌感染症が増加していないこととは対照的である⁴⁾。同じくMSMが感染者の多くを占めるHIV感染症の新規報告数が横ばいとなっているが⁵⁾, 現行の報告制度では各疾患の報告同士の関連が不明なため, 梅毒との関係は把握が困難である。女性も増加傾向にあり, MSM間での感染の流行が波及している可能性がある。また, 小児の先天梅毒は, 妊娠中の性感染対策の不備に起因していると考えられる。妊婦の梅毒検査の実施状況, 妊婦の梅毒感染率, 適切な治療と治療効果判定の有無, など, 先天梅毒に関する疫学情報の把握を行い, 適切な対策を行っていく必要がある。梅毒は診断が下れば治療は比較的容易だが, 診断の遅れから神経梅毒などを発症し後遺症が残ることも稀ではない。梅毒の予防には, 100%ではないもののコンドームに効果が認められている⁶⁾。増加傾向にある梅毒の国内外での動向を把握し, 医療関係者や罹患率が高い層に対して予防の重要性を含めて情報提供していくことが必要である。

参考文献

- 1) 2012 Sexually Transmitted Disease Surveillance, Centers for Disease Control and Prevention (<http://www.cdc.gov/std/stats12/syphilis.htm>, 閲覧2014年2月14日)
- 2) Savage EJ, *et al.*, Euro Surveill. 2012; 17 (29): pii 20224
- 3) Bremer V, *et al.*, Euro Surveill. 2012; 17 (29): pii 20222
- 4) IASR 29: 239-241, 2008
- 5) IASR 34: 251-252, 2013
- 6) Kamali A, *et al.*, Lancet 361: 645-652, 2003

国立感染症研究所感染症疫学センター

高橋琢理 山岸拓也 齊藤剛仁 有馬雄三

砂川富正 大石和徳

同細菌第一部 中山周一 大西 真

川崎市健康安全研究所 岡部信彦

<国内情報>

稀な血清型 Agbeni が同定された3件のサルモネラ感染事例の解析 — 秋田県

ヒト由来のサルモネラ検出数は, 過去5年間 Enteritidis および Infantis が常に1位, 2位を占めてはいるものの, それ以外の血清型も多く確認されている (<http://www.nih.go.jp/niid/ja/iasr/511-surveillance/iasr/tables/1525-iasrb.html>)。今回, その中でも稀なサルモネラ血清型 Agbeni の感染事例を3件確認したので報告する。

事例は, 2013 (平成25) 年8月27日～9月11日にかけて確認され, 患者は2歳男児, 4歳女児, 4カ月の乳児で, いずれも同じ市内に在住していた。分離された3株は市販の抗血清を用いた血清型別でO13群, H1抗原がg,m, H2抗原は検出されなかった。血清型を特定するため, Statens Serum Institute の抗血清を用いてO13群の副抗原 (O22, O23) の検出と, PCR法によるサルモネラ属菌および亜種Iの確認¹⁾と各抗原遺伝子の確認^{2,3)}を行った (次ページ表1)。3株はいずれもO23 (+), PCR法によりサルモネラ属菌特異的な *invA* (+), 亜種I特異的な STM4057 (+), O13群 (+), H1; g,m (+), H2; 1-complex および H2; e,n-complex についてはともに (-) であることが確認された。以上の結果から, サルモネラ血清型 Agbeni (1, 13, 23: g, m, [t]: -) と同定した。

また, Kirby-Bauer 法による感受性試験を行ったところ, 3株はいずれも供試したアンピシリン, ホスホマイシン, ノルフロキサシン, ゲンタマイシン, テトラサイクリン, クロラムフェニコールの6剤にはすべて感受性であった。

非常に稀な血清型が複数確認されたことから, PFGE

表1. PCR等による血清型の検討結果

事例No.	菌株No.	受付日	血清型別			PCR					
			O	H1	H2	invA	STM4057	O13	H1:g, m	H2:l	H2:e, n
1	Sa2675	8/27	O13, 23	g, m	-	+	+	+	+	-	-
2	Sa2680	9/5	O13, 23	g, m	-	+	+	+	+	-	-
3	Sa2681	9/11	O13, 23	g, m	-	+	+	+	+	-	-

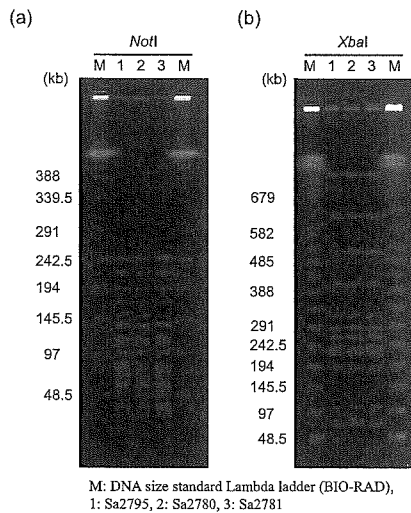


図1. PFGEによるDNAパターン

により菌のDNAパターンを比較したところ、NotIではいずれも同一、XbaIでは1株がバンド1本異なるのみで、事例間の関連性が疑われた(図1)。医療機関からの情報によると、初発の患者は直近にミドリガメを飼育し始めたとのことであり、感染源としてはこのミドリガメが強く疑われた。爬虫類を原因とする感染事例は国内外で散見され、特にミドリガメは子供のペットとして人気が高いが、そのサルモネラ汚染は高率で、様々な血清型のサルモネラの保菌が確認されて

いる⁴⁾。2013(平成25)年8月12日には米国での感染事例の多発を受け厚生労働省から注意喚起を促す通知が出されている。秋田県でも今回の事例確認後、感染症週報に爬虫類に起因するサルモネラ症についてトピックスを掲載し、改めて注意喚起を行った。

血清型の同定は感染症の発生動向を知る上で非常に重要である。しかしながら、サルモネラの血清型は複雑で、複数回の培養が必要なため時間を要する。今回PCR法による型別を行ったところ、従来の血清型別法と一致した結果が得られた。PCR法は、複数の抗原遺伝子を同時に検出できるため、迅速に血清型を推定することが可能と思われる。また、今回の事例のように稀な血清型が同定された場合は、従来の血清型別法と組み合わせることにより正確な血清型の同定に役立つと考えられた。

参考文献

- 1) Lee, *et al.*, Appl Microbio 107: 805-811, 2009
- 2) Franklin, *et al.*, J Clin Microbiol 49: 2954-2965, 2011
- 3) Maurer, *et al.*, J Vis Exp 21: 1-6, 2011
- 4) 黒木俊郎, 他, IASR 30: 212-213, 2009

秋田県健康環境センター保健衛生部

今野貴之 高橋志保 熊谷優子

檜尾拓子 和田恵理子 村山力則

八柳 潤 齊藤志保子

<資料> チフス菌・パラチフスA菌のファージ型別成績 (2013年12月21日～2014年2月20日受理分)

国立感染症研究所細菌第一部細菌第二室

チフス菌

ファージ型	所轄保健所	例数	菌分離年月	薬剤耐性	渡航先
B1	東京都多摩府中保健所	1	2013. 11		
UVS1	東京都葛飾区保健所	1	2013. 12	NA	
合計		2			

パラチフスA菌

ファージ型	所轄保健所	例数	菌分離年月	薬剤耐性	渡航先
1	東京都文京保健所	2 (2)	2013. 11		インドネシア
1	愛媛県松山市保健所	1 (1)	2013. 12	NA, CPFX	ミャンマー
4	東京都大田区保健所	1 (1)	2013. 12	NA, CPFX	インド
合計		4 (4)			

(): 海外輸入例再掲

UVS1: Untypable Vi strain group-1

NA: ナリジクス酸

CPFX: シプロフロキサシン

＜国内情報＞

日本の HIV 感染者・AIDS 患者の状況

(平成25年 9 月30日～12月29日)

平成26年 2 月28日

厚生労働省健康局疾病対策課

第136回エイズ動向委員会委員長コメント

《平成25年第4四半期》

【概要】

1. 今回の報告期間は平成25年 9 月30日～平成25年12月29日までの約3か月

2. 新規 HIV 感染者報告数は295件 (前回報告261件, 前年同時期257件)。そのうち男性282件, 女性13件で, 男性は前回 (251件) および前年同時期 (246件) より増加, 女性は前回 (10件) および前年同時期 (11件) より増加

3. 新規 AIDS 患者報告数は108件 (前回報告108件, 前年同時期114件)。そのうち男性101件, 女性7件で, 男性は前回 (102件) および前年同時期 (107件) より減少, 女性は前回 (6件) より増加, 前年同時期 (7件) と同数

4. HIV感染者 AIDS患者を合わせた新規報告数は403件

【感染経路・年齢等の動向】

1. 新規 HIV 感染者:

○同性間性的接触によるものが205件 (全 HIV 感染者報告数の約69%)

○異性間性的接触によるものが51件 (全 HIV 感染者報告数の約17%)。そのうち男性42件, 女性9件

○静注薬物によるものは2件 (うち, その他に計上されているものが1件)

○年齢別では, 20～30代が多い。

2. 新規 AIDS 患者:

○同性間性的接触によるものが59件 (全 AIDS 患者報告数の約55%)

○異性間性的接触によるものが25件 (全 AIDS 患者報告数の約23%)。そのうち男性21件, 女性4件

○静注薬物によるものは3件

○年齢別では, 30～40代が多い。

【検査・相談件数の概況 (平成25年10月～12月)】

1. 保健所における HIV 抗体検査件数 (確定値) は34,161件 (前回報告24,533件, 前年同時期26,597件), 自治体が実施する保健所以外の検査件数 (確定値) は8,916件 (前回報告7,310件, 前年同時期7,223件)

2. 保健所等における相談件数 (確定値) は43,077件 (前回報告31,843件, 前年同時期33,820件)

【献血の概況 (平成25年 1 月～12月)】

1. 献血件数 (速報値) は, 5,205,819件 (前年同時期速報値5,271,103件)

2. そのうち HIV 抗体・核酸増幅検査陽性件数 (速

報値) は63件 (前年同時期速報値68件)。10万件当たりの陽性件数 (速報値) は, 1.210件 (前年同時期速報値1.290件)

《まとめ》

1. 前回に比し, 新規 HIV 感染者報告数は増加し, 新規 AIDS 患者報告数は横ばいであった。

2. 前回および前年同時期に比し, 保健所等における HIV 抗体検査件数, 相談件数ともに大幅に増加した。

検査・相談件数増加要因としては, 12月1日の世界エイズデーにあわせた各自治体のイベント検査による増加, 輸血による HIV 感染報道の影響が考えられる。

3. 早期発見は個人においては早期治療, 社会においては感染の拡大防止に結びつくので, 今後も保健所等の無料・匿名 HIV 抗体検査および相談を積極的に利用していただきたい。

《平成25年年間報告 (速報値)》

【概要】

1. 今回の報告期間は平成24年12月31日～平成25年12月29日までの約1年 (四半期ごと速報値の合計)

2. 新規 HIV 感染者報告数は1,077件で過去3位

3. 新規 AIDS 患者報告数は469件で過去2位

4. HIV感染者と AIDS患者を合わせた新規報告数は1,546件で過去2位

※これまでの最高は, 平成20年 (確定値) で HIV 感染者は, 1,126件, AIDS患者431件, 合計1,557件。

【感染経路・年齢等の動向 (速報値)】

1. 新規 HIV 感染者:

○同性間性的接触によるものが760件 (全 HIV 感染者報告数の約71%)

○異性間性的接触によるものが189件 (全 HIV 感染者報告数の約18%)

○静注薬物によるものは7件 (うち, その他に計上されているものが6件)

○母子感染によるものは1件

○年齢別では, 特に20～30代が多い。

2. 新規 AIDS 患者:

○同性間性的接触によるものが268件 (全 AIDS 患者報告数の約57%)

○異性間性的接触によるものが110件 (全 AIDS 患者報告数の約23%)

○静注薬物によるものは7件 (うち, その他に計上されているものが4件)

○母子感染によるものは0件

○年齢別では, 特に30歳以上が多い。なお, 40歳以上が約63%を占めている。

【検査・相談件数の概況 (平成25年 1 月～12月)】

1. 保健所等における HIV 抗体検査件数 (確定値) は136,400件で過去4位 (過去最高は平成20年177,156件)

感染症法に基づくHIV感染者・エイズ患者情報(平成25年9月30日～12月29日)

法定報告分

1-1. 性別・感染経路別HIV感染者数

	男 性	女 性	合 計
異性間の性的接触	42 (5)	9 (2)	51 (7)
同性間の性的接触*	205 (13)	- (-)	205 (13)
静注薬物濫用	1 (1)	- (-)	1 (1)
母子感染	- (-)	- (-)	- (-)
その他**	2 (1)	- (-)	2 (1)
不 明	32 (6)	4 (2)	36 (8)
合 計	282 (26)	13 (4)	295 (30)

()内は外国人再掲数

*両性間性的接触を含む

**輸血などに伴う感染例や推定される感染経路が複数ある例を含む

1-2. 性別・感染経路別エイズ患者数

	男 性	女 性	合 計
異性間の性的接触	21 (-)	4 (2)	25 (2)
同性間の性的接触*	59 (3)	- (-)	59 (3)
静注薬物濫用	3 (3)	- (-)	3 (3)
母子感染	- (-)	- (-)	- (-)
その他**	1 (1)	1 (-)	2 (1)
不 明	17 (2)	2 (1)	19 (3)
合 計	101 (9)	7 (3)	108 (12)

()内は外国人再掲数

2-1. 性別・年齢別HIV感染者数

	男 性	女 性	合 計
10歳未満	- (-)	- (-)	- (-)
10～19歳	4 (1)	- (-)	4 (1)
20～29歳	88 (7)	3 (-)	91 (7)
30～39歳	89 (7)	4 (2)	93 (9)
40～49歳	61 (9)	4 (1)	65 (10)
50～59歳	22 (2)	- (-)	22 (2)
60～69歳	13 (-)	2 (1)	15 (1)
70歳以上	5 (-)	- (-)	5 (-)
不 明	- (-)	- (-)	- (-)
合 計	282 (26)	13 (4)	295 (30)

()内は外国人再掲数

2-2. 性別・年齢別エイズ患者数

	男 性	女 性	合 計
10歳未満	- (-)	- (-)	- (-)
10～19歳	- (-)	- (-)	- (-)
20～29歳	9 (-)	- (-)	9 (-)
30～39歳	32 (4)	3 (-)	35 (4)
40～49歳	32 (1)	2 (2)	34 (3)
50～59歳	18 (4)	1 (1)	19 (5)
60～69歳	6 (-)	1 (-)	7 (-)
70歳以上	4 (-)	- (-)	4 (-)
不 明	- (-)	- (-)	- (-)
合 計	101 (9)	7 (3)	108 (12)

()内は外国人再掲数

3-1. 性別・感染地域別HIV感染者数

	男 性	女 性	合 計
国 内	241 (11)	9 (1)	250 (12)
海 外	19 (10)	4 (3)	23 (13)
不 明	22 (5)	- (-)	22 (5)
合 計	282 (26)	13 (4)	295 (30)

()内は外国人再掲数

3-2. 性別・感染地域別エイズ患者数

	男 性	女 性	合 計
国 内	79 (4)	4 (1)	83 (5)
海 外	8 (3)	- (-)	8 (3)
不 明	14 (2)	3 (2)	17 (4)
合 計	101 (9)	7 (3)	108 (12)

()内は外国人再掲数

HIV感染者およびエイズ患者の国籍別、性別、感染経路別報告数の累計(平成25年12月29日現在) 法定報告分

1. HIV感染者

	男 性	女 性	合 計
異性間の性的接触	2,918 (390)	1,499 (819)	4,417 (1,209)
同性間の性的接触*	8,874 (498)	5 (1)	8,879 (499)
静注薬物使用	62 (26)	5 (3)	67 (29)
母子感染	20 (5)	17 (8)	37 (13)
その他**	301 (51)	63 (25)	364 (76)
不 明	1,378 (387)	641 (535)	2,019 (922)
合 計	13,553 (1,357)	2,230 (1,391)	15,783 (2,748)
凝固因子製剤による感染者***	1,421 (...)	18 (...)	1,439 (...)

()内は外国人再掲数

* 両性間性的接触を含む

** 輸血などに伴う感染例や推定される感染経路が複数ある例を含む

*** 「血液凝固異常症全国調査」による2012年5月31日現在の凝固因子製剤による感染者数

**** 1999(平成11)年3月31日までの病状変化によるエイズ患者報告数154件を含む

2. エイズ患者

	男 性	女 性	合 計
異性間の性的接触	2,174 (277)	434 (210)	2,608 (487)
同性間の性的接触*	2,697 (135)	5 (2)	2,702 (137)
静注薬物使用	48 (26)	5 (2)	53 (28)
母子感染	10 (1)	7 (4)	17 (5)
その他**	179 (25)	36 (15)	215 (40)
不 明	1,365 (345)	228 (147)	1,593 (492)
合 計 ****	6,473 (809)	715 (380)	7,188 (1,189)

HIV感染者+エイズ患者

合 計	20,026 (2,166)	2,945 (1,771)	22,971 (3,937)
-----	------------------	-----------------	------------------

死亡者報告数

感染症法施行後の任意報告数(平成11年4月1日～平成25年12月31日)	351名
エイズ予防法*に基づく法定報告数(平成元年2月17日～平成11年3月31日)	596名
凝固因子製剤による感染者の累積死亡者数**	682名

* エイズ予防法第5条に基づき、血液凝固因子製剤による感染者を除く

** 「血液凝固異常症全国調査」による2012年5月31日現在の報告数

2. 保健所等における相談件数(確定値)は145,401件で過去10位(過去最高は平成20年230,091件)
《まとめ》

1. 平成25年は速報値ではあるが、ここ数年間、新規HIV感染者と新規AIDS患者を合わせて約1,500件の報告があり、横ばい傾向のまま高止まりしている。

2. 年齢別の新規HIV感染者報告数は、特に20～30代で多く、感染経路として同性間性的接触の割合が最も高い。

3. 新規HIV感染者および新規AIDS患者報告数の合計は、ここ7年間で1万件以上報告されており、累積では、22,971件の報告がある。

4. 検査を受け、早期に治療を始めることでAIDSの発症を防ぐことが出来る。新規AIDS患者報告例の年齢ピークが30代から40代へと上昇傾向を示し、40歳以上が約63%を占めている。また、新規HIV感染者・新規AIDS患者報告数に占める新規AIDS患者報告数の割合は依然として30%を超えたまま推移している。

HIV感染者およびエイズ患者の都道府県別累積報告状況

都道府県	HIV感染者		エイズ患者		ブロック別	
	報告数	%	報告数	%	HIV感染者 累積報告数	エイズ患者 累積報告数
北海道	216 (8)	1.4	135 (3)	1.9	216	135
青森県	46 (0)	0.3	25 (0)	0.3	1.4%	1.9%
岩手県	26 (0)	0.2	29 (0)	0.4		
宮城県	109 (2)	0.7	76 (2)	1.1	東北	
秋田県	20 (0)	0.1	23 (0)	0.3		
山形県	21 (0)	0.1	23 (0)	0.3	282	217
福島県	60 (0)	0.4	41 (0)	0.6	1.8%	3.0%
茨城県	506 (3)	3.2	303 (3)	4.2		
栃木県	224 (3)	1.4	179 (2)	2.5		
群馬県	168 (3)	1.1	125 (1)	1.7		
埼玉県	456 (6)	2.9	305 (3)	4.2		
千葉県	689 (13)	4.4	479 (6)	6.7	関東・ 甲信越	
東京都	5,891 (87)	37.3	1,857 (18)	25.8		
神奈川県	1,087 (25)	6.9	532 (8)	7.4		
新潟県	83 (0)	0.5	56 (3)	0.8		
山梨県	106 (0)	0.7	43 (0)	0.6	9,514	4,069
長野県	296 (3)	1.9	190 (0)	2.6	60.3%	56.6%
富山県	34 (2)	0.2	26 (0)	0.4	北陸	
石川県	63 (1)	0.4	33 (1)	0.5	142	84
福井県	45 (0)	0.3	25 (0)	0.3	0.9%	1.2%
岐阜県	118 (1)	0.8	98 (2)	1.4		
静岡県	371 (4)	2.4	187 (3)	2.6	東海	
愛知県	921 (19)	5.8	471 (9)	6.6	1,545	838
三重県	135 (5)	0.9	82 (2)	1.1	9.8%	11.7%
滋賀県	65 (1)	0.4	50 (2)	0.7		
京都府	209 (4)	1.3	100 (1)	1.4		
大阪府	1,961 (49)	12.4	634 (12)	8.8	近畿	
兵庫県	342 (8)	2.2	196 (3)	2.7		
奈良県	90 (2)	0.6	61 (3)	0.8	2,721	1,086
和歌山県	54 (1)	0.3	45 (0)	0.6	17.2%	15.1%

法定報告分

都道府県	HIV感染者		エイズ患者		ブロック別	
	報告数	%	報告数	%	HIV感染者 累積報告数	エイズ患者 累積報告数
鳥取県	13 (1)	0.1	11 (0)	0.2		
島根県	16 (0)	0.1	5 (1)	0.1		
岡山県	102 (8)	0.7	63 (0)	0.9	中国・ 四国	
広島県	188 (7)	1.2	91 (6)	1.3		
山口県	53 (2)	0.3	17 (0)	0.2		
徳島県	25 (0)	0.2	19 (0)	0.3		
香川県	49 (2)	0.3	36 (1)	0.5		
愛媛県	64 (1)	0.4	49 (1)	0.7	540	307
高知県	30 (0)	0.2	16 (0)	0.2	3.4%	4.3%
福岡県	388 (12)	2.5	180 (3)	2.5		
佐賀県	23 (0)	0.2	12 (0)	0.2		
長崎県	39 (0)	0.3	25 (0)	0.3		
熊本県	69 (2)	0.4	48 (1)	0.7	九州・ 沖縄	
大分県	39 (2)	0.3	23 (1)	0.3		
宮崎県	33 (0)	0.2	26 (1)	0.4		
鹿児島県	68 (2)	0.4	49 (4)	0.7	823	452
沖縄県	164 (6)	1.0	89 (2)	1.2	5.2%	6.3%
	15,783 (295)		7,188 (108)			

(平成25年12月29日現在)

1. 凝固因子製剤による患者・感染者は除く

2. ()内は今回報告数(平成25年9月30日～平成25年12月29日分)である

* 都道府県は報告地

献血件数およびHIV抗体・核酸増幅検査陽性件数

(厚生労働省医薬食品局血液対策課)

年	献血件数 (検査実施数)	陽性件数 ()内女性	10万件 当たり	年	献血件数 (検査実施数)	陽性件数 ()内女性	[]内核酸増幅 検査のみ陽性	10万件 当たり
1987年 (昭和62年)	8,217,340 件	11 (1)件	0.134 件	2000年 (平成12年)	5,877,971 件	67 (4)件	[3]	1.140 件
1988年 (昭和63年)	7,974,147	9 (1)	0.113	2001年 (平成13年)	5,774,269	79 (1)	[1]	1.368
1989年 (平成元年)	7,876,682	13 (1)	0.165	2002年 (平成14年)	5,784,101	82 (5)	[2]	1.418
1990年 (平成2年)	7,743,475	26 (6)	0.336	2003年 (平成15年)	5,621,096	87 (8)	[2]	1.548
1991年 (平成3年)	8,071,937	29 (4)	0.359	2004年 (平成16年)	5,473,140	92 (4)	[2]	1.681
1992年 (平成4年)	7,710,693	34 (7)	0.441	2005年 (平成17年)	5,320,602	78 (3)	[2]	1.466
1993年 (平成5年)	7,205,514	35 (5)	0.486	2006年 (平成18年)	4,987,857	87 (5)	[1]	1.744
1994年 (平成6年)	6,610,484	36 (5)	0.545	2007年 (平成19年)	4,939,550	102 (3)	[6]	2.065
1995年 (平成7年)	6,298,706	46 (9)	0.730	2008年 (平成20年)	5,077,238	107 (3)	[0]	2.107
1996年 (平成8年)	6,039,394	46 (5)	0.762	2009年 (平成21年)	5,287,101	102 (6)	[2]	1.929
1997年 (平成9年)	5,998,760	54 (5)	0.900	2010年 (平成22年)	5,318,586	86 (3)	[1]	1.617
1998年 (平成10年)	6,137,378	56 (4)	0.912	2011年 (平成23年)	5,252,182	89 (8)	[3]	1.695
1999年 (平成11年)	6,139,205	64 (6)	1.042	2012年 (平成24年)	5,271,103	68 (6)	[1]	1.290
				2013年 (平成25年1～12月) (速報値)	5,205,819	63 (2)	[1]	1.210

(注)・1986(昭和61)年は、年中途から実施したことなどから、3,146,940件、うち陽性件数11件(女性0)となっている

・抗体検査および核酸増幅検査陽性の血液は廃棄され、製剤には使用されない

・核酸増幅検査については、1999(平成11)年10月より全国的に実施している

・2013(平成25)年は、1月～12月の速報値で集計している

以上から、検査は未だ十分行き届いていないと考えられる。

5. 平成22年以降、保健所等における HIV 抗体検査件数はゆるやかではあるが増加傾向を示しているものの、相談件数は減少傾向を示しており、社会の HIV への関心の低下が懸念される。

6. 速報値ではあるが、献血における10万件当たりの陽性件数は減少傾向であった。

7. 国民の皆様には、積極的に HIV 検査を受けていただきたい。自治体におかれては、エイズ予防指針を踏まえ、引き続き利便性に配慮した検査相談体制を推進していただきたい。

<病原細菌検出状況、由来ヒト・2014年3月3日現在報告数>

検体採取月別 (地研・保健所)-1

(2014年3月3日現在累計)

	2012年					2013年				
	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月	4月	5月
Verotoxin-producing <i>E.coli</i>	259	197 (1)	101	62 (2)	44	10	31 (2)	12	19 (1)	41
Enterotoxigenic <i>E.coli</i>	5	25	5	-	2	-	-	3 (2)	5	3
Enteroinvasive <i>E.coli</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
Enteropathogenic <i>E.coli</i>	1	6	2	7	6	2	-	1	3 (1)	1
Enteraggregative <i>E.coli</i>	1	2	7	6	1	5	1	3	2 (1)	3
Other diarrheagenic <i>E.coli</i>	6	7	46	3	6	13	1	4	3	1
<i>Salmonella</i> Typhi	3	1 (1)	-	-	-	2 (2)	1 (1)	2 (2)	2	-
<i>Salmonella</i> Paratyphi A	-	-	1 (1)	-	2 (2)	-	1 (1)	3 (2)	1 (1)	1 (1)
<i>Salmonella</i> O4	31	26	18	16	13	5	4	14 (1)	8	8
<i>Salmonella</i> O7	51	26 (1)	29	9	9	7	2	10 (2)	-	10
<i>Salmonella</i> O8	35	17	26	14	-	2	2	2	1	4
<i>Salmonella</i> O9	17	41	30	8	8	-	1	5 (2)	2	1
<i>Salmonella</i> O3,10	2	-	1	1	3	-	-	-	-	1
<i>Salmonella</i> O1,3,19	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i> O11	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i> O13	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i> O18	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i> O30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i> O39	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
<i>Salmonella</i> group unknown	4	-	2	-	1	-	-	-	1	-
<i>Vibrio cholerae</i> O1:El Tor Ogawa,CT+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)
<i>Vibrio cholerae</i> non-O1&O139	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	7	11	-	-	-	-	1	-	-	-
<i>Vibrio furnissii</i>	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Aeromonas hydrophila</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Plesiomonas shigelloides</i>	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Campylobacter jejuni</i>	75	65	65	58	42	27	19	36	54	58
<i>Campylobacter coli</i>	1	2	1	5	-	1	1	1	1	2
<i>Campylobacter jejuni/coli</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
<i>Staphylococcus aureus</i>	48	26	40	28	17	8	28	23	12	14
<i>Clostridium perfringens</i>	62	49	17	-	7	1	1	2	4	33
<i>Bacillus cereus</i>	1	7	2	2	-	-	-	2	-	-
<i>Listeria monocytogenes</i>	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Yersinia enterocolitica</i>	22	4	1	-	-	2	1	1	21	1
<i>Shigella dysenteriae</i> 4	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 1a	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 1b	1 (1)	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 2a	-	-	-	-	-	-	-	3	1	-
<i>Shigella flexneri</i> 2b	-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 3a	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> 6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella flexneri</i> other serovars	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	1	1
<i>Shigella flexneri</i> untypable	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella boydii</i> 8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Shigella sonnei</i>	1 (1)	13 (8)	2 (2)	3 (2)	2 (2)	1 (1)	4 (2)	2 (1)	1	1 (1)
<i>Entamoeba histolytica</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-
<i>Streptococcus</i> group A	18	17	18	41	56	36	43	52	39	48
<i>Streptococcus</i> group B	3	1	7	-	1	-	1	-	1	-
<i>Streptococcus</i> group C	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-
<i>Streptococcus</i> group G	-	2	1	1	1	2	-	-	3	3
<i>Streptococcus</i> other groups	-	-	-	2	1	-	-	1	-	-
<i>S.dysgalactiae</i> subsp. <i>equisimilis</i>	-	-	1	1	-	-	-	-	1	1
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	8	4	7	8	8	10	5	4	15	15
<i>Bordetella pertussis</i>	42	11	11	5	1	-	3	3	12	2
<i>Legionella pneumophila</i>	-	1	5	5	3	-	-	-	2	-
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	1	1	1	-	-	5	5	6	1	-
<i>Mycobacterium bovis</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	87	55	51	43	54	33	9	5	8	9
<i>Haemophilus influenzae</i> b	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Haemophilus influenzae</i> non-b	5	2	1	3	2	6	5	6	7	-
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	-	1	-	10	-	-	-	-	-	-
<i>Neisseria meningitidis</i>	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-
<i>Enterococcus faecalis</i>	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-
<i>Enterococcus faecium</i>	1	-	-	-	-	-	1	-	-	20
<i>Enterococcus gallinarum</i>	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Enterococcus casseliflavus</i>	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	-	1	-	-	46	-	-	-	63	-
<i>Leptospira interrogans</i>	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-
<i>Leptospira</i> sp.	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
合計	807 (2)	622 (12)	501 (4)	344 (4)	339 (5)	182 (5)	172 (6)	206 (12)	296 (4)	286 (3)

(): 輸入例再掲

検体採取月別 (地研・保健所)-2

(2014年3月3日現在累計)

2013年							2014年		合計	
6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月	1月			
110 (2)	263	307 (1)	210 (1)	138	64	64	1	1933 (10)	Verotoxin-producing <i>E.coli</i>	
-	11	35	5	2 (1)	8 (1)	-	-	109 (4)	Enterotoxigenic <i>E.coli</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	Enteroinvasive <i>E.coli</i>	
4	13	18	20	4	8	3	1	100 (1)	Enteropathogenic <i>E.coli</i>	
5	3	7	13	3	3	4	2	71 (1)	Enterotoxigenic <i>E.coli</i>	
4	-	1	2	-	-	1	-	98	Other diarrheagenic <i>E.coli</i>	
-	2 (2)	4 (2)	4 (1)	2 (1)	2 (2)	-	-	25 (14)	<i>Salmonella</i> Typhi	
1 (1)	-	2 (2)	-	-	1 (1)	1 (1)	-	14 (13)	<i>Salmonella</i> Paratyphi A	
10	11	23	16	18 (1)	2	5	13 (4)	241 (6)	<i>Salmonella</i> O4	
4	13	15	28	11	14	13	2	253 (3)	<i>Salmonella</i> O7	
5	5	11	7	5	5	3	7 (2)	151 (2)	<i>Salmonella</i> O8	
3	8	22	27	19	7	2	5 (2)	206 (4)	<i>Salmonella</i> O9	
-	-	-	-	-	-	1	1	10	<i>Salmonella</i> O3,10	
1	-	1	-	-	1	-	1	5	<i>Salmonella</i> O1,3,19	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Salmonella</i> O11	
-	-	1	2	-	-	-	-	4	<i>Salmonella</i> O13	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Salmonella</i> O18	
-	1	-	-	-	-	-	-	1	<i>Salmonella</i> O30	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Salmonella</i> O39	
-	-	-	-	2	-	-	-	10	<i>Salmonella</i> group unknown	
-	-	1 (1)	-	1 (1)	-	-	-	3 (3)	<i>Vibrio cholerae</i> O1:El Tor Ogawa,CT+	
-	-	-	2	1	-	-	-	3	<i>Vibrio cholerae</i> non-O1&O139	
-	1	14	18	2	-	-	-	54	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Vibrio furnissii</i>	
1	-	-	1	1	-	-	-	3	<i>Aeromonas hydrophila</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Plesiomonas shigelloides</i>	
60	54	73	57	70	71	64	31	979	<i>Campylobacter jejuni</i>	
6	-	4	2	2	2	1	4	36	<i>Campylobacter coli</i>	
-	-	-	-	-	-	1	-	3	<i>Campylobacter jejuni/coli</i>	
33	53	51	2	2	4	31	13	433	<i>Staphylococcus aureus</i>	
1	113	13	34	8	-	43	4	392	<i>Clostridium perfringens</i>	
3	-	2	2	-	-	-	-	21	<i>Bacillus cereus</i>	
-	-	-	-	-	1	-	-	2	<i>Listeria monocytogenes</i>	
1	4	2	5	-	2	-	1	68	<i>Yersinia enterocolitica</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)	<i>Shigella dysenteriae</i> 4	
-	-	1	-	-	-	-	-	1	<i>Shigella flexneri</i> 1a	
-	-	-	-	-	-	-	-	2 (2)	<i>Shigella flexneri</i> 1b	
-	-	-	-	-	-	-	1 (1)	1 (1)	<i>Shigella flexneri</i> 1	
-	-	-	-	-	-	-	-	4	<i>Shigella flexneri</i> 2a	
-	2	-	-	1	-	-	-	4 (1)	<i>Shigella flexneri</i> 2b	
-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	2 (1)	<i>Shigella flexneri</i> 3a	
-	-	-	-	1	-	-	-	1	<i>Shigella flexneri</i> 4	
-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	1 (1)	<i>Shigella flexneri</i> 6	
-	-	-	-	-	1	-	-	4 (1)	<i>Shigella flexneri</i> other serovars	
-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)	<i>Shigella flexneri</i> untypable	
-	1	-	-	-	-	-	-	1	<i>Shigella boydii</i> 8	
5 (4)	6 (1)	6 (3)	2 (1)	1	1	2	-	53 (29)	<i>Shigella sonnei</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Entamoeba histolytica</i>	
31	34	13	8	16	17	21	32	540	<i>Streptococcus</i> group A	
1	2	-	1	-	2	1	-	21	<i>Streptococcus</i> group B	
-	-	-	-	-	-	-	-	2	<i>Streptococcus</i> group C	
2	2	-	1	1	2	1	1	23	<i>Streptococcus</i> group G	
-	-	-	-	1	-	-	-	5	<i>Streptococcus</i> other groups	
-	1	-	-	-	-	-	-	5	<i>S.dysgalactiae</i> subsp. <i>equisimilis</i>	
8	6	1	2	4	7	10	23	145	<i>Streptococcus pneumoniae</i>	
3	-	1	2	6	3	-	1	106	<i>Bordetella pertussis</i>	
3	5	2	2	-	2	1	1	32	<i>Legionella pneumophila</i>	
-	-	-	3	2	3	1	2	31	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	
-	-	-	1	-	-	-	-	1	<i>Mycobacterium bovis</i>	
7	4	7	11	12	12	11	3	421	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	
1	-	1	-	-	-	-	-	2	<i>Haemophilus influenzae</i> b	
3	6	-	2	1	3	-	1	53	<i>Haemophilus influenzae</i> non-b	
-	-	-	-	-	-	-	-	11	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	
1	-	-	-	1	-	-	-	4	<i>Neisseria meningitidis</i>	
1	1	-	-	-	-	-	-	4	<i>Enterococcus faecalis</i>	
-	-	1	-	-	-	1	-	24	<i>Enterococcus faecium</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Enterococcus gallinarum</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Enterococcus casseliflavus</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	110	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	
-	-	1	1	-	-	-	-	3	<i>Leptospira interrogans</i>	
-	-	-	-	-	-	-	-	1	<i>Leptospira</i> sp.	
318 (7)	625 (3)	641 (9)	493 (3)	339 (5)	249 (5)	286 (1)	151 (9)	6857 (99)	合計	

報告機関別 (地研・保健所) 2014年1月検体採取分

(2014年3月3日現在)

	秋田県	山形県	さいたま市	東京都	神奈川県	横浜市	川崎市	横須賀市	山梨県	長野県	静岡県	京都市	神戸市	広島市	高知県	宮城県	合計
Verotoxin-producing <i>E.coli</i>	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Enteropathogenic <i>E.coli</i>	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Enteraggregative <i>E.coli</i>	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
<i>Salmonella</i> O4	-	-	-	-	-	12 (4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	13 (4)
<i>Salmonella</i> O7	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
<i>Salmonella</i> O8	-	-	-	-	-	6 (2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	7 (2)
<i>Salmonella</i> O9	-	-	-	1	-	4 (2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	5 (2)
<i>Salmonella</i> O3,10	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Salmonella</i> O1,3,19	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Campylobacter jejuni</i>	4	-	-	3	-	1	3	-	-	-	-	6	4	10	-	-	31
<i>Campylobacter coli</i>	-	-	-	1	-	-	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	4
<i>Staphylococcus aureus</i>	-	1	-	-	-	1	-	-	-	1	3	-	2	4	-	1	13
<i>Clostridium perfringens</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	-	4
<i>Yersinia enterocolitica</i>	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Shigella flexneri</i>	-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)
<i>Streptococcus</i> group A	17	-	-	-	-	9	3	-	-	-	-	1	-	2	-	-	32
<i>Streptococcus</i> group G	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	-	-	-	-	-	23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	23
<i>Bordetella pertussis</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1
<i>Legionella pneumophila</i>	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	2
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	3
<i>Haemophilus influenzae</i> non-b	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
合計	24	3	1	5	9	55 (9)	5	1	1	1	9	8	6	16	3	4	151 (9)

*Salmonella*血清型内訳

O4 Typhimurium	-	-	-	-	-	3 (2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3 (2)
O4 Stanley	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4
O4 Saintpaul	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
O4 Schwarzengrund	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1
O4 Coeln	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
O4 Haifa	-	-	-	-	-	2 (2)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2 (2)
O7 Thompson	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
O7 Bareilly	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
O8 Litchfield	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
O8 Bovismorbificans	-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)
O8 Manhattan	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1
O8 Albany	-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)
O8 Nagoya	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
O8 Yovokome	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
O9 Enteritidis	-	-	-	1	-	3 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4 (1)
O9 Panama	-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)
O3,10 Weltevreden	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1
O1,3,19 Senftenberg	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1

*Shigella*血清型内訳

<i>Shigella flexneri</i> 1	-	-	-	-	-	1 (1)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1 (1)
----------------------------	---	---	---	---	---	---------	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---------

A群溶レン菌T型内訳

T1	2	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4
T3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
T6	-	-	-	-	3	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6
T12	2	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4
TB3264	13	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	16
Untypable	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1

():輸入例再掲

臨床診断名別 (地研・保健所) 2014年1月～2月累計 (2014年2月28日現在)

	腸管出血性大腸菌感染症	A群溶レン菌咽頭炎	感染性胃腸炎	百日咳	マイコプラズマ肺炎	その他	不明・記載なし	合計
Verotoxin-producing <i>E.coli</i>	8	-	-	-	-	-	-	8
Enteropathogenic <i>E.coli</i>	-	-	1	-	-	-	1	2
Enteroggregative <i>E.coli</i>	-	-	2	-	-	-	-	2
<i>Salmonella</i> O3,10	-	-	-	-	-	1	-	1
<i>Staphylococcus aureus</i>	-	-	-	-	-	-	1	1
<i>Streptococcus pyogenes</i>	-	23	-	-	-	-	-	23
<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	-	-	-	-	3	1	-	4
<i>Moraxella catarrhalis</i>	-	-	-	1	-	-	-	1
合計	8	23	3	1	3	2	2	42

*「病原体個票」により臨床診断名が報告された例を集計
診断名は感染症発生動向調査対象疾病＋食中毒

海外渡航先別 2014年1月～2月累計

(2014年2月28日現在)

	アラブ首長国連邦	インドネシア	カンボジア	シンガポール	タイ	台湾	中国	パキスタン	フィリピン	ベトナム	香港	マカオ	マレーシア	ブルンジ	ミャンマー	グアム	ハワイ	例数
地研・保健所																		
Influenza virus A H1pdm09	-	-	-	1	1	2	9	-	-	-	1	2	-	-	-	-	-	13
Influenza virus A H3	-	1	-	-	-	-	8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	9
Influenza virus B/Victoria	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	3
Influenza virus B/Yamagata	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	2
Measles virus genotype NT	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Measles virus genotype B3	-	-	-	-	-	-	-	-	28	-	-	-	-	-	1	-	-	29
Measles virus genotype D8	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	-	2
Measles virus genotype D9	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Dengue virus 1	-	3	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	4
Dengue virus 2	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	1
Norovirus genogroup II NT	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hepatitis A virus NT	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Hepatitis A virus IA	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-	1	-	-	2
検疫所																		
<i>Plasmodium falciparum</i>	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Dengue virus 4	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1

*「病原体個票」により渡航先が報告された例を集計
2つ以上の国/地域へ渡航した例、記載された国から来日した輸入例を含む
NT:未同定

<ウイルス検出状況、由来ヒト・2014年2月28日現在報告数>

検体採取月別

(2014年2月28日現在累計)

	2012年				2013年												2014年				合計
	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月			
Picornavirus NT	8	6	10	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	25		
Enterovirus NT	56	56	22	16	27	24	25	6	11	14	60	21	7	12	10	3	1	1	372		
Coxsackievirus A2	24	6	8	7	-	-	-	-	1	10	47	30	17	3	4	2	-	-	159		
Coxsackievirus A4	7	3	1	2	-	1	-	1	3	2	2	1	-	2	2	-	1	-	28		
Coxsackievirus A5	20	6	3	2	2	-	1	-	-	2	12	9	9	8	6	-	1	-	81		
Coxsackievirus A5	21	15	13	16	21	8	9	26	49	173	490	268	153	53	23	4	2	-	1344		
Coxsackievirus A8	3	-	2	2	4	1	-	1	5	24	98	49	11	5	-	-	-	-	203		
Coxsackievirus A9	64	22	17	2	6	-	3	1	4	10	13	20	5	2	3	2	1	-	175		
Coxsackievirus A10	3	-	-	-	-	-	-	-	1	3	10	12	3	2	-	-	-	-	34		
Coxsackievirus A12	16	14	7	1	-	-	-	1	-	1	2	-	2	2	2	-	-	-	48		
Coxsackievirus A14	-	1	-	1	-	-	-	-	1	1	2	-	-	-	-	-	-	-	6		
Coxsackievirus A16	10	9	5	8	2	-	-	1	3	10	21	19	9	10	7	3	-	-	117		
Coxsackievirus A21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	2		
Coxsackievirus B1	-	-	1	-	-	-	1	-	2	-	12	10	8	14	11	7	4	-	70		
Coxsackievirus B2	2	1	3	-	-	-	-	1	5	5	23	19	15	7	3	7	-	-	96		
Coxsackievirus B3	3	5	2	3	-	1	1	1	4	46	46	34	24	13	2	3	-	-	191		
Coxsackievirus B4	2	-	1	3	4	2	2	1	-	1	12	6	6	7	5	2	-	-	54		
Coxsackievirus B5	28	12	11	11	2	3	-	4	12	9	30	15	18	12	3	4	-	-	174		
Coxsackievirus B6	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1		
Echovirus NT	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1	7		
Echovirus 3	2	-	1	1	-	-	-	1	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	7		
Echovirus 6	28	31	23	22	14	10	4	3	4	16	61	35	32	10	8	2	-	-	303		
Echovirus 7	29	17	11	5	1	-	-	-	2	4	8	-	-	-	2	-	-	-	79		
Echovirus 9	13	7	3	1	1	1	-	-	2	-	4	3	6	1	1	1	-	-	44		
Echovirus 11	-	-	-	-	-	-	1	-	1	1	5	3	18	17	12	9	1	-	69		
Echovirus 12	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2		
Echovirus 17	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	3		
Echovirus 18	11	17	3	4	5	4	4	3	1	17	19	20	13	15	4	3	1	-	144		
Echovirus 19	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	2	1	-	-	-	6		
Echovirus 21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	2		
Echovirus 25	1	-	1	1	-	-	-	-	-	-	2	11	8	11	7	7	2	-	51		
Echovirus 30	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	13	13	46	46	22	16	4	8	172		
Poliovirus 1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1		
Poliovirus 2	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1		
Poliovirus 3	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2		
Enterovirus 68	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	9	47	42	13	2	-	-	119		
Enterovirus 71	31	32	19	11	9	9	7	13	13	44	126	97	42	50	31	17	4	-	555		
Parachovirus NT	6	2	5	2	-	-	-	1	2	3	5	5	11	4	2	2	-	-	50		
Parachovirus 1	16	19	3	5	-	-	-	1	-	3	9	11	16	8	4	1	-	-	96		
Parachovirus 3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3		
Rhinovirus	104	224	135	120	71	84	108	160	173	124	157	118	175	226	164	87	36	8	2274		
Aichivirus	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2		
Safford cardiovirus	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	3	1	-	-	-	-	-	6		
Influenza virus A not subtyped	-	-	2	-	3	5	3	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	16		
Influenza virus A H1pdm09	11	1	5	11	45	31	19	13	14	7	4	1	14	2	31	143	1141	339	1832		
Influenza virus A H3	88	37	74	566	2472	1148	432	154	46	13	7	7	11	34	117	225	479	93	6003		
Influenza virus B NT	1	2	3	6	27	40	71	40	34	12	1	-	-	9	8	9	60	28	351		
Influenza virus B/Victoria	-	1	12	17	71	93	94	43	46	5	2	1	1	10	13	39	134	48	630		
Influenza virus B/Yamagata	-	-	-	25	113	176	216	162	117	26	-	4	-	7	10	68	328	129	1376		
Influenza virus C	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	2		
Parainfluenza virus	94	77	46	17	26	10	12	28	104	183	101	64	63	61	50	31	14	7	988		
Respiratory syncytial virus	148	171	159	194	74	60	57	42	26	41	78	112	145	170	173	142	48	7	1847		
Human metapneumovirus	16	15	4	12	16	54	140	118	78	53	28	13	3	2	-	3	10	2	567		
Other coronavirus	7	10	5	26	26	16	8	9	6	3	1	1	-	1	2	12	4	2	139		
Mumps virus	9	12	7	7	17	5	11	10	7	15	11	4	5	5	9	2	2	1	139		
Measles virus genotype NT	-	-	-	1	-	-	2	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	2		
Measles virus genotype A	-	-	-	4	3	2	2	4	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	18		
Measles virus genotype B3	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	4	9	-	1	10	50	23	99		
Measles virus genotype D8	7	-	-	-	-	-	3	4	2	-	-	3	2	-	-	-	-	1	3		
Measles virus genotype D9	1	-	-	1	-	-	2	1	-	-	-	1	-	-	-	1	1	1	9		
Measles virus genotype H1	-	1	-	-	-	1	2	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	6		
Rubella virus genotype NT	7	8	11	8	19	28	61	128	151	81	31	4	11	6	7	4	4	5	574		
Rubella virus genotype 1a	-	-	-	-	1	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1		
Rubella virus genotype 1E	6	2	2	-	-	11	11	6	2	4	6	1	-	1	-	-	-	-	52		
Rubella virus genotype 2B	13	6	6	15	26	38	57	73	110	52	31	10	4	6	3	5	3	1	459		
Japanese encephalitis virus	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1		
Dengue virus	6	4	8	2	1	2	5	4	2	4	5	11	11	9	7	3	3	2	89		
Chikungunya virus	-	-	1	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	4		
SFTS virus	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	4	-	-	-	-	-	-	-	5		
Reovirus	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-	-	2		
Rotavirus group unknown	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2		
Rotavirus group A	-	-	9	8	71	139	233	217	134	24	6	5	-	1	4	6	21	5	883		
Rotavirus group C	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1		
Astrovirus	-	1	11	6	5	6	18	20	25	6	8	1	-	3	4	6	11	4	135		
Norovirus genogroup unknown	1	3	3	1	2	1	-	2	5	-	-	-	-	12	7	9	3	-	40		
Norovirus genogroup I	3	3	19	21	24	23	63	40	25	19	10	2	-	-	1	18	14	16	302		
Norovirus genogroup II	9	123	891	1037	337	181	185	108	117	56	38	36	44	40	253	543	410	77	4485		
Sapovirus genogroup unknown	3	3	16	22	22	56	49	53	24	13	15	8	3	14	34	43	18	3	399		
Sapovirus genogroup I	1	2	10	8	13	23	30	22	17	6	1	1	2	14	24	12	3	2	191		
Sapovirus genogroup II	-	-	3	4	1	6	1	5	2	1	5	-	2	1	1	3	2	-	37		
Sapovirus genogroup III	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1		
Sapovirus genogroup IV	-	-	-	-	3	2	1	3	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	10		

報告機関別 2013年9月～2014年2月累計

(2014年2月28日現在)

	北	札	函	青	岩	宮	仙	秋	山	福	茨	栃	群	埼	さ	千	千	京	神	横	川	横	相	新	新	宮	石	福	長	長	岐	静	静	浜	愛	
	海	幌	館	森	手	城	台	田	形	島	城	木	都	馬	玉	た	ま	京	奈	浜	崎	須	模	湯	湯	山	川	井	野	野	泉	市	岡	岡	松	知
	道	市	市	県	県	県	市	県	県	県	県	市	県	県	県	市	市	都	県	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市	市
Enterovirus NT	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-
Coxsackievirus A2	-	-	-	2	1	-	3	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	1	1	4	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	-	1	-	-
Coxsackievirus A4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Coxsackievirus A5	-	-	-	3	-	-	2	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	3	4	3	-	-	-	-	-	-	
Coxsackievirus A6	-	10	-	3	4	-	8	6	6	4	1	5	-	-	1	6	2	-	17	6	6	-	-	9	1	1	4	2	25	-	-	-	6	-	4	
Coxsackievirus A8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	1	
Coxsackievirus A9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Coxsackievirus A10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Coxsackievirus A12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	
Coxsackievirus A16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	2	11	-	1	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	1	4	
Coxsackievirus B1	-	-	-	-	-	-	-	19	-	-	-	-	-	-	-	-	2	5	2	6	1	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	
Coxsackievirus B2	-	-	-	1	-	-	4	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	
Coxsackievirus B3	-	-	-	2	1	-	-	12	2	2	-	-	-	2	2	1	-	6	1	3	1	-	-	-	3	1	3	-	-	-	-	-	1	-	1	
Coxsackievirus B4	-	-	-	-	-	-	-	1	2	2	-	-	-	2	-	-	1	3	1	-	1	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	1	
Coxsackievirus B5	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	1	2	1	1	4	-	-	2	-	2	-	2	-	2	-	1	-	-	-	-	-	2	
Echovirus NT	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	
Echovirus 6	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Echovirus 7	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Echovirus 9	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	2	-	-	1	-	1	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Echovirus 11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1	-	-	-	5	-	-	-	-	-	-	-	
Echovirus 18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	1	-	-	-	2	3	1	-	2	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	1	2	8	
Echovirus 19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Echovirus 25	-	-	-	3	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	1	1	7	-	3	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	
Echovirus 30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	1	
Enterovirus 68	-	-	-	1	7	-	-	5	1	-	-	-	-	-	11	1	4	12	1	1	-	-	1	-	1	-	7	-	-	-	-	-	4	2	-	
Enterovirus 71	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	3	2	5	-	17	17	3	1	-	-	4	-	1	2	11	-	-	-	-	-	1	-	6
Parechovirus NT	-	-	-	-	2	-	-	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Parechovirus 1	-	-	-	-	1	-	-	4	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	3	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Parechovirus 3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Rhinovirus	-	-	-	25	27	-	-	70	65	6	-	1	-	1	41	4	35	72	5	-	-	-	-	23	-	1	4	36	20	-	-	-	20	7	-	-
SAFV	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Influenza A not subtyped	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Influenza A H1pdm09	50	79	-	5	9	-	10	5	45	13	28	22	14	57	19	-	1	17	114	4	60	56	40	7	19	4	48	31	33	55	10	2	22	23	5	14
Influenza A H3	7	35	-	9	-	8	3	24	24	36	39	2	1	9	5	-	13	51	9	21	23	12	3	8	10	31	9	9	17	1	5	13	16	11	39	
Influenza B NT	3	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	23	-	2	8	-	6	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Influenza B/Victoria	-	12	-	1	-	2	-	4	-	7	16	1	5	1	1	-	1	21	-	24	21	1	-	5	-	4	-	8	3	1	-	3	2	-	5	
Influenza B/Yamagata	5	44	-	5	-	6	1	19	16	21	4	3	9	4	3	-	1	38	10	61	29	19	-	9	2	10	4	7	24	7	-	3	3	-	2	
Parainfluenza	-	2	-	3	-	1	24	96	-	-	1	-	-	1	-	-	8	3	-	37	-	-	-	7	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	1	
Respiratory syncytial	-	-	-	23	23	-	48	42	23	-	2	-	-	4	25	-	37	50	-	48	-	-	-	10	-	-	1	33	52	-	1	-	6	6	3	
Human metapneumo	-	-	-	2	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Other corona	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	9	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Mumps	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	5	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	
Measles genotype NT	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Measles genotype A	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Measles genotype B3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	4	-	12	-	11	3	4	4	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	14	
Measles genotype D8	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Measles genotype D9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Rubella genotype NT	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1	-	1	-	14	3	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	2	
Rubella genotype 1E	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Rubella genotype 2B	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	1	-	4	-	-	1	1	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6	
Japanese encephalitis	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Dengue	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	1	-	1	-	2	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	1	1	-	
Chikungunya	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Rota group A	-	-	-	-	-	-	1	-	1	7	-	-	-	-	-	-	1	3	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
Astro	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Norovirus group unknown	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Norovirus group I	-	-	-	1	-	-	1	-	-	21	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Norovirus group II	-	24	-																																	

報告機関別（つづき）

(2014年2月28日現在)

[illegible]

診断名は感染症発生動向調査対象疾病＋食中毒
NT:未同定

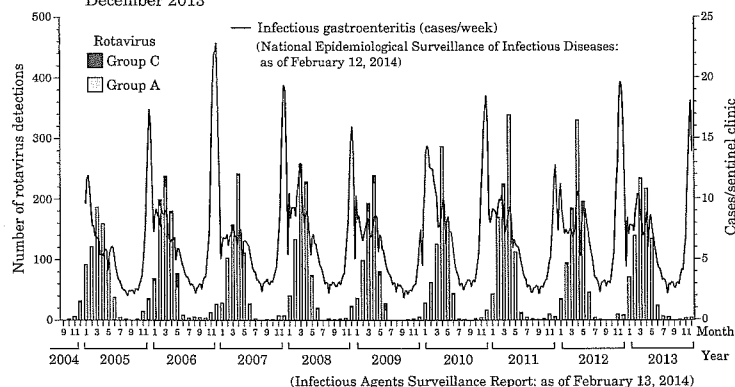
Overview of rotavirus	65	Geographical distribution of severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) virus in Japan (2 nd report)	75
Genotyping of human rotavirus using genome-wide nucleotide sequencing-global trends	66	Antiviral drug-resistant A(H1N1)pdm09 detected in Yamagata Prefecture, 2013/14 influenza season	76
Rotavirus infection outbreaks and characteristics of the causative strains, 2009-2013-Osaka City	67	Fatal case of acute encephalopathy attributed to influenza A(H1N1)pdm09 infection in a previously healthy child, 2013 -Nagano Prefecture	78
Detection of group A rotavirus, 2010/11-2012/13 seasons-Okayama Prefecture	68	Increase in the number of syphilis cases reported to the National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases (NESID) system in Japan, 2001-2013	79
Detection of rotavirus from Niigata Prefecture's infectious disease surveillance system, 2011-2013	70	Identification of a rare serovar Agbeni from three patients infected with <i>Salmonella</i> , 2013-Akita Prefecture	80
Rotavirus gastroenteritis surveillance in Mie Prefecture, 2007-2009 -evidence-based policy and assessment for vaccine introduction	71	HIV/AIDS in Japan, October-December 2013	82
Introduction of rotavirus vaccine and its evaluation	73		
Incidence of intussusception in Japan prior to rotavirus vaccination implementation, 2007-2011	74		

<THE TOPIC OF THIS MONTH> Rotavirus, 2010-2013, Japan

Rotavirus belongs to the family *Reoviridae*, whose genome consists of 11 segments of double-stranded RNA. Rotavirus is classified into groups A-G according to the inner core protein's antigenicity, among which groups A-C are detected from humans. Group A rotavirus is often referred to simply as "rotavirus" since this group makes up most of the circulating rotavirus in the world. Rotavirus is a major cause of acute viral gastroenteritis among infants, and majority of the people are believed to have experienced infection at least once by 5 years of age (see p. 65 of this issue). The virus is transmitted by the fecal-oral route, and after an incubation of 1-4 days, clinical manifestations consisting of diarrhea, vomiting and fever appear. Treatment is oral or intravenous rehydration, as no specific treatment is available. While patients usually recover within a week, dehydration is often more severe compared with other viral gastroenteritis. Complications include seizures, which, if sustained, are associated with poor prognosis and increased risk of sequelae. Less frequent complications include renal or hepatic failures and encephalitis/encephalopathy. Although rare in developed countries, much of pediatric diarrheal deaths in developing countries is attributed to rotavirus infection (estimated 450,000 deaths/year) (Lancet Infect Dis 12: 136-141, 2012).

Infectious gastroenteritis under the National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases (NESID) system: Under the Infectious Diseases Control Law, rotavirus infection is included under "infectious gastroenteritis" (notification criteria in <http://www.nih.go.jp/niid/images/iasr/35/409/de4091.pdf>), a Category V infectious disease to be reported from approximately 3,000 nationwide pediatric sentinel clinics. An amendment on 14 October 2013 introduced an additional reporting system; approximately

Figure 1. Weekly number of infectious gastroenteritis cases reported from sentinel clinics and monthly number of rotavirus detections from clinical specimens, September 2004-December 2013



500 select key medical institutions (sentinel hospitals) in Japan are requested to notify patients of "gastroenteritis specifically caused by rotavirus infection" (notification criteria in <http://www.nih.go.jp/niid/images/iasr/35/409/de4092.pdf>). If a pediatric sentinel clinic is selected as a key medical institution, the clinic is requested to notify a rotavirus gastroenteritis patient as "infectious gastroenteritis" and also as "infectious gastroenteritis specifically caused by rotavirus infection". With these measures, it is believed that epidemiologic features of rotavirus infection (particularly those of severe cases) will become clearer.

Every year, "infectious gastroenteritis" increases sharply during November/December with a wide peak in February/March to May followed by a decline (Fig. 1). The February-May peak of infectious gastroenteritis overlaps with the

rotavirus detection peak and the November/December peak overlaps with the norovirus detection peak (<https://nesid3g.mhlw.go.jp/Byogentai/Pdf/data11e.pdf>).

Reports of rotavirus detection from public health institutes: Prefectural and municipal public health institutes (PHIs) conduct laboratory diagnosis of infectious gastroenteritis cases based on fecal specimens sent from approximately 10% of the pediatric sentinel clinics and also from specimens collected from out-

Table 1. Detection of rotaviruses during 2005/06-2013/14 seasons

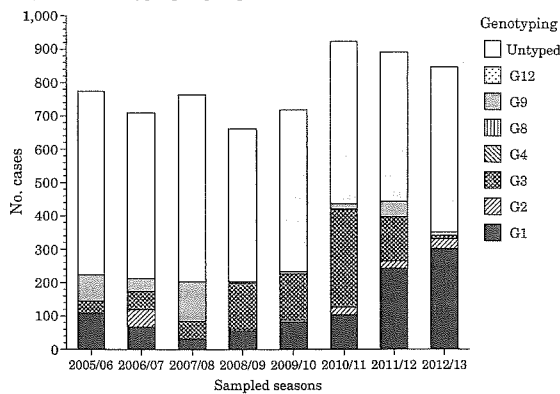
Group/genotype	Detections from specimens collected during September through August in the following year*									
	2005/06	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	2012/13	2013/14	
Group unknown	4	1	1	-	6	7	-	2	-	
Group A	774	709	764	661	718	923	891	846	17	
Not typed	550	496	561	458	485	487	447	494	14	
G1	107	68	30	57	83	104	243	302	-	
G2	2	52	2	4	5	23	22	29	-	
G3	35	54	52	138	138	292	132	10	2	
G4	-	-	-	-	-	2	-	-	-	
G8	1	-	-	-	-	-	-	-	-	
G9	79	39	119	4	7	15	46	11	1	
G12	-	-	-	-	-	-	1	-	-	
Group C	57	5	7	44	1	6	19	1	-	
Total	835	715	772	705	725	936	910	849	17	

*Data based on reports received from local public health institutes.

(Infectious Agents Surveillance Report: as of February 13, 2014)

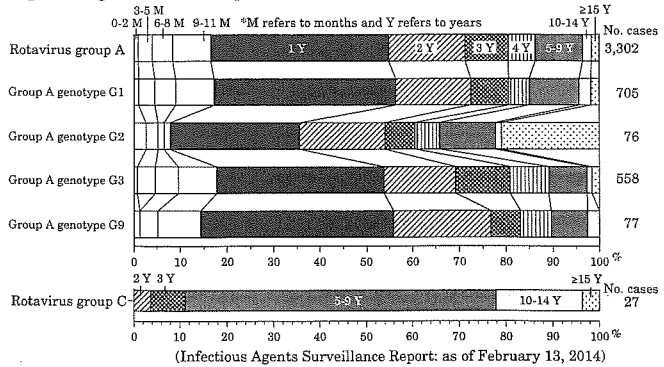
(THE TOPIC OF THIS MONTH-Continued)

Figure 2. Genotyping of group A rotaviruses 2005/06-2012/13 seasons



(Infectious Agents Surveillance Report: as of February 13, 2014)

Figure 3. Age distribution of patients from whom rotavirus was detected, 2010-2013



(Infectious Agents Surveillance Report: as of February 13, 2014)

Table 2. Number of rotavirus infection outbreaks, 2010-2013*

Suspected place of infection	Year of onset				Total
	2010	2011	2012	2013	
Nursery	16	12	24	7	59
Primary school	1	6	9 (1)	3 (1)	19 (2)
Welfare facility	1	4	-	-	5
Kindergarten	-	1	4	-	5
Nursing home	1	1	1	1	4
Restaurant	-	-	2 **	-	2
Junior high school	-	-	2	-	2
High school	-	-	1	-	1
Dormitory	-	-	1	-	1
Other/Unknown	2	2 (1)	4	2	10 (1)
Total	21	26 (1)	48 (1)	13 (1)	108 (3)

*Data based on reports received from local public health institutes.

**2 foodborne outbreaks

Numbers in parentheses refer to number of rotavirus group C outbreaks. (Infectious Agents Surveillance Report: as of February 13, 2014)

breaks. During the past 4 years from 2010 to 2013, 60 PHIs reported group A and 8 PHIs reported group C rotavirus detections. During 2005/06-2009/10 seasons, 700-800 rotavirus detections/year were reported, but increased during 2010/11 (Table 1, Fig 2). Group A rotavirus has been the majority with few group C detections (0.1-2.2% since 2010/11 season). Group B rotavirus has not been reported in Japan.

Genotyping of group A rotavirus: Group A rotavirus is classified according to combination of serotype-related G and P genotypes, which are respectively determined by the genetic sequences of the outer-layer capsid proteins VP7 and VP4 (neutralizing antibody epitopes). Most human isolates are currently G1P[8], G2P[4], G3P[8], G4P[8], and G9P[8] (see p. 66 of this issue). Currently, some PHIs are conducting G genotyping (see pp. 67-71 of this issue).

Among 3,302 patients from whom group A rotavirus were detected during 2010-2013, 38% were 1 year of age, 16% <1 year of age, and 16% 2 years of age; children under 2 years of age comprised 70% of the patients whose age was known (Fig. 3). Among those <1 year, those aged 6 months or older composed the majority. The same age distribution was observed across genotypes G1, G3 and G9. Genotype G2 had a slightly different age distribution; following those aged 1 year (28%), those aged ≥15 years were frequent (21%). Of the 27 group C rotavirus-detected cases, 18 were children aged 5-9 years and 5 were children aged 10-14 years.

Complications: During 2010-2013, rotavirus was detected in 22 cases of encephalitis/encephalopathy and 4 cases of meningitis had rotavirus detection. Additionally, group A rotavirus was detected from 4 cases of intussusception.

Outbreak incidents: Rotavirus outbreaks occur frequently in nurseries and in kindergartens, but also occasionally in primary schools, junior high schools, nursing homes for the elderly, and welfare facilities (IASR 33: 13-14, 2012; *ibid.* 33: 197-198, 2012; *ibid.* 33: 271, 2012; *ibid.* 34: 69-79, 2013; *ibid.* 34: 264-265, 2013) (Table 2). Among rotavirus gastroenteritis outbreaks in 2010-2013, 105 were group A and 3 group C (Table 2). Majority of these incidents were attributable to person-to-person transmission except for two food poisoning outbreaks caused by group A rotavirus. Five outbreaks involved more than 50 patients (4 outbreaks due to group A and 1 outbreak due to group C); two were in April-May 2011 and three March-April 2012.

Prevention: Rotavirus's infectivity is very high and 10-100 virions are sufficient in establishing infection. An infected patient's stool contains as many as 10^{10} - 10^{11} virions per gram, making rotavirus prevention difficult even in developed countries where sanitation and hygiene are well developed. Currently two oral attenuated live vaccines, G1P[8] monovalent vaccine and a pentavalent vaccine containing G1-G4 and P[8] antigens, have been approved and used in more than 130 countries for preventing severe outcomes and introduced as a routine immunization in 53 countries (see p. 71 of this issue). The vaccines are available on a voluntary basis since November 2011 and July 2012, respectively, in Japan. The estimated vaccine coverage among the target age population was 35% in July 2012, and 45% in April 2013 (see p. 73 of this issue).

Challenges: Japan is currently evaluating incorporation of rotavirus vaccine as a routine immunization. Studies from abroad have indicated that rotavirus vaccine can prevent an estimated 90% of severe outcomes due to rotavirus infection in developed countries (The Immunization and Vaccine Committee of the Health Science Council, Basic Direction of Immunization Policy Subcommittee, Rotavirus Vaccine Task Force Interim Report, 18 November 2013). If rotavirus vaccination is to be introduced in Japan, its effectiveness and safety must be evaluated by: 1) monitoring trends in rotavirus cases, particularly of severe ones; 2) with regards to safety, given the slight increase in the incidence of intussusception reported from countries that have implemented rotavirus immunization, there is a need for careful monitoring of the occurrence of intussusception (see p.74 of this issue); and 3) to monitor the virus populations in circulation, considering vaccination's potential selection pressure on circulating rotaviruses. Rotavirus surveillance should thus be further strengthened and coordinated between the National Institute of Infectious Diseases and partners such as PHIs and universities.

The statistics in this report are based on 1) the data concerning patients and laboratory findings obtained by the National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases undertaken in compliance with the Law Concerning the Prevention of Infectious Diseases and Medical Care for Patients of Infections, and 2) other data covering various aspects of infectious diseases. The prefectural and municipal health centers and public health institutes (PHIs), the Department of Food Safety, the Ministry of Health, Labour and Welfare, and quarantine stations, have provided the above data.

Infectious Disease Surveillance Center, National Institute of Infectious Diseases

Toyama 1-23-1, Shinjuku-ku, Tokyo 162-8640, JAPAN Fax (+81-3)5285-1177, Tel (+81-3)5285-1111, E-mail iasr-c@nih.go.jp