



福岡医発第 1097 号 (地)
令和 4 年 7 月 15 日

各 医 師 会 長 殿

福岡県医師会
会 長 蓮 澤 浩 明
(公 印 省 略)

「病原微生物検出情報（2022 年 6 月号）」の送付について

今般、標記の件につきまして、日本医師会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

U R L : <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 橋本朋也
会長 島田昇二郎

日医発第 623 号（健Ⅱ）
令和 4 年 7 月 1 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
釜 范 敏

「病原微生物検出情報」の送付について

「病原微生物検出情報」の 2022 年 6 月号蚊媒介感染症，2012 年 1 月～2022 年 3 月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

Infectious Agents Surveillance Report (IASR)

<https://www.niid.go.jp/niid/ja/iasr.html>

月報

Vol.43 No. 6 (No.508)

2022年 6 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

(禁、無断転載)

東京都での感染症媒介蚊サーベイランス 5、空港検疫所での蚊媒介感染症対策 6、今後、注視すべき蚊媒介性ウイルス感染症 8、コガタアカイエカにおける隠蔽種存在の可能性 9、ヤマトヤブカの日本脳炎ウイルス (JEV) 感受性 10、日本脳炎に関する最近の状況 11、日本脳炎ワクチンと JEV 遺伝子型 V 型 13、マラリアワクチン開発の最新情報 14、SARS-CoV-2 オミクロン株による院内クラスター対策と事例解析における発症日と Ct 値および抗原定量との関連：山口県 15、広島市保健所管内高齢者向け社会福祉施設でのオミクロン株による COVID-19 集団発生事例 17、アイスホッケー競技大会での COVID-19 事例 19、2021 年 5 ～ 6 月に関東地方で発生した SARS-CoV-2 デルタ株症例に関する実地疫学調査 21、群馬県で検出された SARS-CoV-2 デルタ株関連症例 (2021 年 5 月 13 日～10 月 12 日) 23、愛知県保健所管内高齢者通所施設での SARS-CoV-2 オミクロン株感染事例 25、NESID 病原体検出情報に報告された COVID-19 と疑い症例から検出された病原体 28

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、厚生労働省医薬・生活衛生局、検疫所。

< 特集 > 蚊媒介感染症, 2012年1月～2022年3月

蚊はハエ目カ科に分類され、世界に約3,600種類、日本に112種類が記録されている (2014年現在)。多くの種は吸血性を示す (雌成虫のみ)。これら多様な蚊種のうち、一部がヒトに関連する病原体の伝播を担っている (表1)。吸血によって蚊の消化管内に取り込まれた血液中に、その蚊に感染可能な病原体が含まれていた場合、病原体は消化管上皮細胞へ感染・増殖し、体腔側の組織・器官へ感染が拡大される、あるいは増殖をともなわずに体腔側へ移行する。いずれの場合においても、病原体は蚊の消化管から体腔を介して2日～3週間ほどで唾液腺に達し、蚊は病原体を媒介できる状態となる。この状態の蚊が脊椎動物から吸血する際、病原体は唾液とともに脊椎動物の血管内へ入る。

主要な感染症媒介蚊の特徴

蚊が病原体を媒介する能力は、蚊の種類はもちろんのこと、病原体の種類、吸血時に取り込んだ病原体の量によっても規定される。蚊体内での増殖速度は病原

体により異なり、短期間で増殖する病原体ほど感染が広がりやすいと一般的に考えられる。例えば、チクングニアウイルスの蚊体内の増殖速度は速く、取り込まれた後、2日で蚊の唾液腺から検出されるのに対し、ウエストナイルウイルスの同期間は7～10日である。流行の程度を左右する媒介蚊の要因としては、蚊の生息密度や吸血嗜好性、吸血源動物との接触頻度、蚊の発育・生理に影響する気温等が影響するものと考えられる。例えば、都市環境に生息し発生密度が高く、ヒトとの接触・吸血頻度が高いヒトスジシマカは、病原体を媒介する可能性が高い。それに比べ、都市環境には好適な発生源の少ないハマダラカは、わが国の都市域で感染症を拡大させる可能性は低いものと思われる。また、昆虫の発育は基本的に外環境 (気温や日長など) に依存しており、そのため気温が変化すると、幼虫の発育期間や成虫の寿命が変化することが知られている。ヒトスジシマカが幼虫から成虫に発育する期間

表1. 主要な感染症媒介蚊の特徴

属	ヤブカ		イエカ		ハマダラカ	
和名	ヒトスジシマカ	ネッタイシマカ	コガタアカイエカ*	アカイエカ	シナハマダラカ	コガタハマダラカ
日本における分布	北海道を除く全国	未定着	全国	全国	全国	宮古・八重山諸島
媒介する感染症	・デング熱 ・チクングニア熱 ・ジカウイルス感染症 ・ウエストナイル熱 ・黄熱 (実験条件下で)	・黄熱 ・デング熱 ・チクングニア熱 ・ジカウイルス感染症 ・ウエストナイル熱	・日本脳炎	・ウエストナイル熱 ・パンクロフト糸状虫 ・イヌ糸状虫 ・日本脳炎	・三日熱マラリア ・パンクロフト糸状虫 ・イヌ糸状虫	・熱帯熱マラリア
吸血行動	昼間・屋外	昼間・屋内	夜間・屋外	夜間・屋内/屋外	夜間・屋外	
吸血嗜好性	ヒト、様々な動物	ヒト	ブタ、ウシ、ヒト、鳥	ヒト、鳥	ウシ、ウマ、ヒト (大型の哺乳動物)	
幼虫の主な発生場所	屋外の小容量の水溜まり ・植木鉢の水受け皿 ・墓の花立て ・雨水マス	屋内外の人工容器 ・花瓶 ・金魚鉢 ・水がめ ・植木鉢の水受け皿	水田、湖沼	滞留した汚水 ・下水溝 ・汚水溜 ・雨水マス	水田、湿地、用水路	小川、湧き水
成虫の移動範囲	200-500 m	<200 m	>10 km	2-4 km	1-2 km	

*本号9ページ参照

(参考資料) 1. 小林陸生, 「チクングニア熱媒介蚊対策に関するガイドライン」, <https://www.niid.go.jp/niid/images/ent/PDF/chikungunya.pdf>

2. 津田良夫, IASR 25: 34-35, 2004

3. 新井明治, 日本における感染症媒介蚊, モダンメディア 58 (6): 27-31, 2012

(2 ページにつづく)

(特集つづき)

は、夏季(日平均気温27℃前後)では10~12日であるが、より気温が低い春先(4月)や晩秋(10月)(日平均気温15~20℃前後)では、30~50日を要することもある。

蚊の生息域は外環境により変化する。ヒトスジシマカの定着には年間平均気温11℃以上が必要とされ、地球温暖化にともなう国内分布域は北上している。北限は、1948年頃は栃木県、1996年頃は秋田県から宮城県、2009年は岩手県、2015年は青森県と確認された(IASR 41: 92-93, 2020)。また世界的にデング熱の主要な媒介蚊であるネッタイシマカは、かつては亜熱帯気候区に属する琉球列島と小笠原諸島に生息していた。温帯気候区に属する九州以北では、熊本県天草地方で1944~1952年まで9年間の生息が確認されている。しかし、1970年代以降は琉球列島や小笠原諸島を含めて採集されておらず、現時点ではわが国での分布は確認されていない。一方、国内の国際空港では侵入したネッタイシマカやその子孫が頻繁に捕獲されている。本種幼虫の発育可能温度等から、種子島以南などの亜熱帯気候区において定着する可能性がある(IASR 41: 91-92, 2020)。この他の蚊についても、津波、台風、洪水等の自然災害により滞水環境が増えると、それが蚊の発生源となることがある。東日本大震災後、東北地方において複数の種類の蚊が新たな発生源から多数捕集されており、津波被害の影響と考えられた。気候変動にともなう世界的な蚊の生息域拡大による、蚊媒介感染症の増加が懸念される。

都道府県等では、媒介蚊の発生状況を継続的に監視している(本号5ページ)。蚊の生息好適地においては、流行地域からのヒトの流入機会等から監視場所を決定し、成虫の飛来密度や種類の同定、季節性推移を調査する。成虫の病原体保有調査や、幼虫調査(種類、個数、発生源)を行うこともある。また検疫所では国際空港と海港を対象に、日本に定着していない蚊の侵入を監視している(本号6ページ)。

感染症発生動向調査における蚊媒介感染症

これまで20以上の蚊媒介感染症が知られており、このうち11疾患が感染症法上の4類感染症・全数把握対象疾患として発生状況を監視されている(3ページ表2)。これまでに届出のあった6疾患の報告状況は以下の通りである(3ページ図)。

日本脳炎患者届出数は、近年では年間最大10例程度で、すべて国内感染例である(IASR 38: 151-152, 2017)。感染地域は西日本に多く、これは主な媒介蚊であるコガタアカイエカの生息密度分布と一致している。ブタにおける感染が毎年確認されており(<https://www.niid.go.jp/niid/ja/yosoku-index.html>)、依然として国内で感染する可能性がある。

デング熱患者数は世界的に増加しており、これは流行地の熱帯・亜熱帯地域における都市への人口集中等が原因とされる。2019年以前は、流行国から日本への

渡航者数や日本から流行国への渡航者数が増加傾向にあり、海外で感染し国内で診断・届出される症例(輸入例)が増加し、2019年には過去最多の462例が届出された(3ページ図およびIASR 36: 33-35, 2015 & 41: 89-90, 2020)。2020年以降、届出数は減少し(2020年は44例、2021年は7例)、新型コロナウイルス感染症(COVID-19)流行に対する出入国制限の影響と考えられた。国内感染により拡大した事例として、1940年代に東南アジア地域からの復員兵が持ち込み感染者数20万人規模に達した流行、2014年の都内公園における約160名の集団発生がある。

チクングニア熱の流行地域は拡大している(4ページ表3)。日本では2006年に初めて輸入例が確認された。2011年に届出疾患に規定されて以降、2012~2018年は年間4~17例が報告されている。2019年には、ミャンマーにおける流行にともない、同国を感染地域とする輸入例が32例届出された。2020年の届出数は3例、2021年は0例であった。

ジカウイルス感染症は2000年代後半より、流行地域の拡大と大規模な流行が報告されている。日本では2013年に初めて輸入例が確認され、2016年に届出疾患に規定されて以降、これまでに21例が届出された。

マラリア原虫はかつて日本に土着し、1940年代には年間2万人の患者発生がみられていたと推測される。1960年頃より土着性の感染伝播はみられず、近年の届出はすべて輸入例である(IASR 39: 167-169, 2018)。2012~2019年の届出数は年間40~70例程度であり、2020年は19例、2021年は29例であった。

ウエストナイル熱は、2005年に輸入例が1例届出された。

今後、COVID-19流行に対する出入国制限の緩和にともない、再び輸入例は増加すると予想される(本号8ページ)。デング熱、チクングニア熱、ジカウイルス感染症は、輸入例を発端に国内伝播、流行が起こる可能性がある。媒介蚊が都市部を含む国内広範囲に分布し、ヒトとの接触頻度が高いためである。一方、マラリア、ウエストナイル熱はその可能性が低い。マラリアの媒介蚊は国内の都市部には生息しておらず、ヒトとの接触頻度が低い。またウエストナイル熱は、ヒトでの血中ウイルス量が少ないため、ヒト→蚊→ヒトの感染環が成立しない。ウエストナイル熱の感染経路は、野鳥→蚊→ヒトと想定される。

蚊媒介感染症への対応として、平常時は媒介蚊や患者の監視、感染リスクが高い場所における成虫対策や幼虫発生源の除去、個人の予防(防蚊対策、ワクチン)、海外の流行状況の把握等、が重要である。また患者の早期発見や治療も、感染拡大防止に寄与する。患者発生時は、迅速な情報共有(都道府県等、国、住民)、積極的疫学調査による感染経路の究明、必要に応じて推定感染地域における蚊の密度調査や駆除を行うこと、が重要である。

(特集つづき) (THE TOPIC OF THIS MONTH-Continued)

表2. 感染症法に基づき4類感染症に規定されている蚊媒介感染症

Table 2. Mosquito-borne infectious diseases designated as category IV notifiable disease based on the Infectious Diseases Control Law, Japan

国内感染例*の届出あり Diseases with notifications of domestic infection*	海外感染例の届出のみ (国内感染例の届出なし) Diseases with a notification(s) of infection from overseas only (No notifications of domestic infection)	届出なし Diseases without any notifications
日本脳炎 (1999年) Japanese encephalitis (1999)	マラリア (1999年) Malaria (1999)	黄熱 (1999年) Yellow fever (1999)
デング熱 (1999年) Dengue fever (1999)	ウエストナイル熱 (2002年) West Nile fever (2002)	西部ウマ脳炎 (2007年) Western equine encephalitis (2007)
	チクングニア熱 (2011年) Chikungunya fever (2011)	東部ウマ脳炎 (2007年) Eastern equine encephalitis (2007)
	ジカウイルス感染症 (2016年) Zika virus disease (2016)	ベネズエラウマ脳炎 (2007年) Venezuelan equine encephalitis (2007)
		リフトバレー熱 (2007年) Rift Valley fever (2007)

() : 感染症法上の届出対象となった年
() : The year specified as a notifiable disease

*日本脳炎は国内感染例が継続して届出されている。一方デング熱は輸入例が大半を占め、輸入例を発端に国内で感染が伝播したと推定される症例の届出がある

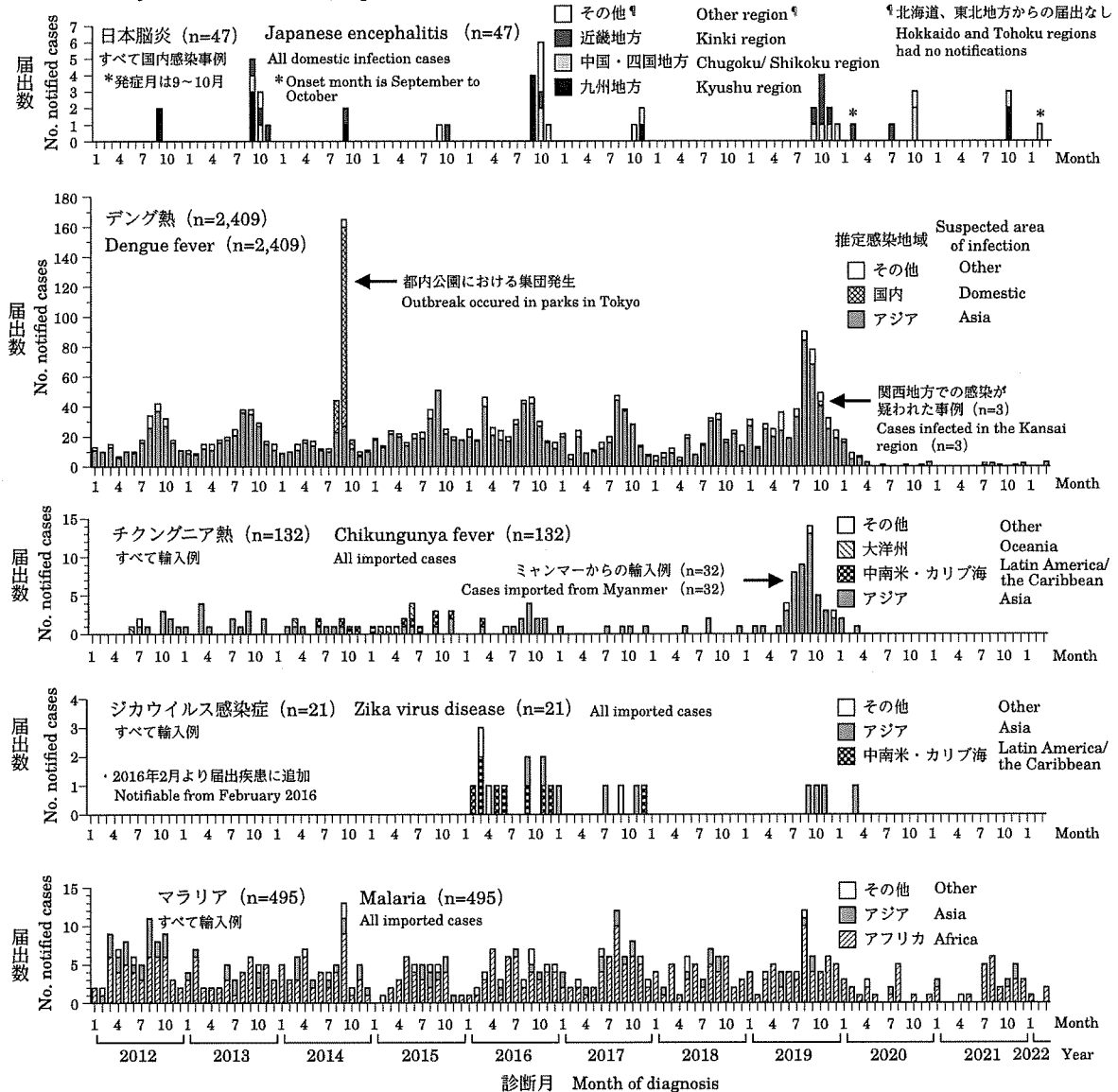
*Domestic infection of Japanese encephalitis are reported every year. On the other hand, for dengue fever, the majority of cases are imported infections, with notifications of cases where the infection was suspected to have been transmitted domestically from an imported case.

(感染症発生動向調査 : 2022年5月6日現在届出数)

(National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases: as at 6 May 2022)

図. 蚊媒介感染症の推定感染地域別診断月別の届出数, 2012年1月~2022年3月

Figure. Monthly number of notified mosquito-borne infection cases by area of suspected infection, January 2012 to March 2022, Japan



(感染症発生動向調査 : 2022年5月6日現在届出数)

(National Epidemiological Surveillance of Infectious Diseases: as at 6 May 2022)

(特集つづき) (THE TOPIC OF THIS MONTH-Continued)

表3. 主要な蚊媒介感染症の特徴

疾患	日本脳炎	デング熱	チクングニア熱	ジカウイルス感染症	マラリア
病原体	日本脳炎ウイルス (フラビウイルス科 フラビウイルス属)	デングウイルス (フラビウイルス科 フラビウイルス属)	チクングニアウイルス (トガウイルス科 アルファウイルス属)	ジカウイルス (フラビウイルス科 フラビウイルス属)	マラリア原虫
主な媒介蚊	イエカ属。特にコガタア カイエカ (本号10ページ)	ヤブカ属。特にネッタイ シマカとヒトスジシマカ	ヤブカ属。特にネッタイ シマカとヒトスジシマカ	ヤブカ属。特にネッタイ シマカとヒトスジシマカ	ハマダラカ属
感染経路	ブタ→蚊→ブタ 鳥→蚊→鳥	ヒト→蚊→ヒト	ヒト→蚊→ヒト	ヒト→蚊→ヒト	ヒト→蚊→ヒト ^a サル→蚊→ヒト ^b
主な発生地域	アジア、ミクロネシア、 オーストラリア (本号11 ページ)	熱帯・亜熱帯地域 (東南 アジア、南アジア、中南 米、カリブ海諸国、アフリ カ、オーストラリア、 中国、台湾)	・アフリカ、アジア、アメ リカ大陸、南西インド洋 諸島、ヨーロッパで集団 発生が確認されている ・2013年末に、新たにカリ ブ海地域で流行が報 告された	中南米、アフリカ、東南 アジア、大洋州	熱帯・亜熱帯地域 (アフリ カ、アジア、オセアニア、 中南米)
潜伏期間	6～16日	2～15日 (通常3～7日)	3～12日 (通常3～7日)	2～12日 (通常2～7日)	8～30日
症状	・不顕性感染が99-99.9% ・発症者における致死率は 20-30%であり、生存者 の45-70%に精神神経 学的後遺症を残す ・発熱、頭痛、悪心、嘔 吐、眩暈等の初期症状 に続き、急激な神経症 状 (意識障害、易興奮 性、光線過敏、不随意 運動、振戦、麻痺等) を呈する。痙攣は小児 で多い ・発熱のみの症例報告も ある	・不顕性感染が50-80% ・突然の発熱で発症し、頭 痛 (特に眼窩痛)・筋肉 痛・関節痛を呈する。食 欲不振・腹痛・便秘をと もなうこともある。発症 後3～4日後より胸部・ 体幹から始まる発疹が 出現し、四肢・顔面へ広 がる (デング熱) ・デング熱症状は1週間程 度で消失し、通常後遺 症なく回復する ・感染者の一部に出血症 状や臓器障害、ショック 等を呈する者がいる (重 症デング熱)	・不顕性感染が75-80% ・有症状者では発熱と関節 痛はほぼ必発であり、発 疹が8割程度にみられる ・四肢を中心とした関節痛 症状が強く、数週～数カ 月にわたって続く場合 がある ・全身倦怠感・頭痛・筋肉 痛・リンパ節腫脹・出血 傾向・悪心・嘔吐をきた すこともある ・重症例では脳症や劇症 肝炎、心筋炎の報告が ある	・不顕性感染が約80% ・斑状丘疹様発疹、発熱、 関節痛・関節炎、結膜炎 等を呈する (ジカウイル ス病)。症状はデング熱 と似ているが、それより 軽い ・2013年の仏領ポリネシ ア、2015年以降の中南 米における流行ではギ ラン・バレー症候群の症 例数が増加し、本感染 症との関連が示唆され ている ・妊婦の感染により、出生 児に小頭症等を認める ことがある (先天性ジカ ウイルス感染症)	・周期性発熱、悪寒等で 発症する。免疫のないヒ トが初感染した場合、発 熱はほぼ必発である ・その他の症状は倦怠感、 頭痛、筋肉痛、関節痛、 消化器症状、呼吸器症 状等であり、疾患特異的 な症状に乏しい ・熱帯熱マラリアが重症 化しやすい
病原体診断	・血清中の抗体測定 (IgM 捕捉ELISA法による IgM抗体検出、中和抗 体のペア血清による陽 転化や有意上昇、IgG ELISA法、赤血球凝集 抑制法) ・ウイルス遺伝子の検出 (RT-PCR法) ・ウイルス分離	・ウイルス遺伝子の検出 (RT-PCR法) ・ウイルス分離 ・ウイルス非構造タンパク (NS1) 抗原の検出 ・血清中の抗体測定 (IgM 捕捉ELISA法による IgM抗体検出、中和抗 体のペア血清による陽 転化や有意上昇)	・ウイルス遺伝子の検出 (RT-PCR法) ・ウイルス分離 ・血清中の抗体測定 (IgM 捕捉ELISA法による IgM抗体検出、中和抗 体のペア血清による陽 転化や有意上昇)	・ウイルス遺伝子の検出 (RT-PCR法) ・ウイルス分離 ・血清中の抗体測定 (IgM 捕捉ELISA法による IgM抗体検出、中和抗 体のペア血清による陽 転化や有意上昇)	・形態学的診断 (血液塗 抹標本を染色し、光学 顕微鏡で検査) ・原虫特異抗原の検出 (迅 速診断キット) ・原虫遺伝子の検出 (PCR法、LAMP法)
治療	特異的治療なし 対症療法	特異的治療なし 対症療法	特異的治療なし 対症療法	特異的治療なし 対症療法	・抗マラリア薬の投与 (使 用薬剤は、感染地域や マラリアの種類により異 なる) ・三日熱マラリアと卵形マ ラリアでは、急性期治療 の後にプリマキン投与 (根治 療法) が必要となる
ワクチン・予防薬	・ワクチンあり (本号13 ページ) ・予防薬なし	・国内で利用可能なワク チンなし ・予防薬なし	・ワクチンなし ・予防薬なし	・ワクチンなし ・予防薬なし	・国内で利用可能なワクチ ンなし (本号14ページ) ・流行地への渡航時は、抗 マラリア薬の予防内服 が薦められている
感染症法上の取り扱い	全数把握疾患・4類感染症				

a: 熱帯熱マラリア原虫、三日熱マラリア原虫、卵形マラリア原虫、四日熱マラリア原虫、b: サルマラリア原虫

- (参考資料) 1. 高崎智彦, 「デング熱とは」
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/diseases/ta/dengue/392-encyclopedia/238-dengue-info.html>
 2. 高崎智彦, 「チクングニア熱とは」
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/437-chikungunya-intro.html>
 3. 国立感染症研究所, 「蚊媒介感染症の診療ガイドライン第5版」
https://www.niid.go.jp/niid/images/epi/dengue/Mosquito_Mediated_190207-5.pdf
 4. 国立感染症研究所ウイルス第一部, 「日本脳炎 疾患情報」
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/je-vir1/2064-disease/1537-je-vir1.html>
 5. 大前比呂恵, 「マラリアとは」
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/519-malaria.html>

<特集関連情報>

東京都における感染症媒介蚊サーベイランスについて

はじめに

2014年8月、わが国で約70年ぶりのデング熱の国内感染患者が東京都を中心に発生した^{1,2)}。推定感染地が都内の公園であったことから、当該公園で蚊成虫の捕集が行われ、同年9月に採取されたヒトスジシマカから3週間にわたり、同一のデングウイルス (DENV) 1型遺伝子がリアルタイムRT-PCR法により検出された^{1,2)}。蚊由来DENVの塩基配列は、患者由来の配列と同一で、当該公園における感染が明らかとなり、感染症媒介蚊サーベイランスの重要性が示された。2021年現在、東京都では蚊媒介感染症の国内感染発生防止のため、媒介蚊サーベイランスを実施しており、ここではその概要について述べる。

感染症媒介蚊サーベイランス

東京都独自の感染症媒介蚊サーベイランス事業として、広域および重点サーベイランスを実施している^{3,4)}。広域サーベイランスは2004年に開始し、都内全域を網羅することを目的に選定した公園・霊園などの16地点(採取地点:16カ所)で、6~10月に捕集された蚊の成虫について病原体の遺伝子検査を行っている。重点サーベイランスは、2014年に都内で発生したデング熱の国内感染事例を受け^{1,2)}、蚊媒介感染症の監視体制の強化を目的に開始した。利用者やイベント、植栽が多いなどの点から監視の必要性が高いと考えられる公園など9地点(採取地点:50カ所)を選定し、4~11月に捕集された蚊成虫および幼虫について調査を行っている。さらに、2021年には東京2020オリンピック・パラリンピック競技大会(東京2020大会)の開催期間に、東京2020大会会場周辺サーベイランスとして、7地区(採取地点:14カ所)で捕集された蚊の成虫について、広域サーベイランスと同様の手法にて調査を実施した⁵⁾。

感染症媒介蚊サーベイランスにおける病原体遺伝子検査は、DENV、チクングニアウイルス、ジカウイ

ルス、ウエストナイルウイルスまたはマラリア原虫を対象とし、各サーベイランスおよび蚊の種類に応じて、検査項目は異なっている(表)。

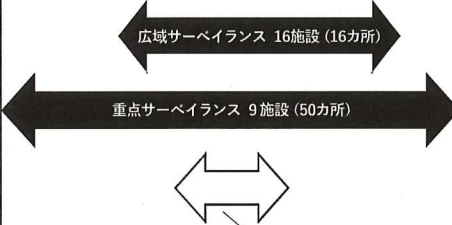
病原体遺伝子検査は、捕集地点および蚊の種別ごとに成虫および幼虫をそれぞれ最大30匹および最大15匹ずつプールしたうえで、既報の方法^{1,2)}に従い作製した乳剤に遠心処理を行い、遠心後の上清より核酸抽出後、個々の病原体遺伝子をターゲットとしたリアルタイムPCR法等を実施している⁶⁻⁹⁾。

調査結果

広域サーベイランス事業が開始された2004年以降、各地点で捕集された蚊から対象病原体遺伝子は検出されておらず、2014年9月末以降の重点サーベ

表. 感染症媒介蚊サーベイランス事業における検査対象の蚊と病原体の内訳

	検査対象の蚊	検査病原体
広域サーベイランス	ヒトスジシマカ群 ネッタイシマカ その他のシマカ亜属	ウエストナイルウイルス デングウイルス チクングニアウイルス ジカウイルス
	アカイエカ群 コガタアカイエカ	ウエストナイルウイルス
	ハマダラカ	ウエストナイルウイルス マラリア原虫
	その他の蚊	ウエストナイルウイルス
重点サーベイランス	ヒトスジシマカ群 ネッタイシマカ その他のシマカ亜属	デングウイルス チクングニアウイルス ジカウイルス
	幼虫	デングウイルス チクングニアウイルス ジカウイルス
東京2020大会会場周辺 サーベイランス	ヒトスジシマカ群 ネッタイシマカ その他のシマカ亜属	ウエストナイルウイルス デングウイルス チクングニアウイルス ジカウイルス
	アカイエカ群 コガタアカイエカ	ウエストナイルウイルス
	ハマダラカ	ウエストナイルウイルス マラリア原虫
	その他の蚊	ウエストナイルウイルス

2021年										
月		4	5	6	7	8	9	10	11月	
感染症媒介蚊 サーベイランスの種類										
	蚊	成虫	1	0※	287※	1,287	2,175	699	457	12
	(病原体遺伝子検査を行ったもの)	幼虫	86	0※	478※	19				
	病原体遺伝子検査陽性数		0	0	0	0	0	0	0	0

※新型コロナウイルス感染症による緊急事態措置期間のため調査中止時期有

図. 感染症媒介蚊サーベイランス事業の調査日程および結果 (2021年/東京都)

ンスにおいても、すべての地点で捕集された蚊から、対象病原体は検出されていない⁵⁾。また、2021年に実施した東京2020大会会場周辺サーベイランスにおいても、対象病原体は検出されなかった⁵⁾ (前ページ図)。

考 察

近年の東京都における蚊媒介感染症の多くは輸入感染症事例であるが、2019年に、都内において国内感染が疑われるデング熱患者3例が報告された¹⁰⁾。疫学調査の結果、都外での感染であることが推定され、同時期に都内で捕集された蚊を用いた感染症媒介蚊サーベイランスでは、DENVは検出されなかった。このように、感染症媒介蚊サーベイランスは、患者サーベイランスと併せてより有用なアセスメントを可能とする。なお、2015年以降、継続的に系統的なサーベイランスを行ううえで、対象病原体は検出されていない。このことが蚊媒介感染症が地域流行していないことを示唆する重要な情報源の1つとなる。

2020年以降は新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の流行による海外渡航者の減少により、蚊媒介感染症の患者報告数は少ない¹¹⁾。今後、渡航制限の緩和などにより国際交流が再度活発化することで、蚊媒介感染症の届出の増加が見込まれる。前述した2019年の国内感染疑い事例の発生を踏まえると、引き続き蚊媒介感染症の国内感染発生の懸念は大きいといえる。さらには、将来の気候変動の影響により蚊の生息域が変化する可能性もあり、今後も感染症媒介蚊サーベイランス等を通じ、感染症の発生動向を注意深く監視していく必要がある。

参考文献

- 1) 吉田 勲ら, 小児科 57: 395-400, 2016
- 2) 齊木 大ら, 東京都健康安全研究センター, 研究年報 67: 27-35, 2016
- 3) 貞升健志ら, 公衆衛生 82: 42-49, 2018
- 4) 杉下由行ら, 臨床と微生物 44 (3): 221-226, 2017
- 5) 東京都健康安全研究センター, 感染症媒介蚊サーベイランス
https://www.tmiph.metro.tokyo.lg.jp/kj_kankyo/mosq/mosquito/
- 6) 内田悠太ら, 東京都健康安全研究センター, 研究年報 71: 55-59, 2020
- 7) 国立感染症研究所, 病原体検出マニュアル「チクングニアウイルス検査マニュアル Ver.1.1」: 11-13
- 8) 国立感染症研究所, 病原体検出マニュアル「ジカウイルス感染症実験室診断マニュアル 初版」: 5-6
- 9) Jiménez-Clavero, *et al.*, J Vet Diagn Invest 18: 459-462, 2006
- 10) 西村光司ら, IASR 41: 94-96, 2020
- 11) 東京都感染症情報センター, 感染症発生動向調査
<https://survey.tmiph.metro.tokyo.lg.jp/epidinfo/>

zensuchartsel.do

東京都健康安全研究センター
微生物部

糟谷 文 長谷川道弥 原田幸子
熊谷遼太 鈴木 愛 天野有紗
小杉知宏 森 功次 鈴木 淳
長島真美 貞升健志

東京都健康安全研究センター
健康危機管理情報課
千葉隆司

<特集関連情報>

空港検疫所における蚊媒介検疫感染症対策

検疫法では、国内に常在しない感染症のうち14疾患を検疫感染症と定め、これらの病原体の国内侵入およびまん延を防止するため、検疫港や検疫飛行場に検疫所を置き、海外から来航するすべての人、貨物および船舶や航空機に対して検疫を行い、質問、診察・検査等を通じ患者を発見した場合は、必要に応じて隔離、停留、消毒等の防疫措置を行っている。

検疫感染症のうち蚊媒介感染症として、ジカウイルス感染症 (ジカウイルス: ZIKAV), チクングニア熱 (チクングニアウイルス: CHIKV), デング熱 (デングウイルス: DENV), マラリア (マラリア原虫) が指定されており、本稿では、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 流行前の中部国際空港における蚊媒介検疫感染症に対する取り組みを紹介したい。

COVID-19流行以前は就航路線数も徐々に増加に転じ、これにともない海外からの来航者数も増加傾向にあった (次ページ表1)。海外からの来航者に対しては、サーモグラフィーによる体表温度の測定や、検疫官による呼び掛け等により検疫感染症の初期症状である発熱等がみられる有症者の発見に努め、当該者の渡航歴や現症状等を聴取し、蚊媒介検疫感染症が疑われる場合は採血を行った。実験室診断は感染症法に基づく届出基準に準拠し、主にPCR法による病原体特異遺伝子の検出を中心に実施し、デング熱にあつてはDENV非構造蛋白抗原 (NS1) 検出の併用、マラリアにあつては顕微鏡下でのマラリア原虫の証明および補助的に迅速診断キットを活用した。

当空港は東・東南アジアからの就航路線が大部分を占め、2019年以前は観光や商用以外に技能実習、知人・親族訪問等を目的とした往来も頻繁であり、蚊媒介検疫感染症の発見も国籍を問わず同地域からの来航者に多くみられる傾向にあった (次ページ表2)。

なお、蚊媒介検疫感染症を疑い検疫所で検査を行った場合、当該者へ検査結果の判明を待たず入国・帰国手続きを行った後、検疫所からの検査結果連絡を受けることとなる。検疫所は、当該者へ検査結果を連絡す

表1. 航空機検疫の概要

年次	国際線就航 路線数 (最大月)	検疫機数	検疫対象人員 (乗員+乗客等)	採血件数	検疫感染症 患者数	(検疫感染症患者内訳)					
						CHIKV	DENV1	DENV2	DENV3	DENV4	DENV UT
2015	59	17,566	2,548,311	19	1	0	0	1	0	0	0
2016	58	19,194	2,814,964	59	2	0	1	1	0	0	0
2017	57	19,094	2,981,931	42	7	1	1	3	1	1	0
2018	54	19,155	3,175,088	65	4	0	0	1	2	0	1
2019	75	23,704	3,673,150	173	19	7	3	5	1	1	2

CHIKV: チクングニアウイルス, DENV: デングウイルス

表2. 蚊媒検疫感染症検査および患者の概要 (2015~2019年)

滞在国・地域	採血件数	検疫感染症患者数	(検疫感染症患者内訳)					
			CHIKV	DENV1	DENV2	DENV3	DENV4	DENV UT
インド	24	3	1	1	1	0	0	0
インドネシア	23	2	0	0	1	1	0	0
カンボジア	19	2	0	2	0	0	0	0
シンガポール	5	1	0	0	0	0	0	1
スリランカ	4	3	0	0	3	0	0	0
タイ	62	3	0	0	2	0	1	0
バングラデシュ	5	2	0	0	1	0	0	1
フィリピン	137	9	1	1	3	3	0	1
ベトナム	27	2	0	1	0	0	1	0
ミャンマー	13	6	6	0	0	0	0	0
その他	39	0	0	0	0	0	0	0
合計	358	33	8	5	11	4	2	3

CHIKV: チクングニアウイルス, DENV: デングウイルス

表3. 航空機内蚊族調査

年次	調査機数 (捕集機数)	捕集個体数 (死亡個体数)	種・最終発航地 (捕集個体数)	病原体保有検査			備考
				個体数	プール数	陽性プール数	
2015	77 (2)	4 (1)	アカイエカ群♀・シンガポール (3) アカイエカ群♀・北京 (1)	4	4	0	シンガポール便にて生存個体2、 死亡個体1を捕集
2016	53 (0)	0		—	—	—	
2017	53 (0)	0		—	—	—	
2018	60 (2)	2 (0)	ネッタイエカ♀・バンコク (1) アカイエカ♀・上海 (1)	2	2	0	
2019	51 (1)	0 (1)	コガタアカイエカ♀・高雄 (1)	1	1	0	

—: 検査せず

表4. 定点蚊族調査

年次	調査対象	延べ調査区数	捕集種 (※)												捕集数 (※)	病原体保有検査 (※※)	
			ネ ッ タ イ シ マ カ	ヒ ト ス ジ シ マ カ	キ ン イ ロ ヤ ブ カ	ヤ マ ト ク シ ヒ ゲ カ	ヤ マ ト ヤ ブ カ	イ ナ ト ミ シ オ カ	コ ガ タ ア カ イ エ カ	ア カ イ エ カ 群	コ ガ タ ク ロ ウ ス カ	シ ナ ハ マ ダ ラ カ	ト ラ フ カ ク イ カ	不 明		プール数	陽性プール数
2015	成虫	65	0	4	0	0	0	0	140	93	0	0	0	0	237	234	0
	幼虫	116	0	10	0	1	0	0	3	11	0	0	0	0	25	—	—
2016	成虫	85	12	7	0	0	1	0	105	50	0	0	1	1	177	66	0
	幼虫	218	4	23	0	0	0	0	4	9	1	0	0	1	42	—	—
2017	成虫	169	2	103	1	0	0	0	210	222	0	0	0	1	539	138	0
	幼虫	233	0	18	0	0	0	0	9	23	0	0	0	2	52	—	—
2018	成虫	99	0	4	0	0	0	1	16	109	0	0	0	0	130	49	0
	幼虫	137	0	9	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	10	—	—
2019	成虫	118	0	5	0	0	0	0	79	175	0	0	0	0	259	83	0
	幼虫	125	0	11	0	0	3	0	5	6	0	0	1	0	26	—	—

※: 成虫は個体数、幼虫は捕集した延べ調査区数を示す

※※: 病原体保有検査は成虫のみ実施

—: 検査せず

るとともに当該者の症状等を勘案し専門医療機関への受診勧奨と、併せて感染症法に基づき都道府県知事への届出等を行っている。

航空機を介した蚊媒介感染症等病原体の侵入防止対策として、ベクターサーベイランスも定期的に実施している。航空機内に迷入した蚊を捕集し病原体遺伝子の保有調査を行っている。インターネットを通じて出発空港付近の気象データを入手し、おおむね月間平均気温が20℃以上、月間降水量が100mm以上に達する到着便を調査対象機として、検疫官が航空機内に立ち入り捕虫網で蚊を捕集し、PCR法によってフラビウイルス共通遺伝子等の有無を確認している（前ページ表3）。現在まで蚊自体を捕集した実績はあるが、病原体遺伝子の検出事例はない。

なお、航空機内で蚊を捕集した場合は、病原体遺伝子検査結果にかかわらず、当該航空会社に対し殺虫剤の噴霧等の防蚊対策の励行を指導している。

来航する航空機への直接的な対応の他に、空港島全域を対象とした成虫・幼虫の定点調査も実施している（前ページ表4）。空港島全域を世界測地系の3次メッシュ（約1km四方）で区割りし、ターミナルや貨物取扱地区を中心に調査区を選定し、CO₂ライトトラップやBGセンチネルトラップ、オビトラップを用いた調査と併せ、雌成虫個体について航空機内調査と同様に病原体遺伝子の保有調査を実施しており、サーベイランスとして平時の状況確認と外来種侵入や病原体保有蚊の早期発見に努めている。

定点調査においては、貨物取扱地区内で2016年（成虫、幼虫）および2017年（成虫）に外来種であるネッタイシマカを捕集したことから、空港内外の関係機関と協力し防除にあたった。2016年の事例は、乾燥卵が付着した貨物等の移動にともない当空港内で繁殖した事例と推察されたことから、今後もサーベイランスの充実を図るとともに、ヒトスジシマカ等の国内在来種であっても海外由来の可能性を否定できないため、今後も可能であれば殺虫剤抵抗性等の確認によるベクターの鑑別、侵入監視に努めていきたい。

参考文献

- 1) 厚生労働省検疫所FORTH, 検疫所業務年報, ベクターサーベイランス報告書

<https://www.forth.go.jp/ihr/index.html>

名古屋検疫所

中部空港検疫所支所検疫衛生課

加藤成生

<特集関連情報>

今後、注視すべき蚊媒介性ウイルス感染症

近年の交通網の発達と人的・物的交流の活性化により、節足動物媒介性ウイルス（アルボウイルス）感染症の流行域が急速に拡大し、新興・再興感染症として世界的規模で問題となっている。これまでにフラビウイルス、オルソブニヤウイルス、アルファウイルス、レオウイルス等に分類される多くのウイルスがアルボウイルスとして報告されているが、本項では近年その流行が示されているフラビウイルスおよびオルソブニヤウイルスに起因する感染症に注目する。

West Nile virus

ウエストナイルウイルス（WNV）はフラビウイルス科フラビウイルス属に分類され、1937年にウガンダで最初にその流行が確認された。以後、主にアフリカ、中東およびヨーロッパで散発していたが、2018年にはヨーロッパ15カ国で2,000例以上の患者が発生した¹⁾。その後も流行は継続し、2020年にはドイツで国内流行による最初の死亡例が報告された²⁾。米国では1999年にニューヨーク州で患者が発見され、急速にその流行域が米国、カナダ、メキシコ、カリブ海諸国、コロンビア、アルゼンチンなどに拡大した^{1,3)}。米国における2020年までの患者数は52,382人、そのうち死者は2,418人であった。わが国では2005年10月に輸入症例が確認された¹⁾。中国では新疆ウイグル自治区において流行が報告されている。オーストラリアにはWNVに近縁のクンジンウイルス（KUNV）が分布する。WNVは鳥が自然宿主であり、鳥と媒介昆虫である蚊の間で、感染環が形成・維持されている。これまでに感染が確認された鳥類の種類は220種以上におよぶ。特にカラス、イエスズメ、アオカケス等において血中のウイルス量が高いことが報告されている¹⁾。

Usutu virus

ウスツウイルス（USUV）はフラビウイルス属に分類され、近年ヨーロッパにおいて特に注目されている。USUVは1959年に南アフリカでイエカ属の蚊（*Culex neavei*）より初めて分離され、ヨーロッパでは回顧調査により遅くとも1996年には存在していたことが示されている⁴⁾。USUVは蚊と鳥の間で感染環を形成し、鳥に対して高い致死率を示す。主な媒介蚊はトビイロイエカ（*Cx. pipiens*）である。ヒトおよびげっ歯類は終末宿主である。USUVに感受性の高い主な鳥はユーラシアクロウタドリ（Blackbird: *Turdus merula*）である⁴⁾。これまでのところUSUVのヒトに対する病原性は高くないが、ヨーロッパでは2009年にイタリアで初めてUSUV感染による免疫不全患者の髄膜脳炎症例が報告された。また2009年にはイタリアで肝移植を受けた女性の血液からもUSUVが分離された。2017年には、オーストラリアの献血血液に対するコバス

8800システムを用いたWNV自動核酸増幅検査において、12,047検体中7検体が陽性を示した。そこで、WNVおよびUSUV特異的RT-PCR法、およびフラビウイルス共通RT-PCR法によりさらに詳細な検討が行われたところ、陽性7検体中WNV陽性は1検体のみであり、残りの6検体からUSUV遺伝子が検出された⁵⁾。ユーラシアクロウタドリは渡り鳥としてヨーロッパからロシア、中国、台湾にも分布し、わが国にも飛来するため、今後のUSUVの動向に注目する必要がある。

Oropouche virus

ブニヤウイルス目ペリブニヤウイルス科オルソブニヤウイルス属のオロプーシュウイルス (OROV) は南米の熱帯地域で流行するオロプーシュ熱の原因であり、1955年にトリニダード・トバゴの発熱患者から分離・同定された。以降ブラジルだけでも50万人以上が感染したと推定されており、デング熱に次いで南米で蔓延している節足動物媒介ウイルス性疾患である。OROVの感染経路として森林と都市の両方でそれぞれ感染環が成立することが知られており、都市型サイクルでは主に媒介昆虫のメカカ (*Culicoides paraensis*) やネッタイエカ (*Cx. quinquefasciatus*) と脊椎動物の宿主であるヒト間で感染環が維持されている⁶⁾。オロプーシュ熱の一般的な症状としては頭痛、倦怠感、筋肉痛等をとまう急性熱性疾患である。稀に髄膜炎や脳炎が起こるが、死亡例は報告されていない。6割の患者が回復後1カ月以内に再度同様の症状を示すことが報告されているが、そのメカニズムは不明である。ワクチンや抗ウイルス薬等の医学的対処法はない⁷⁾。これまで南米以外での報告はないが、疫学調査が十分行われていないため、今後さらなる研究が必要である。

Cache Valley virus

OROVと同じオルソブニヤウイルス属であるキャッシュバレーウイルス (CVV) は1956年に米国でハボシカ属の蚊 (*Culiseta inornata*) から分離され、北米、中米、および南米の一部において蚊と哺乳類の間で感染環を形成している。日本に広く存在するアカバネ病と同様に家畜の感染症として知られており、主に羊の先天性奇形や流産・死産などの催奇形性との関連性が示されている⁸⁾。最近、米国のニューヨーク州で行われた調査から、日本でも生息しているヒトスジシマカ (*Aedes albopictus*) が媒介昆虫としての能力を持つ可能性が示唆された⁹⁾。ヒトへの病原性の報告は多くはないものの、今までの症例からCVV感染と髄膜炎や脳炎との関連が示唆されている。亜急性の重篤な無菌性髄膜炎と診断された患者の脳脊髄液からCVVゲノムが同定された¹⁰⁾。また髄膜脳炎を患う免疫不全患者の脳組織からCVVが検出された¹¹⁾。さらに慢性リンパ性白血病患者の維持療法中にCVVによる髄膜脳炎を起こして死亡したという症例や¹²⁾、20代の健康

な男性が全身性症状をとまって死亡した例も報告されている¹³⁾。このことから原因不明の中中枢神経疾患にCVVが関与している可能性が考えられており、診断系の開発等が進められている¹⁴⁾。今後、人獣共通感染症としての研究や対策が求められる。

参考文献

- 1) 林 昌宏, 日本獣医師会雑誌 72 (12): 727-733, 2019
- 2) Pietsch C, *et al.*, Euro Surveill 25 (46): 2001786, 2020
- 3) Mackenzie JS, *et al.*, Nat Med 10 (12): 98-109, 2004
- 4) Vilibic-Cavlek T, *et al.*, Pathogens (9): 699, 2020
- 5) Bakonyi T, *et al.*, Euro Surveill 22 (41): 17-00644, 2017
- 6) Travassos da Rosa JF, *et al.*, Am J Trop Med Hyg 96 (5): 1019-1030, 2017
- 7) Megan AF, *et al.*, NPJ Vaccines 7 (1): 38, 2022
- 8) Chung SI, *et al.*, J Am Vet Med Assoc 199 (3): 337-340, 1991
- 9) Constantin D, *et al.*, Emerg Microbes Infect 11 (1): 741-748, 2022
- 10) Nang LN, *et al.*, J Clin Microbiol 51 (6): 1966-1969, 2013
- 11) Michael R, *et al.*, Ann Neurol 82 (1): 105-114, 2017
- 12) Yuanquan Y, *et al.*, Am J Hematol 93 (4): 590-594, 2018
- 13) Sexton DJ, *et al.*, N Engl J Med 336 (8): 547-549, 1997
- 14) Benjamin S, *et al.*, PLoS Negl Trop Dis 16 (1): e0010156, 2022

国立感染症研究所

治療薬・ワクチン開発研究センター
ウイルス第一部

河原円香

ウイルス第一部

林 昌宏 伊藤陸代 中山絵里

前木孝洋 田島 茂 海老原秀喜

<特集関連情報>

コガタアカイエカにおける隠蔽種存在の可能性について

今世紀に入り、蚊を中心としたミトコンドリア遺伝子のCOIバーコーディング領域を対象とした種同定システムの構築によって、媒介蚊研究では新規の知見が得られている。日本を東端としてアフリカまで広域に分布している日本脳炎ウイルス媒介蚊であるコガタアカイエカは、種レベルで日本特有 (琉球列島を除く) の集団 (日本型、隠蔽種の可能性) と琉球列島&海外の集団 (大陸型) の2つの型に大別できることが明らかになった¹⁾。

この2つの集団について幼虫、蛹、成虫の外部形態64形質について比較したところ、両者を区別できる差が確認されなかった²⁾。2017年の長崎県での調査によると、5～10月のシーズンを通して大陸型コガタアカイエカが採集され、その割合は、諫早市で最高25.0% (6～10月)、対馬市で最高15.3% (5～9月) であった³⁾。

セジロウシカおよびトビイロシカは日本において重要な稲の農業害虫である。6～7月に水田に出現し、稲を食害することが知られる。長年の研究によって、海外から気流を利用して東南アジア北部→中国南部→日本へ大量に飛来してくることが明らかになっている。ウンカ類と同所的に水田から発生するコガタアカイエカも、同様のルートで大陸から日本へ侵入してくる可能性がある。そこで、佐賀県の海外飛来性害虫調査で採集される飛来昆虫の資料提供を受けて、遺伝子構成を調べたところ、その中に少数の大陸型コガタアカイエカが混在していることが明らかになった^{1, 3)}。加えて、昆虫の飛行距離や速度を測定できるフライトミルを使ってコガタアカイエカの自力飛行について実験を行った。その結果、最長38時間連続で飛行できる能力があることも明らかになっている¹⁾。これらの研究から、コガタアカイエカもウンカ類と同様に気流を利用して大陸から日本へ入ってくる集団 (大陸型) が存在する可能性が高い。

2020年に長崎県において、コガタアカイエカ発生シーズン初期である3月に採集されたコガタアカイエカ48個体の核ゲノム解析を行ったところ、すべて日本型であったことが確認されている。このことから発生シーズン初期に確認されるのは休眠越冬から覚醒した国内の集団であり、前年に日本に侵入した大陸型とその子孫は日本では越冬できない可能性が高いことが示唆された⁴⁾。4月以降に大陸型が日本に侵入し、吸血活動をしていると考えられた。今後のさらなる知見の蓄積が期待される。

参考文献

- 1) Arai S and Kuwata R, *et al.*, PLoS Negl Trop Dis (印刷中)
- 2) 比嘉由紀子ら, 衛生動物, 71 Supplement: 45, 2020
- 3) 比嘉由紀子ら, 衛生動物, 70 Supplement: 46, 2019
- 4) 比嘉由紀子ら, 第56回日本脳炎ウイルス生態学研究会プログラム抄録集: 22, 2022

国立感染症研究所

昆虫医科学部

比嘉由紀子 楊 超

前川芳秀 沢辺京子

葛西真治

感染症疫学センター

新井 智

岡山理科大学獣医学部

鎌田龍星

<特集関連情報>

ヤマトヤブカの日本脳炎ウイルス感受性

日本を含むアジア地域の日本脳炎流行地において、日本脳炎ウイルス (JEV) の主要な媒介蚊は、ニセシロハシエカ亜群 (*Culex vishnui* subgroup) に属するイエカ (*Culex*) 属蚊であり、なかでもコガタアカイエカ (*Cx. tritaeniorhynchus*) が最も重要な媒介種である。コガタアカイエカの発生源は主に水田であり、雌成虫はウイルス増幅動物となるブタを含む中・大型の家畜や、サギなど一部の渉禽類に対して高い吸血嗜好性を示す。このような生態的環境が、JEVの自然界での感染維持サイクルと密接にかかわり、地域的な流行動態に影響していると考えられる。一方で、地理的・生態的要因により本蚊種がまったく分布しない、あるいは個体数密度が低い地域においても、日本脳炎の発生が散発的に起こることがある。例えば、コガタアカイエカの密度が低い北海道でのブタの感染事例¹⁾や、韓国の江原道におけるヒト症例^{2, 3)}がある。これらの事実は、コガタアカイエカ以外の蚊種がJEVの媒介に関与した可能性を示唆している。実際、日本脳炎が常在するアジア地域では、アカイエカ (*Cx. pipiens pallens*)、ネッタイエカ (*Cx. quinquefasciatus*)、ハマダライエカ (*Cx. orientalis*)、カラツイエカ (*Cx. bitaeniorhynchus*)、オオクロヤブカ (*Armigeres subalbatus*)、ヤマトヤブカ (*Aedes japonicus*) などの蚊種からJEVが検出されることがあり、これらの蚊種もJEVの伝播に二次的に関与している可能性がある⁴⁾。

ヤマトヤブカは、日本を含む東アジアの温帯域に分布するヤブカ (*Aedes*) 属蚊の一種で、その生息環境から、英語ではAsian bush mosquito またはAsian rock pool mosquitoと呼ばれる。1990年代以降、本種は米国やヨーロッパ各地へ外来種として侵入・定着し、近年さらに分布域を拡大していることが報告されている⁵⁾。米国では、本種からウエストナイルウイルス (WNV) が検出されており、ヨーロッパでは本種が侵入した地域でウエストナイル熱発生が報告されていることから、本種を介した伝播により、さらに広範な地域へのウイルスの拡散も懸念される。WNVは、JEVと遺伝的に近縁なウイルスであることから、ヤマトヤブカがJEVに対して感受性を有し、潜在的な媒介種である可能性は十分に考えられる。実際、Takashimaら (1989) は、JEVの遺伝子型Ⅲ型の株を用い、北海道におけるヤマトヤブカの野外捕集個体がJEVに対し感受性を示すことを報告している⁶⁾。

我々は、ヤマトヤブカのJEV感受性と媒介能について、主要媒介種であるコガタアカイエカと比較することで、より詳細に検証した⁷⁾。具体的には、コガタアカイエカ (島根県産) とヤマトヤブカ (千葉県産) の実験室累代系統を用いて、JEVの異なる遺伝子型

株 (I, III, および V 型) の経口感染実験を行い、ウイルス感受性と媒介能を調査した。

その結果、ヤマトヤブカの JEV 感受性はコガタアカイエカに比べるとかなり劣るものの、これら異なる JEV 遺伝子型すべてに感受性を示した。また、両種のウイルス感受性の差は、ウイルスの経口摂取後の最初の標的部位となる中腸における感染・増殖能に大きく依存している可能性が示唆された。本種は、比較したこれら 3 つの遺伝子型のうち、III 型に対して最も感受性が高く、感染個体の唾液中のウイルス量は、コガタアカイエカの場合と同等であった。以上の結果から、ヤマトヤブカは JEV に対する感受性はコガタアカイエカに比べると低いものの、いったんウイルスを獲得すればウイルスは体内で効率よく増殖し、媒介することが可能な種であることが明らかとなった。したがって、本種を介した JEV の伝播が自然界でも起こっている可能性があると考えられた。

近年、中国や韓国では、これらの地域にはこれまでにみられなかった JEV 遺伝子型 V 型のウイルスが出現し、コガタアカイエカ以外の蚊からも検出されている^{8,9)}。また、もともと JEV が分布していないイタリアにおいてウイルス感染蚊や野鳥がみつかり^{10,11)}、アフリカのアンゴラではヒトの国内症例が報告されている¹²⁾。ごく最近では、オーストラリア本土において、これまでにない地域と規模での JEV 流行が報告されている¹³⁾。このことは、これまで非流行地であっても、何らかの経緯でウイルスが持ち込まれ、そこに潜在的媒介能を持つ蚊種が存在すれば、不測の感染流行を起こし得る可能性を示唆している。また将来的に、JEV が主要媒介蚊以外の蚊種に適応するように変異すれば、より大きな公衆衛生上の脅威となり得る。このため、JEV の媒介可能蚊種の実態把握、ならびに変異ウイルス出現による宿主域の拡大も視野に入れた対策も今後必要と考えられる。

参考文献

- 1) Takashima I, *et al.*, Am J Trop Med Hyg 38 (2): 420-427, 1988
- 2) Lee DW, *et al.*, Int J Infect Dis 16 (6): e448-452, 2012
- 3) Seo MG, *et al.*, Microorganisms 9 (10): 2085, 2021
- 4) Zheng Y, *et al.*, Rev Med Virol 22 (5): 301-322, 2012
- 5) Kaufman MG, *et al.*, Annu Rev Entomol 59: 31-49, 2014
- 6) Takashima I, *et al.*, J Med Entomol 26 (5): 454-458, 1989
- 7) Faizah AN, *et al.*, PLoS Negl Trop Dis 14 (12): e0008986, 2020
- 8) Takhampunya R, *et al.*, Virol J 8: 449, 2011
- 9) Kim H, *et al.*, PLoS ONE 10 (2): e0116547, 2015

- 10) Ravanini P, *et al.*, Euro Surveill 17 (28): 20221, 2012
- 11) Platonov A, *et al.*, Euro Surveill 17 (32): 20241, 2012
- 12) Simon-Lorriere E, *et al.*, N Engl J Med 376 (15): 1483-1485, 2017
- 13) 厚生労働省検疫所 FORTH, 海外感染症発生情報, 日本脳炎-オーストラリア
https://www.forth.go.jp/topics/202200506_00002.html

国立感染症研究所昆虫医科学部

伊澤晴彦 Astri Nur Faizah 小林大介
佐々木年則 葛西真治

<特集関連情報>

日本脳炎に関する最近の状況

日本脳炎は、コガタアカイエカ等の蚊の刺咬によりフラビウイルス属の日本脳炎ウイルス (JEV) に感染することにより引き起こされる重篤な中枢神経系疾患である。ただし、本ウイルスに感染してもほとんどの人は不顕性感染に終わり、発症するのは 100-1,000 人に 1 人程度と推定されている。一方、日本脳炎を発症した場合、致死率は 20-30% に達し、回復したとしても約半数の患者は後遺症が残るとされる。1970 年以前には、年間 1,000 人を超える患者が発生したこともあったが、その後、ワクチンの品質、生産量の向上と定期接種化、媒介蚊の減少や居住環境の変化等により、患者数は急速に低下した。近年国内の年間症例届出数は、ほぼ 10 例以下で推移している。患者は主に西日本で発生しているが、直近 10 年間では、千葉県、茨城県、山梨県および静岡県でも患者が確認されている¹⁾。

日本脳炎の蔓延地域は、東アジア、東南アジア、南アジアやミクロネシア地域、オーストラリア北部、西はインド西部からパキスタン南部にまで広がっている。世界保健機関 (WHO) の推計では、蔓延地域全体で毎年約 6 万 8 千人が日本脳炎を発症しているとされる²⁾。近年、日本脳炎ワクチン接種もかなり進んでいるものの、インド、中国、ベトナム、フィリピン、ミャンマー、ネパール、スリランカ、バングラデシュ、タイ、マレーシアなどでは今も毎年数十例以上の日本脳炎患者が報告されている (次ページ表 1)³⁾。また 2016 年にはアフリカのアンゴラで、JEV と黄熱ウイルスの共感染例が報告された⁴⁾。なおゲノム情報から、この JEV は中国から持ち込まれた可能性が高い。

オーストラリアでは、1995 年に北部トレス海峡の島で初めて日本脳炎患者が確認された。以降、たびたび日本脳炎患者発生の報告があるものの、症例報告数は年間 4 例を超えることはなく、患者発生地域も北部に限定されていた。しかし 2022 年に入り、日本脳炎患

者が急増している(表2)⁵⁾。2022年4月20日までに37例が報告され、うち25例は実験室診断により日本脳炎と確定された。残り12例は、他のフラビウイルス感染を完全に否定できないがJEV感染による可能性が高いとされる。また患者3名が死亡している。患者は、すでに蔓延地域とされるトーレス海峡地域を含むオーストラリア北東部のクイーンズランド州だけでなく、南東部のニューサウスウェールズ州やビクトリア州、および南部のサウスオーストラリア州でも発生している。さらに今年に入り、JEV感染ブタ(ブタはJEVの増幅動物である)もこれらの地域の70カ所以上の豚舎で確認されていることから⁶⁾、すでにオーストラリア北東部から東部、南部にかけてJEVの生息域が拡大している可能性が高い。今後、患者の感染推定地域や蔓延ウイルスに関する詳細な情報が待たれる。

JEVは5つの遺伝子型(I, II, III, IV, V)に分類される。日本では1990年代初頭に、それまで主要であったIII型がI型に置き換わった。その後、他のIII型常在地域でも同様の置換が起こり、現在多くの地域でI型が主要型となっている。置換の要因は不明であるが、I型のほうが媒介蚊や増幅動物である鳥での増殖能が高い可能性が指摘されている。フィリピンでは今もIII型が主流であるが、インドネシアなどII型やIV型が特異に検出される地域もある。近年、約60年間検出されていなかったV型ウイルスが中国(2009年)と韓国(2010年)で相次いで蚊から検出された(本号13ページ参照)。その後韓国では、それまで主要型であったI型が急速にV型に置き換わった⁷⁾。さらに2015年にはV型ウイルスによる日本脳炎患者が韓国で初めて確認された(患者はその後回復している。ワクチン接種歴は不明)。またこの患者からウイルスの分離にも成功している(2018年にも別の患者から分離に成功している)⁸⁾。韓国では2010年以降、日本脳炎患者報告数が急増したが、これと、V型への置換との関連性は不明である。JEVの媒介蚊としてはコガタアカイエカが最も一般的であるが、韓国ではコガタアカイエカ以外の、鳥類嗜好性の蚊(アカイエカ種群、カラツイエカ、ハマダライエカ)からV型が検出されることが多い⁹⁾。一方、V型がブタから検出されたという報告はない。

表1. 近年の国別年間日本脳炎患者報告数*

国名	2020年	2019年	2018年	2017年	2016年
オーストラリア	1	3	0	1	0
バングラデシュ	32	86	96	19	1,294
ブータン	0	0	1	3	5
カンボジア	7	1	11	5	10
中国	260	369	1,800	1,147	1,130
インド	718	2,496	1,707	2,043	1,627
インドネシア	6	不明	不明	281	43
日本	5	9	0	3	11
ラオス	不明	96	11	9	19
マレーシア	31	48	28	20	59
ミャンマー	75	115	126	442	393
ネパール	29	71	57	63	98
フィリピン	122	143	204	361	312
韓国	7	34	17	9	0
スリランカ	31	19	29	23	18
タイ	15	不明	19	28	21
東ティモール	0	23	0	7	1
ベトナム	193	196	313	200	357

*文献3)のWHOホームページより一部を引用

表2. オーストラリアにおける日本脳炎患者発生報告数、2022年(2022年4月20日現在)*

州	実験室診断で確定した日本脳炎症例数	日本脳炎である可能性が非常に高い症例数**
クイーンズランド	2	2
ニューサウスウェールズ	11	2
ヴィクトリア	9	3
サウスオーストラリア	3	5
計	25	12

*文献5)のオーストラリア政府のホームページより引用

**日本脳炎患者であることが強く疑われるが、他のフラビウイルス感染症である可能性を完全には除外できない症例数

V型ウイルスは蚊や脊椎動物種に対して、これまでの流行型(I, III)とは異なる宿主親和性を持つものかもしれない。今のところ日本国内でV型は未検出である。しかし隣国で流行していることから、国内でのウイルス、媒介蚊への監視活動が非常に重要であると同時に、V型ウイルスの基礎ウイルス学的解析も進めてゆく必要がある。

参考文献

- 1) <https://www.niid.go.jp/niid/ja/y-reports/669-yosoku-report.html>
- 2) Campbell GL, *et al.*, Bulletin of the World Health Organization 89: 766-774E, doi:10.2471/BLT.10.085233, 2011
- 3) https://apps.who.int/gho/data/node.main.WHS3_42?lang=en

- 4) Simon-Loriere E, *et al.*, N Engl J Med 376: 1483–1485, 2017
- 5) <https://www.health.gov.au/health-alerts/japanese-encephalitis-virus-jev/about>
- 6) <https://www.outbreak.gov.au/current-responses-to-outbreaks/japanese-encephalitis>
- 7) Kim H, *et al.*, PLoS ONE 10: e0116547, 2015
- 8) Woo JH, *et al.*, Emerg Infect Dis 26: 1002–1006, 2020
- 9) Seo MG, *et al.*, Microorganisms 9: 2085, 2021

国立感染症研究所ウイルス第一部
田島 茂 前木孝洋 中山絵里
林 昌宏 海老原秀喜

<特集関連情報>

日本脳炎ワクチンと日本脳炎ウイルス遺伝子型V型

日本においては、日本脳炎 (Japanese encephalitis: JE) ワクチンが定期接種ワクチンとして導入されており、過去10年間 (2012～2021年) で計45名 (各年の届出数は0–11名で、平均すると1年当たり4.5名) のJE患者の発生が届け出されている。2009年以降、中国、韓国で日本脳炎ウイルス (Japanese encephalitis virus: JEV) の遺伝子型V型株が検出されている。JEV V型株はこれまで日本で検出された報告はなく、日本で流行するJEVの遺伝子型を注視する必要がある。本稿では、JEワクチンとJEV V型株について概説する。

JEVはフラビウイルス科フラビウイルス属に分類されるプラス鎖1本鎖RNAウイルスである。JEVの遺伝子は、コア (Core)、膜 (prM)、エンベロープ (E) の3つの構造タンパク質コード領域と、NS1、NS2A、NS2B、NS3、NS4A、NS4B、NS5の7つの非構造タンパク質コード領域から構成されている。JEVの血清型は1つで、遺伝子型はI型からV型の5つの遺伝子型に分類される¹⁾。日本で1990年頃まで主に検出されていたJEVの遺伝子型はIII型であったが、1990年代前半からはJEVのI型株が主に検出されるようになった。日本ではこれまで、JEVのI型とIII型以外の遺伝子型の株が検出されたという報告はない。

現在、日本で用いられているJEワクチンはJEV III型株を基に製造された不活化ワクチンである。日本では1954年にJEワクチンの生物学的製剤基準が交付され、その翌年の1955年よりワクチンの販売が開始された。その当時は、JEV III型株である中山株をマウスに脳内接種して作製した乳剤から得られた上清をホルマリンで不活化することで製造されていた、マウス脳由来の不活化ワクチンであった。当初はワクチン製造株として中山株が用いられていたが、野外分離株の変化とともに抗原性が流行株に近いJEワクチンが求め

られ、1989年よりワクチン製造株は北京株に変更された²⁾。その後、2004年に、中学生がJEワクチンを接種後に、重篤な急性散在性脳脊髄炎 (ADEM) を発症し、JEワクチン接種との因果関係が否定できないとの判断から、2005年に、厚生労働省健康局結核感染症課より積極的勧奨接種を差し控える旨の通知が発出された³⁾。その後、培養細胞 (Vero細胞) を用いた不活化JEワクチンが承認され、2010年より勧奨接種が再開された⁴⁾。2022年4月現在、日本でJEワクチンの製造・販売を行っているのは一般財団法人 阪大微生物病研究会と、KMバイオロジクス株式会社〔旧一般財団法人 化学及血清療法研究所 (化血研)〕の2社のみである。

海外では、日本で用いられている北京株由来の細胞培養不活化ワクチン以外のワクチンも用いられている。

SA14-14-2株は、中国のJE患者から分離されたSA14株をハムスター初代腎細胞と乳飲みマウスを用いて継代することで得られた株で、弱毒生ワクチンとして中国やスリランカ、ネパール、韓国等のアジア諸国で用いられている⁵⁾。また、SA14-14-2株はVero細胞を用いた不活化ワクチンの製造にも、ヨーロッパや米国、カナダ、オーストラリアなどで用いられている⁶⁾。また、黄熱の生ワクチンに使用されている17D-204株のprMおよびE領域を、前記のSA14-14-2株のprMおよびE領域に置換した遺伝子組換えワクチンがオーストラリア、タイ、韓国などで用いられている⁷⁾。

日本でこれまでに検出されたJEVの遺伝子型はIII型とI型のみであり、現在日本で用いられているJEワクチンはIII型株由来である。JEV I型株とJEV III型株のアミノ酸配列の相違は3%前後であり、III型株由来のJEワクチンによって、III型株に対する中和抗体と同程度の中和抗体がI型株に対しても誘導されることがマウスを用いた実験で報告されている⁸⁾。JEV V型株は1952年にマレーシアの脳炎患者から分離された株 (Muar株) で、Muar株の分離以降、50年間以上、別のV型株が検出されたという報告はなかった。ところが、2009年に中国で採取されたコガタアカイエカからJEV V型株が分離された⁹⁾。また、韓国では2011年にコガタアカイエカ以外のイエカからJEV V型遺伝子が検出され、2015年にJEを発症した患者髄液よりJEV V型株が分離された^{10, 11)}。またJEV I型株とJEV III型株のアミノ酸配列の相違は3%前後であるのに対して、JEV V型株とJEV III型株およびJEV I型株のアミノ酸配列の相違はいずれも10%弱である¹²⁾。そのため、JEVの血清型は1つであるものの、JEV V型株の抗原性はJEV I型株あるいはIII型株の抗原性と異なる可能性がある。日本で現在用いられているJEワクチンはIII型株由来であるため、JEV V型株への防御能はIII型株およびI型株に対する防御能より低い可

能性がある。従って、日本で検出される JEV の遺伝子型を継続的に注視することが重要である。

参考文献

- 1) Solomon T, *et al.*, J Virol 77 (5): 3091-3098, 2003
- 2) 北野忠彦, IASR 10: 6, 1989
<https://idsc.niid.go.jp/iasr/CD-ROM/records/10/11203.htm>
- 3) 厚生労働省健康局結核感染症課
<https://www.mhlw.go.jp/topics/2005/05/tp0530-1.html>
- 4) 田島 茂ら, IASR 38: 164-165, 2017
- 5) Hegde NR, *et al.*, Hum Vaccin Immunother 13 (6): 1-18, 2017
- 6) Erra EO, *et al.*, Expert Rev Vaccines 14 (9): 1167-1179, 2015
- 7) Monath TP, *et al.*, Vaccine 33 (1): 62-72, 2015
- 8) Tajima S, *et al.*, J Gen Virol 96 (9): 2661-2669, 2015
- 9) Li MH, *et al.*, PLoS Negl Trop Dis 5 (7): e1231, 2011
- 10) Takhampunya R, *et al.*, Virol J 8: 449, 2011
- 11) Woo JH, *et al.*, Emerg Infect Dis 26 (5): 1002-1006, 2020
- 12) Mohammed MA, *et al.*, Infect Genet Evol 11 (5): 855-862, 2011

国立感染症研究所ウイルス第一部
前木孝洋 中山絵里 田島 茂
林 昌宏 海老原秀喜

<特集関連情報>

マラリアワクチン開発の最新情報

はじめに

マラリアワクチンの開発は主に、1) スポロゾイトの肝細胞への感染を阻害する「感染阻止ワクチン」、2) 赤血球期原虫の増殖を阻害する「発病阻止ワクチン」、3) 媒介蚊中腸内で原虫の発育を阻害する「伝搬阻止ワクチン」の3種が進められてきた(図)。2021年10月6日について感染阻止ワクチンRTS,S/AS01が、世界保健機関(WHO)から中等度から高度流行地の小児への予防接種として推奨された¹⁾。しかしその効果はわずか30%であり、さらに効果の高いワクチンの開発が引き続き注力されている。

マラリアワクチン開発の最新情報

1) 感染阻止ワクチン

1960年代末、放射線照射による弱毒化スポロゾイト(いわばマラリア生ワクチン)で動物を免疫すると強い防御免疫が誘導されることが報告され、マラリアワクチンの実現可能性が初めて示された。また、その防御免疫の標的抗原として、スポロゾイトの表面タンパ

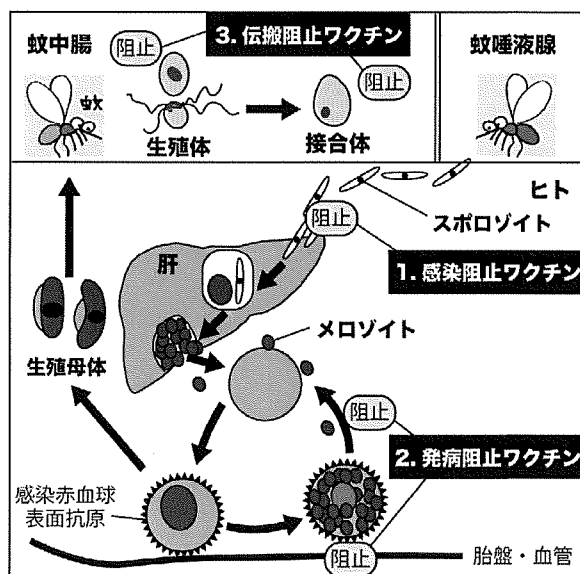


図. 3種類のマラリアワクチン標的

ク質circumsporozoite protein (CSP) が同定された。RTS,S/AS01はCSP由来の組換え抗原を用いたワクチンである。2015年アフリカでの第3相臨床試験では、約6,500名の乳児と約9,000名の幼児にRTS,S/AS01を1カ月おきに3回接種し18カ月間追跡したところ、マラリア発症予防効果は乳児で27%、幼児で46%であった。さらに追跡20カ月目に追加接種した場合、38~48カ月目までの効果は乳児で26%、幼児で36%であった。そこでWHOは2018年から大規模なRTS,S/AS01実施プログラムをガーナ、ケニア、マラウイの3カ国で実施し、83万人の小児に4回接種した結果、重症マラリアによる入院を30%減少させることを見出した。この結果を基に、2021年10月6日、ついにWHOはRTS,S/AS01を中等度から高度流行地の小児への予防接種として推奨した¹⁾。また第二世代ワクチンとして、同じくCSP由来抗原のR21/Matrix-Mワクチンの第2相臨床試験がブルキナファソで実施された。1カ月おきに3回接種し、12カ月間追跡したところ、マラリア発症予防効果は77%であった²⁾。75%以上の防御効果を1年間以上継続させるという、WHOが設定した目標に初めて到達したものとして注目されている。現在12カ月目に4回目の追加接種を行い、経過を観察中である。

2) 発病阻止ワクチン

発病阻止ワクチンの主な標的抗原はメロソイト表面のタンパク質である。宿主免疫に曝されることから抗原多型が問題であり、多型の少ない抗原の選択が求められる。現在、大阪大学の堀井俊宏教授により原虫のSERA5を抗原としたNP-SE36マラリアワクチン開発が進められている³⁾。またメロソイト赤血球侵入に重要なRH5を抗原とするRH5.1/AS01ワクチンの第2相臨床試験の結果が昨年報告された。赤血球期原虫を

人為的にヒトへ感染させた結果、ワクチン接種群で有意な原虫の増殖阻害を見出したが、完全な増殖阻害は達成できなかった¹⁾。いずれも今後の開発の成果が注目されている。また感染赤血球が胎盤に集積することで生じる「妊娠マラリア」に対して、感染赤血球表面に局在するVAR2CSAと呼ばれる原虫抗原がワクチン候補として着目され臨床開発が進んでいる⁵⁾。

3) 伝搬阻止ワクチン

媒介蚊中腸における原虫の発育を阻害する伝搬阻止ワクチンは、マラリアの再流行を防ぐことができるため、マラリアエリミネーションに必須と考えられている。主な利点としては、蚊中腸内で標的抗原が初めて外部に露出するため、ヒトの獲得免疫が誘導されにくく抗原多型が少ないこと、また蚊中腸内の原虫数が10-100と少ないこと、などが挙げられる⁶⁾。生殖体を標的とするPfs230、また接合体以降を標的とするPfs25を抗原とする第1相臨床試験が実施され、どちらも伝搬阻止効果と抗体価が比例することが示された。Pfs230は最近、米国で実施された第1相臨床試験でPfs25を上回る有効性が示され、今後の開発の進展が期待されている⁷⁾。高い抗体価の維持が今後の課題である。

新規マラリアワクチン抗原探索が課題

より有効なマラリアワクチンの開発には、複雑なマラリア原虫の生活環を多段階で阻害する多価ワクチンが必要である。また現行のマラリアワクチン候補抗原はわずかである。そこで我々は愛媛大学で開発されたコムギ無細胞タンパク質合成法により、これまでマラリア原虫タンパク質を約3,000種類合成し(原虫ゲノムには約5,400種の遺伝子がコードされている)、新規マラリアワクチン候補抗原探索を進めている⁸⁾。2013年からは、公益社団法人グローバルヘルス技術振興基金からも助成を受け、我々が見出した新規発病阻止マラリアワクチン候補抗原を加え、3種類のマラリアワクチンの前臨床開発を進めている(参考: <https://www.ghitfund.org>)。

参考文献

- 1) WHO, World malaria report 2021
- 2) Datoo MS, *et al.*, Lancet 397: 1809-1818, 2021
- 3) 堀井俊宏, IASR 39: 175-176, 2018
- 4) Minassian AM, *et al.*, Med 2: 701-719, 2021
- 5) Gamain B, *et al.*, Front Immunol 12: 634508, 2021
- 6) Takashima E, *et al.*, Front Cell Infect Microbiol 11: 805482, 2021
- 7) Healy SA, *et al.*, J Clin Invest 131 (7): e146221, 2021
- 8) Kanoi BN, *et al.*, Parasitol Int 80: 102224, 2021

愛媛大学

プロテオサイエンスセンター

准教授 高島英造

<速報>

SARS-CoV-2 B.1.1.529系統(オミクロン株)による院内クラスター対策と事例解析における発症日とCt値および抗原定量値との関連 — 山口県

(web版速報掲載日: 2022年4月27日)

背景

わが国で新型コロナウイルス感染症(COVID-19)の初発例が報告されたのは2020年1月であり、その後約2年間にわたって、それぞれ異なる変異株を主流とする計6回の流行がみられた。2021年末に沖縄県や山口県など複数県から始まった第6波は、新型コロナウイルス(SARS-CoV-2) B.1.1.529系統(オミクロン株)が主流であり、ゲノム解析の結果、当時米国で多数検出されていた系統に近縁もしくは同一配列であるとされている¹⁾。また、同時期の山口県内のSARS-CoV-2新規感染者全体に占めるオミクロン株の割合は急速に増加し、2022年1月に実施された山口県内の516検体のゲノム解析の結果、1月4日発症の患者の検体以降に検査を実施した497検体すべてがオミクロン株であり²⁾、そのほとんどが米軍岩国基地関連のクラスターから検出されたオミクロン株と同一ゲノムもしくは1-2塩基置換であった。

山口県内で感染が拡大する中で、504床を有する県立病院において大規模な院内クラスターが発生し、患者検知から終息までに入院患者56名および委託業者4名を含む計104名の感染が確認された。

職員の多くは2021年12月末までに3回目のワクチン接種を完了していたにもかかわらず、無症状病原体保有者を含む44名が罹患した。104名のうち、職員4名および入院患者1名の計5名は発症時期が偶然重なったものの、その後の疫学調査により、今回のクラスターとは関連のない持ち込み事例であることが判明した。対策の一環として、診断のための検査の他、陽性者を早期に検出するために、入院時を含めて複数回にわたるPCR検査もしくは抗原定量検査(院内スクリーニング検査)を実施した。オミクロン株によると考えられる何らかの症状、すなわち発熱や気道症状、倦怠感、頭痛、関節痛など³⁾が出現した日を発症日とし、発症者の検査実施時期とCt値および抗原定量値との関連をまとめた。

対象と方法

2022年1月1日～2月17日までに、山口県立総合医療センターにおいてSARS-CoV-2感染が確認された104名のうち、無症状病原体保有者5名および発症日が明確でない1名を除く98名を対象に、診断およびスクリーニングのために院内で実施したPCR検査延べ80件および抗原定量検査延べ106件の計186件について、発症病日(発症日を0とする)とCt値もしくは抗原量との関連をまとめて比較検討した。PCR検

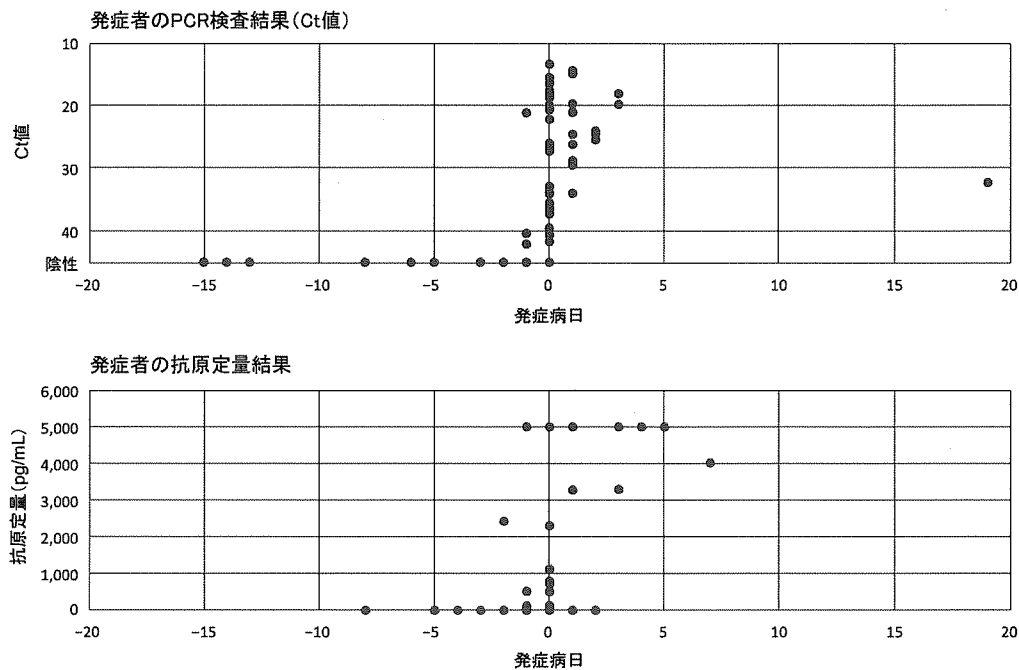


図. 発症病日とCt値および抗原量との関連

査は、鼻咽頭ぬぐい液検体300μLからXpert® Xpress SARS-CoV-2「セフィエド」を用いてRNAを抽出し、SARS-CoV-2 E領域およびN2領域をターゲットとしてリアルタイムRT-PCRによりCt値を測定し、抗原定量検査はルミパルス® SARS-CoV-2 Agを用いて測定した。また、index caseを含む4検体についてゲノム解析を実施した。全RNAは鼻咽頭ぬぐい液からQIAamp Viral RNA Mini kit (Qiagen, Hilden, Germany)を用いて抽出した。SARS-CoV-2の全ゲノム配列の決定は、Itokawaら⁴⁾の改良法により⁵⁾、Illumina iSeq 100 platform (illumina, San Diego, CA)を用いて行った。得られた配列を、SARS-CoV-2 Wuhan-Hu-1ゲノム配列 (GeneBank ID: MN908947) を基にA5-miseq v.20140604を用いてマッピングした。系統の決定はPhylogenetic Assignment of Named Global Outbreak LINEages (PANGOLIN) database (<https://cov-lineages.org/resources/pangolin.html>)により行った。

発症病日とCt値および抗原量との関連

Index caseを含む4名の患者の鼻咽頭ぬぐい液から得られたウイルスRNAについて全ゲノム解析を実施した結果、4検体ともオミクロン株であった。

PCR検査80件のうち、発症前日までに採取された検体を用いた検査は32件で、このうち29件 (90.6%) は陰性であった (図)。発症3日前の検体7件および2日前の検体7件はいずれも陰性で、発症前日の検体11件のうち陽性となった3件のCt値は各21.2, 40.4, 42.1であった。Ct値が21.2と低くウイルス量が多いと推測された1件は、クラスターの初期に院内スクリーニ

ング検査で検知された入院患者であった。発症日に採取した検体32件では、31件 (96.9%) が陽性となり、このうち19件 (61.3%) はCt値が30以下であった。発症日に陰性であった1件は、第1病日に再度検体を採取して検査を実施し、陽性 (Ct値24.6) が確認された。第1病日～第3病日までに採取した検体各10件、3件、2件はすべて陽性で、Ct値30以下は各9件、3件、2件であった。第19病日に採取した検体を用いて実施した検査が1件あったが、基礎疾患増悪のための再検査であった。

抗原定量検査106件のうち発症前日までに採取した検体は60件であり、このうち50件 (83.3%) は陰性であった (図)。発症3日以前に採取した検体11件はいずれも陰性で、発症2日前および前日に採取した検体20件、29件のうち、陽性であったのは各1件、9件であった。発症2日前に採取した1件が2,422.86pg/dL、前日に採取した9件中1件が514.65pg/dLおよび2件が5,000.00pg/dLと抗原定量値が高値であったが、この4件 (4名) は疫学調査の結果から新たな感染源とはならなかったことが判明している。発症日に採取した検体28件では4件を除く24件 (85.7%) が陽性であり、このうち13件 (54.2%) は5,000.00pg/dLと高値を示した。第1病日に採取した検体9件のうち5件は高値を示したが、3件は陰性、1件は11.4pg/dLと抗原定量値は低値を示した。第2病日に採取した検体で実施した検査1件は陰性であったが、第3病日以降に採取した検体8件は、すべて陽性かつ高値であった。

考 察

本事例の4検体および山口県内で2022年1月5日

以降に発生した感染者497検体のゲノム解析の結果、すべてオミクロン株であったことから、本事例の感染はすべてがオミクロン株によるものと考えられた。

オミクロン株症例においては、ワクチン接種歴にかかわらず、発症前に採取された呼吸器検体中の一部に感染性ウイルスが検出されたが、最もウイルス分離効率が高かった発症日から発症4日目に比べるとウイルス分離効率は低い傾向があり、発症前のウイルス排出量は発症直後に比べ比較的小さいという国内のデータがある⁶⁾。本調査においても、発症日あるいはそれ以降の検査の多くが陽性となった。しかしながら、発症日であっても陰性になるケースや、陽性であってもCt値が高くウイルス量が少ないと考えられる例もあった。

国内では、第5波の主流であったデルタ株以前は、疫学調査の際に発症前の感染にも特に注意を要したが、今回実施した調査では、発症前はPCR検査もしくは抗原定量検査が陰性である場合が多く、他者に感染させるリスクは発症後により高くなることを示唆する結果となった。また、発症前に抗原定量値が高値であった例もみられたものの、新たな感染源とはならなかった。院内において、専門家の指導のもとにワクチン接種を含めた感染対策がある程度徹底され、有症者を効率的に検出できる仕組みが整っていれば、感染を防ぎ得る、あるいはクラスターを最小限に留めることができるのではないかと考えられた。

施設によっては複数回のスクリーニング検査の実施が難しい場合もあるため、検査を効果的に利用しつつ、まずは嚴重な健康観察のもとで症状を確認し、関連する症状が発現した際には、速やかに隔離し検査を実施することが重要であると考えられた。実際に、今回のクラスターでは、本データを活用して院内での健康観察を見直し、発熱だけでなくオミクロン株感染に多いとされる⁷⁾咽頭痛なども確認項目に加え、極軽度の症状であっても検査を実施することとし、対策に役立てることができた。

今回の調査では、クラスター対策として実施した検査をすべて対象としたことから、曝露前と考えられる結果を含めて提示している。また、主に診断と院内スクリーニングに用いた検査結果であるため、Ct値や抗原量の経時的な変化を確認することはできていない。臨床経過やウイルス量との関連などが判明すれば、さらに対策に有用であると考えられる。

参考文献

- 1) 国立感染症研究所, 国内のオミクロン株の分子疫学調査, 2022年2月9日
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2551-cepr/10962-omi-genome.html>
- 2) 山口県感染症情報センター, 新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の県内の発生状況の推移につ

いて

<https://kanpoken.pref.yamaguchi.lg.jp/jyoho/page5-7/page5-7-31-analysis.html>

- 3) 平良勝也ら, IASR 43: 37-40, 2022
- 4) Itokawa K, *et al.*, PLoS ONE 15 (9): e0239403, 2020
- 5) https://github.com/ItokawaK/Alt_nCov2019_primers/tree/master/Primers/ver_N5
- 6) SARS-CoV-2 オミクロン株感染による新型コロナウイルス感染症の積極的疫学調査 (第6報): ウイルス学的・血清学的特徴
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2484-idsc/11017-covid19-76.html>
- 7) UK Health Security Agency, SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England: technical briefing 34, 14 January 2022
https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1050236/technical-briefing-34-14-january-2022.pdf

川崎市健康安全研究所

三崎貴子 岡部信彦

山口県立総合医療センター

横田 啓 長谷川真成

池田安宏 福迫俊弘

山口県環境保健センター

調 恒明

<速報>

広島市保健所管内の高齢者向け社会福祉施設におけるオミクロン株による新型コロナウイルス感染症集団発生事例

(web版速報掲載日: 2022年5月17日)

はじめに

広島市では2021年10月以降、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の流行は低調に継続していたが、2021年12月末以降に急激に報告数が増加した。2022年1月初旬の広島県のL452R変異判定PCR検査では、オミクロン株を示唆するL452 (L452R変異陰性) と判定された検体の割合は全体の約9割¹⁾となった。同状況下において、市内の1つの高齢者施設で1月5～19日の期間に計28例のCOVID-19症例の集積を認めた。本調査では、高齢者施設におけるオミクロン株によると思われるCOVID-19集団発生事例の疫学情報としてまとめ、その特徴を明らかにし、同様の施設での対策に資することを目的とした。

対象と方法

症例定義は、当該施設の職員または入所者において2021年12月19日～2022年2月1日にPCR検査で新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) 陽性と判定された者 (症状の有無を問わない) とした。当該施設の観察、

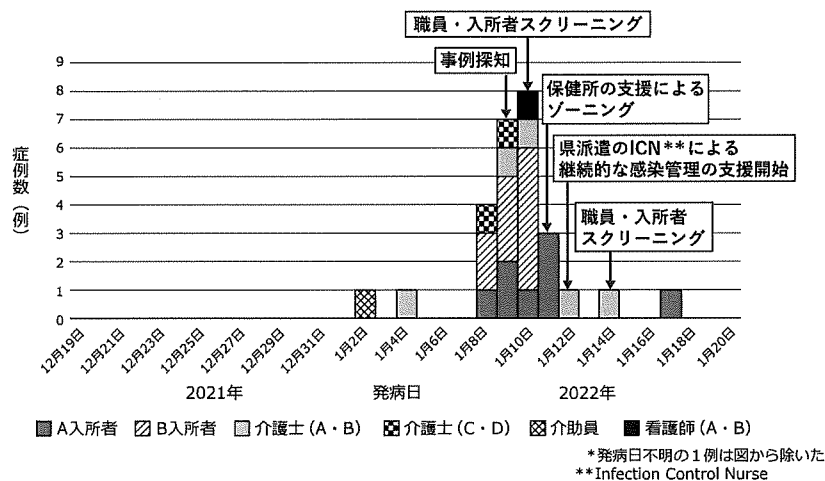


図. 当該施設における属性別 COVID-19 発生状況と対応 (2021年12月19日～2022年1月20日, n=28*)

関係者からの聞き取り, 保健所が実施した積極的疫学調査結果 (調査票) に基づき記述疫学を行った。重症度の定義は, 「新型コロナウイルス感染症診療の手引き 第6.2版」の重症度分類に基づき, 軽症, 中等症 I, 中等症 II, 重症とした。

結果

当該施設は職員57名, 入所者70名 (2022年1月11日時点) の, ユニット型居室80室を有する特別養護老人ホームであった。居室は2階 (入所者36名) と3階 (入所者34名) に分かれており, それぞれの階の入所者同士が交差することはない, また職員同士も更衣室以外で交差することはない。陽性例の発生した2階の居室は4つのユニット (それぞれの入所者数は, A: 10名, B: 10名, C: 9名, D: 7名) に分かれており, 2階職員はユニットAとBの担当と, CとDの担当に分かれており, 互いに交差することはない。

症例定義に合致したのは職員 (以下, 職員陽性例) 9例, 入所者19例 (以下, 入所者陽性例) であった。職員陽性例のうち1例, 入所者陽性例のうち2例でL452R変異陰性が確認された。職員陽性例が発生した後, 一峰性に入所者陽性例が集積した (図)。

職員陽性例9例の属性は, 女性3例 (33%), 年齢中央値39歳 (範囲: 20-68歳) であった。2階のユニットA, B担当職員から6例, ユニットC, D担当職員から2例, 施設全体の清掃を担当していた介助員から1例であった。職種は, 介護士7例 (78%), 介助員1例 (11%), 看護師1例 (11%) であった。ワクチン接種歴は2回が8例 (89%), 不明1例 (11%) であった。担当ユニットごとの調査対象期間における累積罹患率はAとB担当職員55% (6/11: 分母はA, B担当職員数), CとD担当職員17% (2/12: 分母はC, D担当職員数) であった。なお, ユニットC, Dの職員陽性例については, 既知の陽性例との疫学リンクは明らかではなかった。

入所者陽性例19例の属性は, 女性13例 (68%), 年

齢中央値90歳 (範囲: 75-100歳) であった。入所者陽性例はすべて2階から発生し, ユニットでは, A: 9例 (47%), B: 10例 (53%) からのみ発生した。ワクチン接種歴は2回が14例 (74%), なし4例 (21%), 不明1例 (5%) であった。ユニットごとの累積罹患率は, AとBで95% (19/20: 分母はA, B入所者数), CとDでは0% (0/16: 分母はC, D入所者数) であった。階ごと, ユニットごとでワクチン接種率に差はなかった。

入所者陽性例の特徴として, 陽性判明時点の有症状者は16例 (84%) で, 症状の内訳は37.5°C以上の発熱12例 (75%), 倦怠感7例 (44%), 咳4例 (25%), 食欲低下3例 (19%), 呼吸困難感2例 (13%), 鼻汁・鼻閉2例 (13%) であった (重複あり)。全例で基礎疾患を有し, 主なものは認知症13例 (68%), 脳血管障害7例 (37%), 高血圧4例 (21%), 糖尿病3例 (16%) であった (重複あり)。陽性判明時点の重症度は軽症8例 (42%), 中等症 I 1例 (5%), 中等症 II 以上10例 (53%) であり, 11例 (58%) が医療機関に入院となった。入院しなかった入所者陽性例8例のうち3例は, 施設でCOVID-19に対する抗体カクテル療法を受けた。中等症 II 以上の入所者陽性例におけるワクチン2回接種率は80% (8/10) であった。2月2日時点で2例 (11%) が死亡 (うち1例は施設で看取りの方針で医療機関には入院せず) し, 入院した11例のうち8例は改善し, 退院もしくは療養目的で転院となった。

考察

本事例は, 高齢者向け社会福祉施設におけるオミクロン株によると考えられるCOVID-19集団発生事例であった。入所者陽性例に先行して, 入所者陽性例が発生したユニットに出入りする職員が発病しており, 職員からのウイルスの持ち込みの可能性が示唆された。2022年1月2日発病, 5日診断の職員陽性例は, 調査された範囲において入所者との接触を認めなかったが, 1月4日発病, 9日診断の職員陽性例をきっかけ

として事例が探知された。探知直後より保健所職員と県から派遣された感染管理認定看護師の支援のもと迅速な対応が行われた。対策としては、職員・入所者の迅速なスクリーニング検査、A, B担当職員とC, D担当職員が共用していた職員更衣室の使用の禁止、施設全体で感染管理の強化（ゾーニング、感染防護具の適切な使用、手指衛生の徹底等）、入所者の共同スペースでのマスク着用の徹底、入所者の食事を共有スペースで一斉にとるのではなく可能な限り居室でとる、等の対策が行われ、1月17日発病の入所者陽性例を最後に新規陽性例は発生せず、事例は収束した（前ページ図）。本事例において、ユニットA, Bでは短い期間に多くの入居者が感染しており、このような高齢者向け施設のユニットにオミクロン株が持ち込まれた場合には、短期間に感染が拡大する可能性が示唆された。一方、ユニットC, Dでは担当職員から2例の陽性者を認めたのみに留まり、入所者陽性例は発生しなかったことから、当該施設、保健所、県感染症医療支援チームが一体となって行ったクラスター対応（その時期と介入策）がさらなる感染の連鎖を遮断するうえで有効であった可能性が示唆された。

本事例においては、施設入所者陽性例19例のうち約6割が入院治療を要し、1割が死亡した。オミクロン株についてはデルタ株に比較し入院のリスクが低いと報告²⁾されているが、基礎疾患を有する高齢者の集団で多くの感染者が発生した場合には、一定数の入院を必要とする者や、また、死亡者も発生する可能性があるため注意が必要である。

本調査から、特にCOVID-19流行時には、高齢者施設の感染管理体制を強化すること、また、専門家チームによる支援を含めた迅速なクラスター対策を実施することが、入院例・死亡例の発生を抑制するために重要であると考えられた。

謝辞：ご協力いただいた当該施設や自治体の関係者の皆様に深謝申し上げます。

参考文献

- 1) 広島県感染症・疾病管理センター、新型コロナウイルス感染症（変異株）について
<https://www.pref.hiroshima.lg.jp/site/hcdc/henikabu.html>
- 2) Nyberg T, *et al.*, LANCET (preprints), 2022
https://papers.ssrn.com/sol3/papers.cfm?abstract_id=4025932

広島県感染症医療支援チーム

大野公一 久保達彦 大毛宏喜
桑原正雄

広島市健康福祉局保健部

上田久仁子 三森 倫

広島市安佐北保健センター

九賀真愛 西田征章 坂本直美

北渕明美 湯浅澄広

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

高橋賢亮

実地疫学研究センター

福住宗久 砂川富正

<速報>

アジアリーグアイスホッケー競技大会における新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 事例

(web版速報掲載日：2022年5月24日)

北海道釧路市で2022年1月15日、16日にアジアリーグアイスホッケーの試合（以下、試合）が開催され、対戦した両チームの選手・関係者の他、大会関係者や観客で新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の集団発生を認めた。本事例で得られたアイスホッケー競技大会のCOVID-19対策に資する知見や課題を報告する。

症例定義を、上記試合会場にいた選手、チーム関係者、大会関係者および試合の観客のうち、2022年1月15日～2月4日までに検査で新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) 感染が確認された者とした。情報は釧路保健所の患者調査票、ゲノム解析結果、関係者への聞き取り、試合会場の視察、北海道大学工学部の協力を得て実施したアイスリンクの換気 airflow 調査の結果から得た。

全症例172例中、観客が102例 (59%) を占めた。全症例中ワクチン未接種者は38例 (22%) で、うち11歳以下の観客が29例を占めた。選手の症例42例のうち6例 (14%) は2回のワクチン接種を完了していなかった。症例は全員、診断時に軽症または無症状であった。属性別のSARS-CoV-2検査の陽性割合は、選手およびチーム関係者55/59例 (93%)、審判や報道関係者等の大会関係者15/76例 (20%)、観客102/867例 (12%) であった。初発例は試合に先立ち1月12日に発症したチームAの選手であったが、1月13日にチームが同選手に実施したPCR検査では陰性であった。症例全体としては、試合後の1月18日に発症者のピークがある一峰性の発生を認めた（次ページ図1）。属性別の発症日の最頻値は、チームAの選手と関係者は17日、対戦相手チームBの選手と関係者、および15日のみ観戦した観客は18日、16日のみ観戦した観客は19日であった。観客の大多数は来場2～4日後に発症していた。観客における症例の多くは選手ベンチ後方の座席に座っており、近距離で多くの観客同士が接触する機会は確認されなかった（次ページ図2）。観客は間隔をあけて着席し、自席での飲食が許可されており、飲食時以外はマスク着用が求められていた。なお、本リンク周囲は選手ベンチ前を除いて保護ガラス

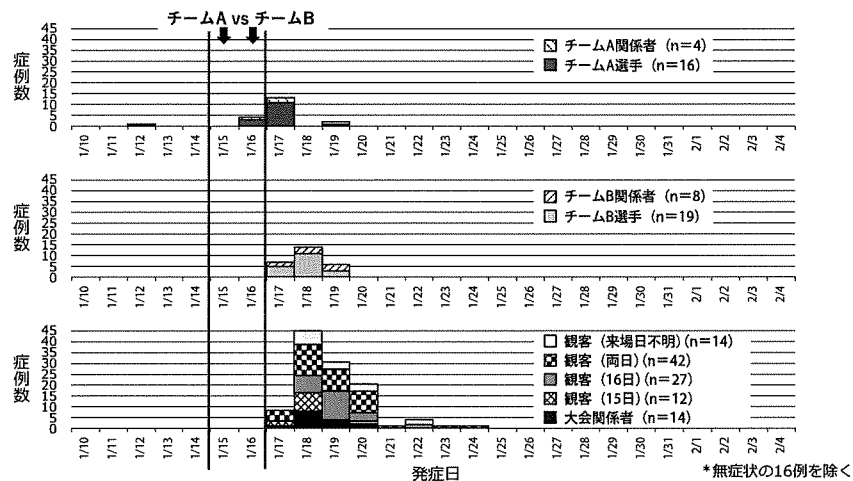


図1. アジアリーグアイスホッケー関連 COVID-19 症例の属性別発生状況、2022年1月10日～2月4日、n=172*

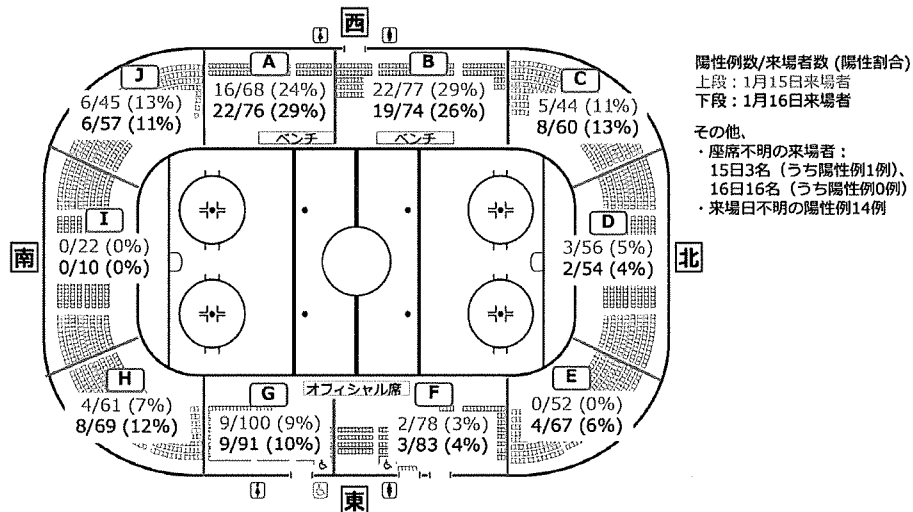


図2. アジアリーグアイスホッケー関連 COVID-19 症例の座席別陽性割合、2022年1月10日～2月4日

と呼ばれる透明な壁で囲まれていた。選手ベンチ後面には保護ガラスが設置がされているリンクもあるが、本リンクでは従前から選手ベンチ後面の保護ガラスは設置されていなかった。氷上に上らず、かつ他症例との近距離接触が確認されなかった大会関係者の症例(オフィシャルボックス内関係者、報道関係者等)がいた。チームA選手1例、チームA関係者3例、チームB選手3例、大会関係者1例、観客3例から検出されたSARS-CoV-2のゲノム解析が行われ、それらはゲノム配列が一致したオミクロン株(B.1.1.529系統)であった。なお、試合両日とも館内ロビーで飲食物の販売や無償提供が行われていたが、飲食提供事業者で発症者は確認されなかった。

アリーナ内の気流調査の結果、リンク内では温められた空気が天井付近から供給され、客席北側上層部にある排気口から排出されており、天井付近から実験的にスモークを発生させても下層部ではそれが測定されず、上層部で空気が循環していることが明らかになっ

た。一方、下層部のリンク上でスモークを発生させるとリンク内およびその周囲に停留する傾向にあり、ベンチ方向やリンクサイドで唯一遮蔽物がないベンチ後ろの客席の方向へゆっくりと向かう気流が確認された。この状況で2階客席後方の非常口を開放しても客席の空気循環は改善が乏しかったが、1階の両チームの選手ベンチの中央付近に設置したファンを稼働させ会場の内から外へ排出すると、ベンチから客席方向への空気の流れは減少した。

本事例ではアイスホッケーの試合に参加した選手、大会関係者、お互いに近距離での接触機会が乏しかった観客がほぼ同時に発症していた。感染源は先行して感染が確認された選手と考えられた。競技中の近距離での接触とアイスリンク内の換気不十分な状況から¹⁾、選手とチーム関係者および審判の感染経路は飛沫、接触、エアロゾル感染(空気中に浮遊するウイルスを含むエアロゾルを吸い込むことによる感染)のいずれも可能性があった。また、ピリオド間に氷上に上がる整氷担当

者は整氷中のエアロゾル感染の可能性が疑われた。他の大会関係者や観客は客席やリンク周囲でエアロゾル感染により感染した可能性が考えられた。氷の管理のために氷上付近の気流を最小限にするように作られたアイスリンク上で、感染性がある人が、激しい運動から選手の呼気量が多いアイスホッケー競技²⁾を行った場合、エアロゾル感染が起こり得ると考えられた。また、今回の状況のように極めて換気不良な状況では、扇風機で空気を攪拌することによるエアロゾル感染予防効果は乏しいと考えられた。なお、チームBは観客に対し、ホームページ上で健康観察と検査を勧奨していたが、観客の受検状況は把握できていないため、実際の事例規模はさらに大きかった可能性があった。

アイスリンクにおける観客の感染予防は、リンク内で低層部から十分量の空気を排出する仕組みの確立、会場内の換気の均一化（遮蔽物高さの均一化）、十分な換気下での扇風機やサーキュレーターの使用による換気改善が重要である。一方、アイスリンクの換気改善には限界があるため、観客席でマスクを外す時間を最小限にする、観客の不織布マスクの適切な着用推進、観客のワクチン接種推進、チーム責任者による軽微な症状を含めた選手関係者の健康状態の把握と記録、感度の高い方法での競技大会直前のSARS-CoV-2検査、が重要である。また、選手からチーム・大会関係者への感染予防は、ベンチにいる関係者（コーチ、監督等）および試合中に激しい運動をしないリンク周囲にいる関係者（ボックス内関係者、カメラマン、整氷担当者等）のN95マスク着用（事前の適切な訓練が必要）、審判を含む関係者の不織布マスク着用の徹底、電子ホイッスルの導入、オフィシャルボックス内への十分な効果が期待できる空気清浄機（HEPAフィルタによるろ過式空気清浄機等）の設置、ワクチン接種推進、大会運営側による選手関係者の健康状態の把握と記録、が重要である。なお、アイスリンクは施設ごとに換気状態が異なり、これらの対策の実施とその検証を施設ごとに行っていくことが求められる。

謝辞：釧路市、釧路市スポーツ振興財団、日本アイスホッケー連盟、釧路アイスホッケー連盟、アジアリーグアイスホッケー・ジャパンオフィスおよび両チーム関係者の皆様に深謝いたします。

参考文献

- 1) 儀同咲千江ら, IASR 42: 227-228, 2021
- 2) 改訂版「身体活動のメッツ (METs) 表」2012年4月11日改訂

北海道釧路保健所

高垣正計 平井秀則 壁谷浩生

後藤真紀

北海道保健福祉部

石井安彦 立花八寿子

北海道立衛生研究所

大久保和洋 大野祐太 藤谷好弘

北海道大学大学院工学研究院

菊田弘輝 林 基哉

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

大森 俊

薬剤耐性研究センター

黒須一見 山岸拓也

実地疫学研究センター

砂川富正

< COVID-19 情報 >

2021年5～6月にかけて関東地方で発生した新型コロナウイルスB.1.617.2 (デルタ株) 症例に関する実地疫学調査で得られた2つの製造業事業所の対策に関する考察

新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) のB.1.617.2系統変異株 (デルタ株) は、2021年3月下旬に検疫で初めて検出され、4月以降国内で急速に拡大した。この頃、関東地方の自治体Aでは、非正規の労働者を多く含む従業員数1,000名を超す製造業事業所2カ所でデルタ株の集団感染事例が確認された。これら2事例では工場内外でのデルタ株の広がり方が異なっていたため、工場内で行われていた対策とともに報告する。

本事例における症例の定義を、2021年5月8日～6月27日にかけて2事業所に勤務し、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 感染が確認され自治体A保健所に報告された人、とした。デルタ株陽性例は全ゲノム解析によるデルタ株感染確定例、またはL452R変異株PCRスクリーニング検査陽性例とした。情報源として、保健所が実施した積極的疫学調査結果、工場の勤務・健康管理の記録、自治体Aの衛生研究所が実施した解析結果を用いた。

調査期間に自治体Aに報告されたCOVID-19感染者は893例あり、うち95例が症例定義に合致した。事業所Bから85例 (B1工場31例, B2工場54例)、事業所Cから10例であった。定義に合致した症例全体の年齢中央値は44歳 (四分位範囲: 31.5-53)、女性が78例 (82%)、有症状者が79例 (83%) であった。また、外国籍が74例 (78%) 含まれ、うち49例 (52%) は非正規職員であった。デルタ株はスクリーニングPCR検査で15例が判明し、加えて全ゲノム解析で4例が確定した。確定例4例から検出されたウイルスゲノムは同一または1塩基違いであった。

事業所Bは5月22日発症者を初発として工場B1で感染が広がり、その後工場B2にも拡大し、約1カ月にわたり両工場で新規症例が確認された (次ページ図)。非正規社員を中心として従業員の勤務状況が迅速に確認できず、探知後の検査は包括的に行われてい

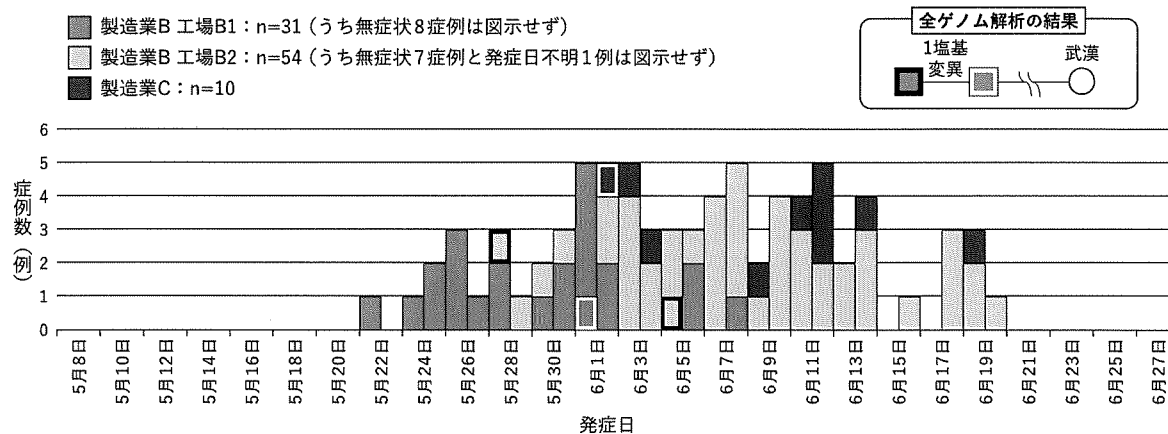


図. 自治体Aの2製造業従業員におけるCOVID-19感染者発生状況、2021年5月8日～6月27日、n=95

なかった。濃厚接触者の迅速な同定が困難であったため、部分的な操業が1週間以上行われていた。各工場では、症例はお互いの感染可能期間に勤務が重なっていた。休憩室の利用時を含み、手洗い、社会的距離の確保、黙食、換気等の感染対策が不十分な状況が散見された。日々の健康観察として、作業場に入る前に発熱と黄色ブドウ球菌食中毒などの食中毒を意識した項目は確認されていたが、呼吸器症状に関しては確認されていなかった。社内に多言語でCOVID-19対策のポスターが掲示されていたが、外国籍労働者の理解状況については確認されていなかった。ワクチンは正社員に対してのみ実施が予定されていた。B1とB2の両工場から確認された症例間に明らかな疫学的リンクを認めなかったが、両工場と駅を往復する送迎バスでは、両工場従業員が同乗していた。寮生活者を含め多くの従業員のプライベートの活動は不明であり、一部は他事業所での仕事の掛け持ちに関する情報が寄せられた。

事業所Cでの健康観察は発熱や食中毒を意識した項目のみであったが、就業前後に多言語による確認と記録が行われていた。休憩室では密を避ける工夫と黙食が徹底されており、休憩室やロッカーの使用状況を個人単位で記録していた。また、従業員勤務記録は非常勤を含め迅速に確認できた。なお、職場内におけるワクチン接種状況は不明であった。

非正規労働者が多く勤務する製造業2事業所で同時期にデルタ株による集団感染が確認され、事業所Bでは約3週間にわたり症例が確認され計85例となった。両事業所の症例間に明らかな疫学的リンクは認められなかったが、遺伝子解析では同一もしくは近いゲノムを有する株が検出された。両事業所にウイルスが持ち込まれた経緯は不明であり、周辺の流行状況から複数の持ち込みがあった可能性も否定できなかったが、事業所B内の不十分な感染対策状況から事業所内で感染が広がったとしても矛盾しない結果であった。また、事業所Bから検出されたウイルス株と同一の株はその

後国内で広く検出が認められた¹⁾。

一方、事業所Cでは少数の症例発生に留まっており、事業所間の対策の違いが影響した可能性がある。事業所Cでは、休憩場所と時間が記録されており、黙食も厳密に守られていた。両事業所とも非正規従業員が一定数いたが、事業所Cでは非正規を含めた従業員の勤務記録が迅速に利用可能であり、検査が円滑に実施され、症例の早期探知と対応が実施されていた。これらの対策が事業所Cでの感染拡大を最小限に抑えていた可能性があり、ワクチン接種とともに、事業所において進めていくべき対策と考えられた。

本調査の制限として、自治体A以外に居住する両事業所従業員の感染者の状況が十分把握できていなかったこと、事業所Bでは健康観察や適時の検査が不十分であり、診断に至らなかった感染者がいた可能性があったこと、が挙げられる。

2022年に入り、国内ではオミクロン株が主流となっているが、事業所における感染対策の徹底は、事業所の安全な運営および地域における感染拡大防止に引き続き重要である。

参考文献

- 1) 国立感染症研究所, 感染・伝播性の増加や抗原性の変化が懸念される新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の新規変異株について (第12報)
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/diseases/ka/coronavirus/2019-ncov/2484-idsc/10554-covid19-52.html> (2022年2月3日閲覧)

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

実地疫学研究センター

薬剤耐性研究センター

<COVID-19情報>

群馬県において検出されたSARS-CoV-2デルタ株関連症例からみえた課題 (2021年5月13日～10月12日)

新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) は、2022年3月7日時点で、全世界において4.4億人以上に感染し、590万人以上を死に至らしめている¹⁾。2019年12月に中国の武漢でみつかったSARS-CoV-2はその後、様々な変異株が世界各地で確認されパンデミックを長引かせている。2020年末にインドで出現したとされるB.1.617.2系統の変異株であるデルタ株は、2021年4月に日本でも検出され、8月を中心に大きな流行を引き起こした²⁾。群馬県においてもデルタ株は、2021年5月13日採取の検体で最初に確認され、8月を中心に大きな流行を起こした。群馬県衛生環境研究所では、国立感染症研究所病原体ゲノム解析研究センターと共同で、SARS-CoV-2のゲノム解析を行い、ハプロタイプ・ネットワーク図を作成し、疫学情報とあわせて解析を行っている。その結果から、群馬県におけるデルタ株の感染状況に関する知見を得たので報告する。

方 法

2021年5月13日 (第19週)～10月12日 (第41週) までに、群馬県衛生環境研究所で感染研法に従いSARS-CoV-2と確定した検体の中からCt値 (30未満) などを基準として選定した601株のウイルスゲノム全長をmultiplex PCR法で増幅して、次世代シーケンサーを用いて全ゲノム配列を確定した³⁾。その後、デ

ルタ株と確定した443株を使用し、ゲノム情報から得られた塩基変異を基にウイルス株間の関係を示すハプロタイプ・ネットワーク図を作成し、疫学情報とあわせて解析を行った。感染経路は、保健所が実施している疫学情報を基に、1.同居家族、2.知人・友人、3.職場・学校・施設等、および4.不明、の4つに分類し、各系譜における感染の特徴について調べた。

結果および考察

群馬県ではゲノム情報から得られたハプロタイプ・ネットワーク図によって、群馬県におけるデルタ株の流入起点 (ハプロタイプ・ネットワーク図上で起点と考えられる検体) が5つあったと考えられる (図1)。系譜①、②および③は、Pangolin分類ではデルタ株の初期系統B.1.617.2であり、系譜④および⑤は国内の特有系統AY.29であった (図1)。系譜①および②の発生時期は比較的早期に探知された検体であったが、その後、他の系譜に比べ早期に検出されなくなり、感染拡大には繋がらなかったと考えられた (次ページ図2)。系譜③は、8月を中心に感染が持続した系統であったが、同時期に流行した系譜④および⑤のほうが流行規模が大きく、県内における感染の主体は系譜④および⑤であったことが示唆された (図1、次ページ図2)。

それぞれの系譜ごとの感染状況を疫学情報を基に調べると、系譜①の流入起点となっているのは、5月13日 (第19週) に採取された群馬県で初めて確認されたデルタ株の症例であり、海外 (ネパール) からの帰国者である。その後、外国人の間で感染の連鎖が推定さ

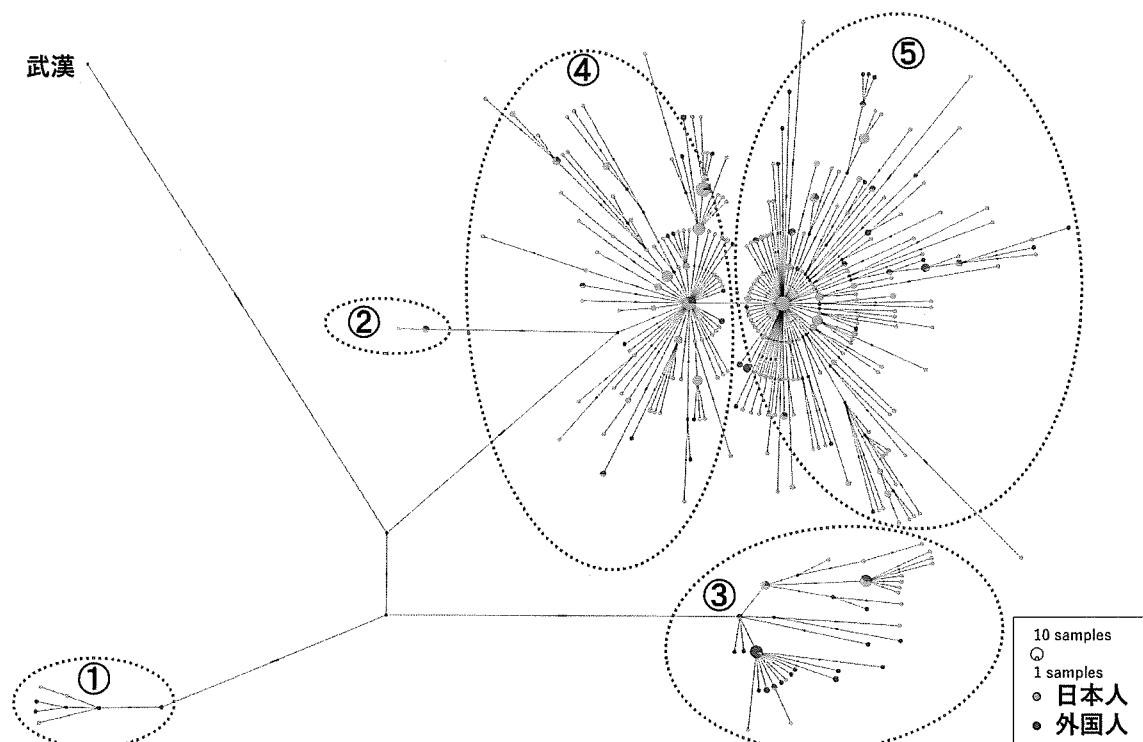


図1. 群馬県におけるSARS-CoV-2デルタ株関連症例におけるハプロタイプゲノムネットワーク

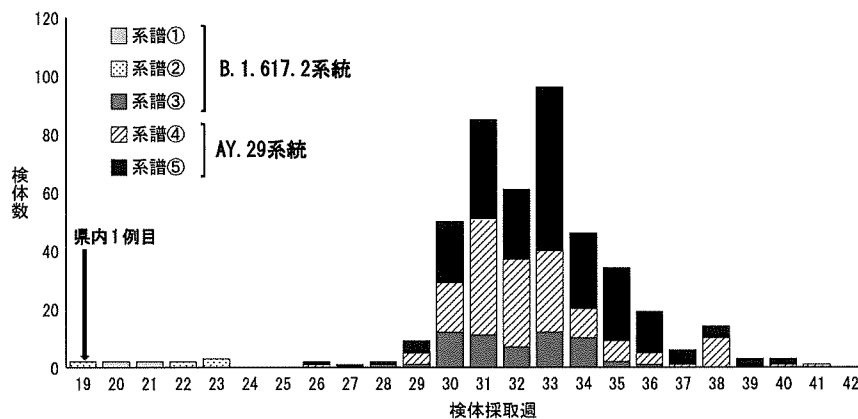


図2. 群馬県におけるSARS-CoV-2デルタ株関連症例における検出状況

表. 陽性者における感染源となった陽性者との関係および感染源となった陽性者の推定感染源

感染源となった陽性者との関係		感染源となった陽性者の推定感染源			
		同居家族	知人・友人	職場・学校・施設等	不明
系譜③	同居家族	—	—	—	—
	知人・友人	7	2	1	—
	職場・学校・施設等	14	—	—	—
	不明	19	5	6	3
感染源となった陽性者との関係		感染源となった陽性者の推定感染源			
		同居家族	知人・友人	職場・学校・施設等	不明
系譜④	同居家族	—	—	1	—
	知人・友人	9	9	—	—
	職場・学校・施設等	18	3	11	—
	不明	43	33	14	13
感染源となった陽性者との関係		感染源となった陽性者の推定感染源			
		同居家族	知人・友人	職場・学校・施設等	不明
系譜⑤	同居家族	—	1	—	—
	知人・友人	18	12	—	—
	職場・学校・施設等	47	8	4	—
	不明	63	31	22	15

れるケースもあったが、比較的感染者数が少なかったこともあり、6月11日（第23週）に採取された検体を最後に収束した。系譜②は、5月21～28日（第20～21週）にかけて採取された福祉施設のクラスターに関連しているが、その後の発生は途絶えており、感染の連鎖はみられなかった。系譜①と②においては、感染の規模が比較的小規模であったことから、保健所等による早期探知とその後の対応が施設での感染拡大防止に寄与した可能性が高いと考えられた。

系譜③において、流入起点となっているのは7月19日（第29週）と26日（第30週）に採取された検体である。この2症例はいずれも海外渡航歴のない外国人に関連していた。系譜③全体では、外国人の症例が52.6%（30/57）を占めており、他の系譜よりも外国人に関連した割合が高く、外国人の知人・友人を介する連鎖がみられていることから、外国人への対策が必要であったと考えられる。また、系譜③全体では推定感染源が不明であることが多いが、職場で感染した同居家族からの感染が比較的多いことから、職場における

感染対策が重要であったと考えられる（表）。

系譜④は、7月2日（第26週）～10月11日（第41週）に採取された検体であり、流入起点となっている10症例の感染源となった陽性者との関連は、県外の陽性者との接触が4例、職場が2例、不明が4例であった。感染源となった陽性者との関連は、全体として不明が多いが、職場を経由して同居家族が感染している症例が多かった（表）。系譜④では症例数が154例と多く疫学調査が十分に行えなかったこともあり、感染源となった陽性者の推定感染源が不明の割合（66.9%、103/154）が高かった。このようにいったん感染規模が大きくなってしまうと保健所等の対応だけでは感染対策を講ずることが困難になる。結果として感染の連鎖を防ぐことが困難となり、十分な対応策をたてることができなくなってしまうと考えられる。

系譜⑤は、7月1日（第26週）～10月8日（第40週）に採取された検体である。その流入起点となっている13症例における感染源となった陽性者との関連は、県外の陽性者との接触によるものが7例、職場によるもの

のが2例、知人・友人が1例、不明が3例であった。流入起点となっている検体における疫学的な関連や系譜④との関連を示唆する症例は見当たらなかったため、県外からの感染ルートも対象とした広域な調査も必要と考えられる。全体として感染源となった陽性者の推定感染源は不明が多いが、職場を経由して同居家族が感染している症例も多かった（前ページ表）。系譜⑤においても症例数が221例と多かったことから、疫学調査も十分に行えない症例も増加し、感染源となった陽性者における推定感染源が不明となってしまう割合が59.3%（131/221）と高かった。系譜④と同様に、感染の規模が非常に大きくなったことによって、十分な対応ができなかったことが示唆された。系譜④と⑤が同時期に発展していることから（前ページ図2）、大規模かつ複数の流入起点（23ページ図1）が発生した場合は、疫学調査による接触者情報のみでは感染源の特定に混乱が生じたものと推察された。

以上のように、群馬県におけるデルタ株の感染状況は、感染者数が少なく保健所機能が維持できている段階では、早期探知により大きな連鎖を起こさずに感染対策を講じることが可能であったが、一度に多くの感染者が出てしまう状況になると、陽性者の感染経路を追跡し、感染リンクを追跡することが難しくなってしまうことが明らかとなった。また、ゲノム解析は、新たな系譜の流入を監視するための有力な方法であり、疫学情報を補完する役目を果たしている。つまり、ゲノム情報と陽性者の疫学情報とを総合的に解析することで、感染の流入と拡散や感染リンクの繋がりをより詳細に把握することが可能となる。感染対策において、陽性者における疫学情報を集積することは重要であり、効果的な感染対策につながると考えられるが、感染の規模が大きくなりすぎた場合、保健所機能が十分に発揮できなかった。感染の拡大を防ぐためには、迅速な対応により陽性者数を抑えていくことが重要である。今後は保健所機能を維持し効果的な調査を行い、ゲノム情報を有効に活用することで状況に応じた対策を効果的に行っていくことが求められている。

謝辞：検体採取等調査にご協力いただきました医療機関、保健所等の関係者に深謝致します。

参考文献

- 1) <https://covid19.who.int/>
- 2) 国立感染症研究所, SARS-CoV-2の変異株B.1.617系統の検出について, 2021年4月26日
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2551-lab-2/10326-covid19-43.html>
- 3) Itokawa K, *et al.*, PLoS ONE 15 (9): e0239403, 2020
群馬県衛生環境研究所
塚越博之 篠田大輔
齋藤麻理子 高橋裕子

島田 諒 小川麻由美
井上伸子 塩野雅孝
猿木信裕
国立感染症研究所
病原体ゲノム解析研究センター
黒田 誠 関塚剛史

<COVID-19情報>

寝屋川市保健所管内における高齢者通所施設における新型コロナウイルスオミクロン株感染事例

背景

2019年12月に中国湖北省武漢市で不明肺炎として初めて報告された新型コロナウイルス感染症（COVID-19）は、2020年3月11日には世界的大流行（パンデミック）が世界保健機関（WHO）によって宣言された新興感染症である。数次の変異ウイルスの流行を経て、2021年11月26日、WHOは南アフリカ共和国から報告された新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の変異ウイルスであるB.1.1.529系統（オミクロン株）を、懸念される変異株（Variant of Concern: VOC）と分類した¹⁾。2021年12月中旬以降、日本国内においてオミクロン株によるCOVID-19の市中感染の報告が散見されるようになり、2022年に入り大きな流行となった。2021年12月に大阪府寝屋川市内の社会福祉施設（高齢者向けリハビリデイケア）において、本邦初と考えられるSARS-CoV-2オミクロン株症例の集団発生（クラスター）が認められた。施設において認められたオミクロン株症例の臨床像および推定感染経路についての分析結果を報告する。

端緒

寝屋川市外在住の50代女性職員が2021年12月20日夕方から発熱、咽頭痛を呈したため医療機関を受診したところ、12月21日にPCRにてSARS-CoV-2陽性であることが確認された。同施設での感染拡大および高齢者施設での発生にともなう重症者の発生が懸念されたことから、寝屋川市保健所が当該施設関係者に対する疫学調査、施設調査を開始した。その結果、当該職員が12月20日出勤後、複数の利用者に対し、体操指導などのレクリエーションに従事していたことが判明した。なお、この職員の陽性が判明する前の2週間は、当該施設の職員、利用者にSARS-CoV-2陽性者を認めておらず、大阪府全体でも2021年12月7～20日までの新規陽性者数は日平均11.7人と低い発生状況で推移していた²⁾。このことより、それより以前の施設へのウイルスの流入については否定的と考えられた。

発生状況

症例定義は、当該施設の職員または利用者で、2021年12月6日～2022年1月4日までの間にSARS-CoV-2陽性が判明した者（以下、陽性者）とした。

職員9名（初発例を除く全員）、12月20日の利用者

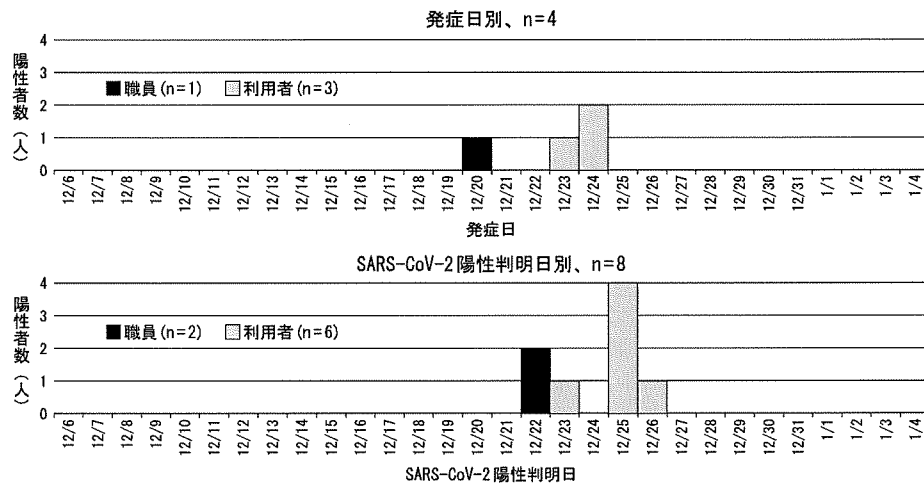


図1. 寝屋川市内社会福祉施設 (高齢者向けリハビリデイケア) におけるCOVID-19発生状況 (2021年12月6日～2022年1月4日)

表. 寝屋川市内社会福祉施設 (高齢者向けリハビリデイケア) におけるCOVID-19症例の基本属性

		職員		利用者		全体	
		n=2	%	n=6	%	n=8	%
性別	男性	0	0	3	50	3	38
	女性	2	100	3	50	5	63
年齢(歳)	中央値	50		81		78	
年代	40代	1	50	0	0	1	13
	50代	1	50	0	0	1	13
	60代	0	0	1	17	1	13
	70代	0	0	2	33	2	25
	80代以上	0	0	3	50	3	38
診断時症状	有症状	1	50	3	50	4	50
	無症状	1	50	3	50	4	50
転帰	死亡	0	0	0	0	0	0
ワクチン接種歴	2回	1	50	5	83	6	75
	1回	0	0	0	0	0	0
	未接種	1	50	0	0	1	13
	不明	0	0	1	17	1	13

24名、12月20日以外に利用した者16名に対して検査を行い、この時点で、先に陽性が判明した職員および新たに判明した職員の計2名(22%, 2/9)、利用者6名(15%, 6/40)の陽性が判明した(計8名)(図1)。うち、最も早い発症日は12月20日であり、初発例とみなされた。次いで23日に1例、24日に2例が発症していた。その後のゲノム解析により全陽性者がオミクロン株に感染していたことが判明した。陽性者のうち4名(50%)は診断時に有症状であり、このうち咳や鼻汁などの呼吸器症状が4名(100%)、発熱(37.5℃以上)が3名(75%)であった(表)。

いずれの陽性者も12月20日に出勤または利用しており、有症状者は12月20日から4日間の間に発症を認めた(次ページ図2)。12月20日の送迎では、12月20日に発症(同日陽性判明)した職員が運転する送迎車に延

べ6名が乗車し、うち1名が12月23日に陽性が判明した。また、12月22日に陽性が判明した職員(無症状病原体保有者)が感染可能期間に運転する送迎車に延べ8名が乗車し、うち2名が12月24日に発症(12月25日陽性判明)した。施設では午前、午後に利用者が入れ替わることとなっており、いずれに対しても食事の提供はなかった。12月20日は陽性職員2名が2チームに分かれ、利用者に対して体操の指導やリハビリの介助を行っていた。施設内では同じ室内で活動が行われていたが、体操や個別リハビリ中、職員、利用者はいずれもマスクを着用しており、互いの距離を1.5m以上空けていた。当該施設はマンションの一角に所在しており、他の建物が隣接していたため、常時2方向の窓開け換気がしにくい構造であった。また、玄関先は交通量の多い車道であり、認知機能が低下している利用者が含まれることを考慮

No.	年代	性別	12/6	12/7	12/8	12/9	12/10	12/11	12/12	12/13	12/14	12/15	12/16	12/17	12/18	12/19	12/20	12/21	12/22	12/23	12/24	12/25	12/26
1	50代	女	勤務	休	勤務 (陽)	勤務	勤務	休	休	勤務	休	勤務	勤務	休	休	休	勤務 帰宅後 発症	休	陽性判明				
2	40代	女									勤務	勤務	勤務	勤務	午前勤務	休	勤務	検体採取 (無症状)	休	陽性判明			
3	70代	男				利用有		利用有		午後利用			午後利用				午後利用			発症 陽性判明			
4	80代	女								休			午前利用				午前利用				検体採取 (無症状)	陽性判明	
5	80代	男								午後利用					午前利用		午後利用				検体採取 (無症状)	陽性判明	
6	60代	男	利用有		利用有						午後利用	午後利用					1日利用				発症 検体採取	陽性判明	
7	80代	女								午後利用		午後利用					午後利用				発症	検体採取 陽性判明	
8	70代	女									午後利用	午後利用					午後利用					検体採取 (無症状)	陽性判明

感染可能期間

発症日または検体採取日

図2. 寝屋川市内社会福祉施設（高齢者向けリハビリデイケア）における陽性者行動歴

し、玄関の開放による換気は困難であった。利用者がいない状況での環境測定（保健所による実施）によると、CO₂濃度は測定開始後すぐに500ppmを上回り、1,000ppmを超えることもあった。休憩時、陽性職員を含む職員同士の直接の接触はなかった。後に陽性が判明した職員の中には利用者の送迎も担当していた者がいたが、乗車前に職員が検温し、利用者に手指消毒をさせ、走行時は窓を5cm程度開ける対応を行っていた。送迎時間は最長で20分程度であった。クラスター発生が判明後に、施設は2021年12月22日～2022年1月4日まで休業とした。

利用者で陽性となった6名は全員がワクチン2回接種済みであった。陽性職員が感染可能期間に出動していた12月20日または21日の利用歴がある者の陽性割合は2回接種済み者で23% (7/30)、未接種者で50% (1/2) であった。

考 察

初発例となった職員により施設内にウイルスが持ち込まれ、感染可能期間に勤務したことにより、同僚や利用者に感染が拡大したと推測された。換気が不十分な室内での活動、体操や介助における利用者・職員間の身体的な接触、送迎車内での接触による飛沫感染や接触感染を主たる経路として感染が拡大したと推定された。それまでの変異ウイルスを含む従前のSARS-CoV-2対策と同様に、マスクの適切な着用、手指衛生、換気の徹底、フィジカルディスタンス、といった基本的な感染対策を実施することが必要であると考えられた。本事例において観察された有症状者の潜伏期間は4日以内であった。また、利用者は全員が高齢者で要介護者であるが、発症後約1カ月頃まで、COVID-19に起因する重症および死亡はみられておらず、オミクロン株の特徴ならびにワクチン2回接種による重症化阻止の有効性を示唆する所見であることを含め、それ以前のCOVID-19と異なる所見であると考えられた。

参考文献

- 1) WHO, Classification of Omicron (B.1.1.529): SARS-

CoV-2 Variant of Concern

[https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-\(b.1.1.529\)-sars-cov-2-variant-of-concern](https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern)

- 2) 大阪府、新型コロナウイルス感染症患者の発生状況（令和3年12月）

https://www.pref.osaka.lg.jp/iryo/osakakansensho/happyo_kako-r0312.html

寝屋川市保健所

田邊雅章 蔵守利彦 谷本 敬

長船章浩 立賀英子 川口 誠

中村美左 西川有季子 横尾美世

佐伯美冴 石田若菜 藤田彩花

山本温子 上松美輝 放示 彩

地方独立行政法人

大阪健康安全基盤研究所

柿本健作

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

小林美保

実地疫学研究センター

小林祐介 八幡裕一郎 砂川富正

訂正のお詫びとお願い

IASR Vol. 43 No.5掲載記事中に誤りがありました。以下のように訂正くださいますよう、お願い申し上げます。

* p.15左段上から13行目

誤：埼玉県で発生した耐熱性毒素遺伝子 (*astA*) 保有腸管凝集付着性大腸菌による大規模食中毒事例について

↓

正：埼玉県で発生した腸管凝集付着性大腸菌耐熱性毒素遺伝子 (*astA*) 保有大腸菌による大規模食中毒事例について

以下に訂正原稿を掲載しておりますのでご参照ください。
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/ecoli-m/ecoli-iasrd/11150-507d01.html>

<資料>

表. NESID 病原体検出情報に報告された新型コロナウイルス感染症または新型コロナウイルス感染症疑い症例から検出された病原体 (2020年1月～2022年6月*)

(NESID病原体検出情報: 2022年6月10日現在報告数)

検出病原体	2020年												2021年												2022年						合計	
	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	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月	1月	2月	3月	4月	5月	6月		
	地方衛生研究所・保健所からの報告																															
SARS-CoV-2 (2019-CoV*)	2	215	768	3,725	498	126	1,375	2,138	975	1,202	2,388	3,695	5,399	1,949	1,600	3,034	3,824	1,364	2,514	6,187	1,783	117	21	156	3,600	2,469	1,595	1,454	664	5	54,842	
Human coronavirus 229E	0	4	23	8	3	3	3	15	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	62	
Human coronavirus HKU1	0	2	9	4	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	
Human coronavirus NL63	0	2	2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	
Human coronavirus OC43	0	9	46	9	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	66	
Coxsackievirus A16	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
Coxsackievirus B3	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
Coxsackievirus B5	0	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	
Echovirus 11	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
Echovirus 18	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	
Enterovirus 68	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
Rhinovirus	0	13	16	10	3	1	13	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	61	
Influenza virus A H1pdm09	0	4	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	
Influenza virus A H3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	2	
Influenza virus B	2	0	3	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	
Influenza virus C	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	
Parainfluenza virus 1	0	1	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	
Parainfluenza virus 4	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	
Respiratory syncytial virus (RSV)	0	7	11	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	
Human metapneumovirus	0	19	33	16	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	69	
Adenovirus NT	0	3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	
Adenovirus 1	0	1	1	4	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	
Adenovirus 2	0	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	
Adenovirus 3	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	
Adenovirus 4	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	
Herpes simplex virus 1	0	1	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	
Human bocavirus	0	2	0	4	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	
Mycoplasma pneumoniae	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	
陰性	37	1,976	9,340	23,976	11,790	4,976	9,027	14,082	6,822	7,162	13,768	14,997	12,623	6,414	5,991	10,925	10,684	7,200	8,710	7,622	3,239	1,001	509	1,958	6,017	1,992	925	252	175	0	204,190	
合計	42	2,264	10,261	27,771	12,302	5,108	10,420	16,242	7,802	8,364	16,156	18,692	18,022	8,363	7,592	13,959	14,508	8,564	11,224	13,809	5,022	1,118	530	2,116	9,617	4,461	2,520	1,706	839	5	259,399	
検疫所からの報告																																
SARS-CoV-2 (2019-CoV*)	0	0	9	3	1	10	32	27	30	25	57	61	42	14	35	51	17	31	35	44	25	38	34	93	481	262	347	334	259	12	2,399	

*検体採取日で集計している (検体採取日不明を含む)

**NESID病原体検出情報の病原体マスタには2019-mCoVとして登録されている