

病原微生物検出情報

月報

Infectious Agents Surveillance Report (IASR)

<https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/index.html>

A型肝炎の臨床像3, 国内のA型肝炎ウイルスの分子疫学検査について4, 2019~2025年までの国内のA型肝炎の発生動向と分子疫学調査5, 世界におけるMSM間でのA型肝炎のアウトブレイク7, チェコ共和国における2025年のA型肝炎の流行8, 2021年輸入データ関連のA型肝炎の集団発生: 英国, オーストラリア10, 高齢者施設における夏季のRSウイルス集団感染事例: 神奈川11, 2023年カルバペナム耐性腸内細菌目細菌(CRE)病原体サーベイランス12, 障害者入所施設で発生したパラインフルエンザウイルス3型の集団感染事例14, 社員寮で発生したサルモネラ属菌O4群食物中毒事例について16, メタゲノム解析を端緒に判明した英膜を欠く肺炎球菌による結膜炎患者の集積事例: 富山県17

Vol.47 No. 3 (No.553)

2026年3月発行

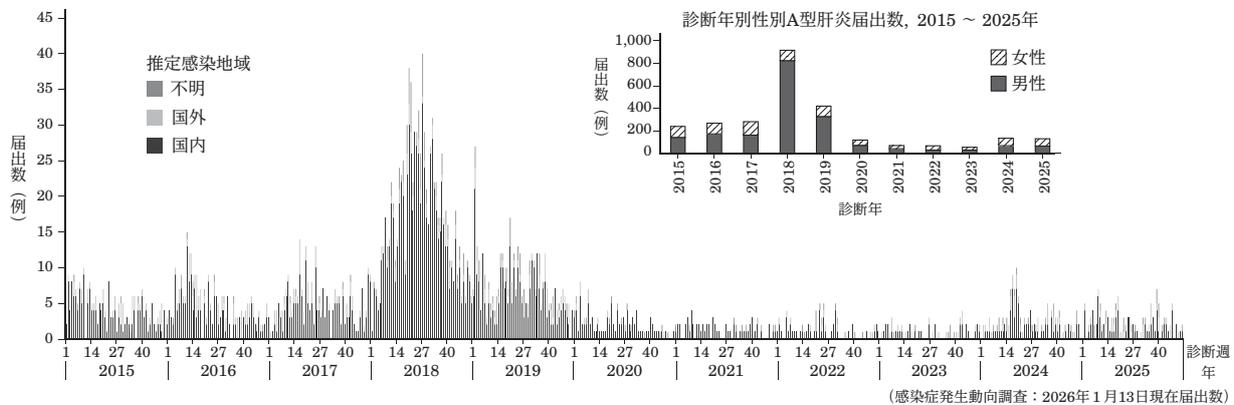
国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
厚生労働省健康・生活衛生局
感染症対策部感染症対策課
事務局 国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
感染症サーベイランス研究部
〒162-8640 新宿区戸山1-23-1
Tel 03(5285)1111 Fax 03(5285)1177

(禁、無断転載)

本誌に掲載されている特集の図、表は、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および病原体検出に関するデータ、ならびに2)感染症に関する上記1)以外のデータ、に基づいて解析、作成された。データは次の諸機関の協力により提供されている: 地方衛生研究所、保健所、地方感染症情報センター、厚生労働省検疫所、健康・生活衛生局。なお掲載されている原稿は、本誌から執筆を依頼したものである。

<特集> A型肝炎 2019~2025年

図1. 診断週別推定感染地域別A型肝炎届出数, 2015年第1週~2025年第52週



2003年11月の感染症法改正で4類感染症に分類され、無症状病原体保有者を含む全症例の届出が義務づけられているA型肝炎は、ピコルナウイルス科 (*Picornaviridae*) ヘパトウイルス属 (*Hepatovirus*) のA型肝炎ウイルス (*Hepatovirus A1*, 通称名はhepatitis A virus: HAV) の感染による急性感染症である。HAVの血清型は1種類であり、遺伝子型により6つの型 (I-VI型) に分類される。ヒトで流行するのは遺伝子型I-III型で、それぞれがAとBのサブグループに分けられる。HAVは汚染された飲食物の摂取や感染者との直接的接触により経口的に伝播する。衛生状態や飲用水管理が不十分な地域で流行がみられる一方、衛生環境が整備された先進国では、男性間性交渉者 (men who have sex with men: MSM) や薬物静注者 (persons who inject drugs: PWID), ホームレス等の集団においてアウトブレイクが発生している (本号7 & 8ページ)。

A型肝炎の潜伏期間は2~6週間 (平均4週間) であり、発熱、全身倦怠感、食欲不振、頭痛、筋肉痛、腹痛などの症状に続き、黄疸、肝腫大などの肝症状が出現する (本号3ページ)。加齢にともない重症化リスクは増大する。特異的な抗ウイルス治療法は存在せず、十分な安静と栄養管理、水分補給などの対症療法が行われる。一般に予後良好で (致命率<0.5%), 2~3カ月で自然治癒し、慢性化することはない。成人では約70~90%が顕性感染を示す一

方、5歳以下の小児では約90%が不顕性感染とされている。一度感染すると終生免疫が獲得される。診断は主に急性期における血中の抗HAV IgM抗体の検出により行われる。

感染症発生動向調査

感染症法施行後、年間を通じた情報収集が可能となった2000~2017年まで、A型肝炎の届出数は年平均266例 (範囲115~502例) で推移していた。2018年には、台湾で2016年に、また欧州で2017年に流行したRIVM-HAV16-090株が国内のMSMを中心に流行し、届出数は926例に達した (IASR 40: 147~148, 2019)。2018年後半以降、届出数は減少したものの、2019年も同株による症例報告が継続した。2021~2023年にかけては、これまでにない低水準まで届出数が減少した (図1)。これは国内流行の終息に加え、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) 流行による海外渡航の減少や生活行動の変化が影響した可能性が考えられる。しかしながら、直近の2024年 (137例)、2025年 (132例) の届出数は増加している。

推定感染地: 2019~2025年に届出された1,010例のうち、推定感染地が国内であった症例は約69%を占めた (次ページ表1)。国外感染例は2020~2023年にかけて減少したが、2024年以降は増加に転じ、全体の約3割を占めた。2019~2025年の国外感染例の累積158例 (約16%) のうち、主な渡航先はパキスタン28, インド21, インドネシア13, 韓国10, タイ8, ミャンマー8, (2ページにつづく)

(特集つづき)

エジプト 8 などであった。

推定感染経路：2019 年は、同性間性的接触による感染とされた例は 16% であった。MSM 間で感染が増加した 2018 年の流行が継続したためと考えられる。2020～2025 年に届出された 585 例のうち、325 例 (56%) の推定感染経路は経口感染であった。同性間性的接触による感染とされた例は 19 例 (3%) であった。一方で、228 例 (39%) は感染経路不明と報告されており、感染経路の特定が容易でないという疫学調査上の課題が示された。

性別年齢分布：2019 年に届出された患者は男性が 78% であったが、2020～2025 年の届出では、男性は 54% であった (前ページ図 1)。2015～2025 年までの患者の年齢分布割合 (図 2) をみると、MSM を中心とした流行の影響を受けた 2018～2019 年は、20～39 歳群の割合が大きかった。また COVID-19 流行以前に比べ、近年は 60 歳以上 (高齢層) の割合が増加している。これは、HAV 抗体を有さない感受性者の高齢化を反映しているものと考えられる。従来、抗体保有率が高いと考えられてきた高齢層では患者数は少ないとされていたが、感受性者の高齢化にともない高齢患者の割合が増加しており、今後は重症化リスクの観点からも注意が必要である。

遺伝子型を中心とした流行状況

厚生労働省は平成 22 (2010) 年 4 月 26 日付および平成 31 (2019) 年 2 月 6 日付通知に基づき、分子疫学的解析を目的とした患者検体の確保および積極的疫学調査の協力について、各自治体に依頼している。2018 年 12 月には A 型肝炎ウイルス検出マニュアルが改定され、検査の標準化が図られた (本号 4 ページ)。国立感染症研究所および地方衛生研究所・保健所による塩基配列解析の結果、2019 年には、2018 年に流行した R1VM-HAV16-090 株 (遺伝子型 IA) が半数以上を占めていた。一方、2018 年末～2019 年には東北地方を中心に別系統の IA 株による流行も認められた (IASR 40: 155-156, 2019)。2020 年以降、大規模流行は確認されなかったものの、単一株による患者クラスターが散発的に認められた (本号 5 ページ)。これらのクラスターでは、原因となる HAV 株に汚染された食品の広範な流通が疑われたが、原因食材の特定には至っていない。

2023～2025 年にかけては、遺伝子型 IIIA がそれぞれ 8 件ずつ報告され、過去に比較して IIIA の占める割合が増加した (表 2)。これらは主にパキスタン、アフガニスタンなど西アジアへの渡航歴を有する帰国者から検出されたが、24 例中 11 例では渡航歴が確認されていない。国内感染例における感染源の特定には至っておらず、現時点では国内に土着しているか否かは不明である。

感染対策・予防

HAV 感染対策としては、患者の排泄物や汚染食品の

表 1. 推定感染地域別 A 型肝炎届出数, 2015～2025 年

診断年	推定感染地域			合計
	国内	国外	不明*	
2015	184	54	5	243
2016	192	69	11	272
2017	217	60	8	285
2018	784	59	83	926
2019	313	50	62	425
2020	96	9	15	120
2021	61	0	10	71
2022	45	11	13	69
2023	31	19	6	56
2024	77	37	23	137
2025	78	32	22	132
合計	2,078	400	258	2,736

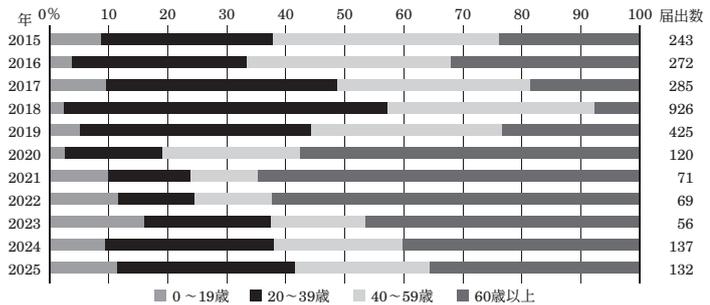
*国内・国外を特定できない症例 (感染症発生動向調査：2026 年 1 月 13 日現在届出数)

表 2. A 型肝炎ウイルス検出状況, 2015～2025 年

検体採取年	A 型肝炎ウイルス遺伝子型				合計
	IA	IB	IIIA	不明	
2015	55	4	4	10	73
2016	56	1	5	7	69
2017	58	1	14	8	81
2018	229	4	9	5	247
2019	121	0	9	12	142
2020	23	0	1	2	26
2021	5	0	0	0	5
2022	3	1	1	1	6
2023	3	0	8	1	12
2024	27	0	8	0	35
2025	19	12	8	0	39
合計 (%)	599 (81)	23 (3)	67 (9)	46 (6)	735 (100)

(病原体検出情報サブシステム：2026 年 1 月 13 日現在報告数)

図 2. A 型肝炎症例の年齢分布, 2015～2025 年



(感染症発生動向調査：2026 年 1 月 13 日現在届出数)

適切な処理、手洗いをはじめとする衛生管理の徹底、十分な加熱調理 (85°C, 1 分以上)、塩素剤による消毒、など感染源および感染経路対策が重要である。

A 型肝炎は、ワクチンにより長期間の発症予防が可能である。国内承認の不活化 A 型肝炎ワクチンには年齢制限はなく、世界保健機関 (WHO) の勧告に基づき 1 歳以上からの接種が推奨されている。高侵淫地域への渡航者、医療従事者、慢性肝疾患患者、MSM や PWID 等の高リスク者、重症化リスクの高い高齢者においては、ワクチン接種が望ましい。

2013～2017 年に採血された国内健常人血清を用いた疫学調査では、全人口の約 80%、60 歳未満の 99% が HAV 感受性であると推定された。日本の A 型肝炎の発生状況を鑑みると、HAV 感受性者の増加と高齢化傾向はさらに進んでいると推察される。このような状況下では、流行が発生した場合に大規模化するリスクが高い。実際、同様の免疫背景を有する先進国において、大規模流行が報告されている (本号 7 & 8 ページ)。また、輸入食品に関連した集団発生も複数報告されており (本号 10 ページ)、A 型肝炎は途上国特有の感染症と捉える認識は改める必要がある。

A 型肝炎は潜伏期間が長く、感染源や感染経路の特定は困難であるが、分子疫学的解析は、その推定を補強する有力な手段となる。ウイルス排泄期間も長いため、感染拡大防止および集団発生への迅速な対応には、患者届出の徹底、二次感染予防指導、聞き取り調査や積極的疫学調査ならびに分子疫学データの集積と継続的なモニタリングが重要である。

<特集関連情報>

A型肝炎の臨床像

A型肝炎は、急性ウイルス性肝炎であり、主に糞口感染によって伝播する。A型肝炎ウイルス (hepatitis A virus: HAV) はエンベロープを持たない一本鎖RNAウイルスであり、経口的に体内へ侵入後、腸管から門脈を介して肝臓に到達し、肝細胞内で増殖する。肝障害はウイルス自体の直接的細胞障害よりも、主として宿主免疫応答によって引き起こされるとされている。衛生環境の改善により、わが国の60歳未満でHAVに免疫を有するのは1.1%と報告され¹⁾、多くが感受性者である。2018年のRIVM-HAV16-090株 (遺伝子型IA) によるアウトブレイクでは、men who have sex with men (MSM) が罹患者の多くを占めた。A型肝炎は、世界的にも性感染症として認識され、診断時には本人の理解のもとでHIVなど他の性感染症検査を考慮する必要がある。また、安全性・有効性の高いA型肝炎ワクチンが存在するため、海外渡航時、感染リスクが高いMSMなどは積極的なワクチン接種が推奨される。

臨床経過と症状、臨床検査値

A型肝炎の潜伏期間は平均約4週 (3~5週) とされ、発症初期には発熱、全身倦怠感、食欲不振、悪心、筋肉痛などの非特異的の症状が出現し、異型リンパ球がみられることもある。その後、黄疸、腹痛、嘔気、嘔吐、下痢が出現し、黄疸発症後、高ビリルビン血症は7~10日でピークに達する。他の急性ウイルス性肝炎の患者と比較し、特に発熱が目立つ特徴がある。黄疸は、胆汁うっ滞が遷延する一部の例を除いて比較的早期に改善するが、倦怠感や食欲不振は数カ月持続することがある。小児では不顕性感染が多く6歳未満は通常無症状で、成人では症候性となる割合が高く、8割はAST・ALTが上昇し、年齢が高いほど重症化しやすい。多くは自然軽快するが、まれに劇症肝炎に進展する例も報告されている²⁻⁴⁾。発症前から便中や血液中にウイルス粒子が確認され、HAV-RNAは肝炎が治癒した後も便中に検出され、発症後数カ月後まで検出され、感染管理上、注意を要する^{5,6)}。

血液検査では、AST・ALTがしばしば1,000 IU/L以上と高度に上昇し、ALT優位の肝細胞障害型パターンを示すことが多い。総ビリルビン値の上昇、ALP・γ-GTPの軽度上昇をとまなうこともある。プロトロンビン時間の延長やアルブミン低下は通常軽度であるが、重症例や劇症化例ではプロトロンビン活性低下 (40%未満) が顕著となる。血清学的診断として、急性期には抗HAV IgM抗体が陽性となり、回復期以降には抗HAV IgG抗体が出現し、長期にわたって持続するとされている。抗HAV IgM抗体は、必ずしも初回採血時に陽転化していないことがあるため、抗HAV IgM抗体陰性であっても臨床的にA型肝炎が疑われる場合、

初回採血から7日以降に再検査することが望まれる²⁾。

重症度に影響を与える要因と合併症

A型肝炎は予後良好な疾患であるが、急性肝不全、胆汁うっ滞型肝炎、再燃性肝炎などを併発することがある。A型肝炎による急性肝不全 (初発症状から8週以内にプロトロンビン活性が40%未満ないしはINR値1.5以上) は1%弱であるが、致死的な疾患であり、専門医療機関への相談が必要である。

重症になる宿主側因子として、40歳以上、CD4/CD8比低値、TLR4遺伝子多型 rs11536889⁷⁾ などが知られている。ウイルス側因子では、高HAVウイルス量やHAV subgenotype IIIA、変異型HAV (5' NTRにおけるヌクレオチド変異) なども報告されている。また、B型・C型肝炎、アルコール性肝障害、脂肪性肝疾患などの慢性肝疾患合併例では、急性肝不全や劇症化のリスクが高い¹⁾。HIV感染や免疫抑制状態も遷延化や重症化に関与する可能性があり、これらの症例では慎重な経過観察が求められる。

発症後6カ月以内に1.5-15%に再燃性肝炎を認めるが、これらは2カ月以内に回復することが多い。4.7%に遷延する胆汁うっ滞を併発すると報告されている。肝外合併症としては、急性腎障害、溶血性貧血、血小板減少、血球貪食症候群、関節炎、皮疹などが報告されている²⁾。

治療と予防

A型肝炎に対する特異的な抗ウイルス療法は確立されておらず、治療の基本は支持療法である。十分な安静と栄養管理、水分補給を行い、肝機能障害が強い場合には入院管理が推奨される。重症例では凝固異常や肝不全の進行に注意し、必要に応じて専門施設での集中管理や肝移植評価が行われる。

A型肝炎はワクチンによって予防可能な感染症であり、不活化ワクチン3回の接種により高い抗体獲得率が得られることが報告されている。

HIV感染者におけるA型肝炎

2018年のアウトブレイク時では、HIV感染者が約半数を占めたと報告された⁸⁾。HIV感染者においても、A型肝炎は基本的に急性経過をとるが、糞便へのウイルス排泄期間の延長⁹⁾ や臨床経過の遷延が報告されている。特にCD4数が低い症例で症状が非典型的となる可能性や、重症化するリスクが指摘されている。また、MSMを中心とした集団内での感染拡大が国際的に報告されており、HIV感染MSMは疫学的にも重要な位置づけとされている。詳細はIASR 40: 149-150, 2019「2018年シーズンのA型肝炎の臨床像について」を参照にされたい。

HIV感染者では健常者と比較して、ワクチン接種による抗体獲得率や抗体持続性が低下することが示されており、ワクチン接種後のブレイクスルー感染も報告されている¹⁰⁾。HAV感染のリスクがある場合は、追加

接種の必要性が示唆されている。我々の施設では、HIV感染MSMのうち、自然感染によると考えられるHAV-IgG抗体獲得は19.6%であり、ワクチン接種による抗体獲得は28.8%であった。アウトブレイク終息のために必要な集団内の抗体陽性率は65%とされ¹¹⁾、感染リスクが高いMSMは、海外渡航者と同様、A型肝炎ワクチンの接種を積極的に勧奨していくことが望ましい。

参考文献

- 1) Kiyohara T, *et al.*, *Microbiol Immunol* 67: 14-21, 2023
- 2) Kanda T, *et al.*, *Hepatol Res* 54: 4-23, 2024
- 3) Săndulescu O, *et al.*, *Clin Microbiol Infect* 32: 416-426, 2026
- 4) Koga M, *et al.*, *Jpn J Infect Dis* 73: 89-95, 2020
- 5) Nara H, *et al.*, *Gastroenterol Jpn* 13: 374-382, 1978
- 6) Tjon GMS, *et al.*, *J Med Virol* 78: 1398-1405, 2006
- 7) Kashyap P, *et al.*, *Acta Virol* 62: 58-67, 2018
- 8) Itaki M, *et al.*, *WPSR* 16: 1-10, 2025
- 9) Ida S, *et al.*, *Clin Infect Dis* 34: 379-385, 2002
- 10) Schnyder JL, *et al.*, *Int J Infect Dis* 161: 108113, 2025
- 11) Chen GJ, *et al.*, *Liver In* 38: 594-601, 2018

東京大学国際高等研究所

新世代感染症センター感染症研究分野

東京大学医科学研究所附属病院感染免疫内科
古賀道子

国立健康危機管理研究機構

東京大学医科学研究所附属病院感染免疫内科
四柳 宏

<特集関連情報>

国内のA型肝炎ウイルスの分子疫学検査について

潜伏期間が長く、感染源に関する聞き取り調査が困難なA型肝炎において、ウイルス学的検査に基づく分子疫学調査は、単にA型肝炎ウイルス (hepatitis A virus: HAV) 感染の有無を判定するにとどまらず、「どのウイルス株が」、「どこで」、「どのように」拡大しているかを明らかにする情報を提供する。これらの情報は、効果的な感染症対策を講じるうえで極めて重要である。

A型肝炎の流行状況を把握する目的で、厚生労働省は2010年に「A型肝炎発生届受理時の検体の確保等について」〔平成22(2010)年4月26日健感発第0426第2号、食安監発0426第4号〕を发出し、各自治体に対して、A型肝炎の発生届を受理した際の患者検体の確保および分子疫学解析を目的とした積極的疫学調査の実施を依頼した。さらに2019年には、調査の継続的な運用について改めて通知〔平成31(2019)年2月6日

健感発第0206第1号、薬生食安監発0206第2号〕が发出され、本調査は2026年現在も継続して実施されている。

国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所(感染症研)・ウイルス第二部では、全国の地方衛生研究所(地衛研)および保健所と連携し、A型肝炎患者の検体(血清または便)からHAVの一部遺伝子領域をRT-PCR法により増幅し、塩基配列を決定することで、国内の流行状況を分子疫学的にモニタリングしている。

具体的には、検体からウイルスRNAを抽出後、HAV特異的プライマーを用いてRT-PCR法によりVP1/pX領域を増幅し、サンガーシーケンス等により塩基配列を決定している。real-time PCRによりウイルス量を定量することも可能であるが、分子疫学検査の主目的は塩基配列の解析であるため、ウイルス第二部では通常、conventional RT-PCR法を用いている。ただし、各検査において陽性RNAコントロール(1×10^1 copies/reaction)が少なくともnested PCRで検出されることを確認しており、この条件下で検出されない検体は検出不可と判定している。

A型肝炎の分子疫学検査におけるHAV RNAの検出率は、E型肝炎と比較して高い傾向にある。2019~2025年にかけて、各自治体からウイルス第二部に送付された検体のうち、発病年月日および検体採取日が明らかであったものは、血清16検体、便36検体であった。血清検体では、発病から7日以内に採取された7検体すべてで1st PCRによりHAV RNAが検出された(図1)。発病から8~15日に採取された血清9検体では、6検体が1st PCRで、2検体がnested PCRで検出され、1検体は検出不可であった。血清検体全体の検出率は93.8%であった。

便検体では、発病から7日以内に採取された5検体中4検体で1st PCRによりHAV RNAが検出され、1検体は検出不可であった。発病から8~20日に採取された15検体では、10検体が1st PCRで、1検体がnested PCRで検出され、4検体は検出不可であった。発病から20日以内に採取された便検体における検出率は75.0%であった。検体採取の利便性を考慮すると、急性期血

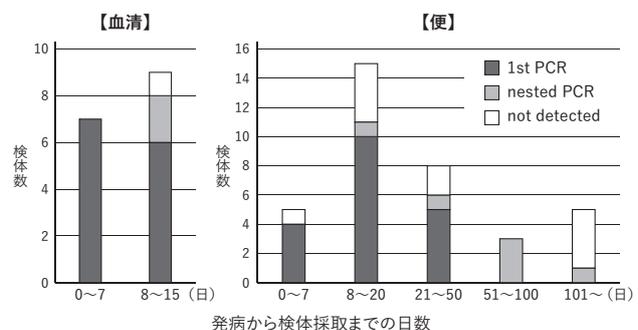


図1. 2019~2025年に各自治体から国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所ウイルス第二部に送付された血清および便からのHAV RNAの検出状況

清の確保が可能であれば、必ずしも便検体の採取は必要ないと考えられる。一方で、発病から51~100日を超えて採取された便検体からもHAV RNAが検出された例があり、ウイルスが長期間にわたり便中に排出されることが改めて確認された。

ウイルス第二部では、1st PCRで検出された検体については、プライマー配列を除いた619塩基の配列情報を自治体に報告している。系統樹解析には、nested PCRで増幅された領域からプライマー配列を除いた568塩基を用いている。nested PCRのみで検出された検体については、568塩基の配列情報を自治体に報告している。決定された配列は、各遺伝子型のリファレンス配列および近年国内で報告されている配列とともに系統樹解析を行い、類似配列の検出時期や地域的分布等を踏まえて、その特徴を解析している。

A型肝炎ウイルスの検出マニュアルは、平成18(2006)年に初版が公開され、当初は遺伝子診断に加えてIgM抗体検出やウイルス分離法についても記載されていた。その後、2018年12月に主として分子疫学調査を目的としたconventional RT-PCR法および塩基配列決定法を中心とする内容へと改定(第2版)¹⁾され、全国の地衛研において参照されている。現在、ウイルス第二部で検査が実施されるHAV検体は全体の約1割にとどまり、多くの検体は地衛研等で塩基配列が決定され、その配列情報が感染研に集積されている(図2)。検査体制が全国的に整備されたことにより、届出症例に対してウイルス遺伝子情報が得られる割合が増加し、国内における流行株の動向や地理的分布をより網羅的に把握することが可能となった。今後は、検査手法の標準化や精度管理のさらなる充実を通じて、分子疫学情報の信頼性を一層高めていくことが求められる。分子疫学情報は、患者背景、推定感染地域、リスク行動、食品摂取歴、等の疫学情報と組み合わせることで、はじめて感染経路の推定やクラスター検出に有効に活用できる。遺伝子情報と疫学情報を効率的に統合・解析できる体制整備が求められる。

参考文献

- 1) 国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所, 病原体検出マニュアル A型肝炎ウイルス検出マニュアル(第2版), 平成30(2018)年12月

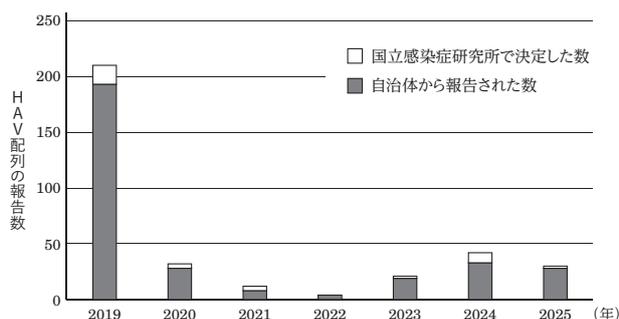


図2. 2019～2025年に集積されたHAV配列情報の内訳

<https://id-info.jihs.go.jp/manuals/pathogen-detection/HAV181207.pdf>

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所ウイルス第二部

鈴木亮介 丹野久仁子 清原知子

五十川正記

<特集関連情報>

2019～2025年までの国内のA型肝炎の発生動向と分子疫学調査

2010年に開始したA型肝炎ウイルス(hepatitis A virus: HAV)の分子疫学調査は、地方衛生研究所、保健所等の協力のもと、2026年現在も継続している¹⁾。2015～2025年に提供された検体あるいは塩基配列情報は1,039検体分であった(次ページ表)。遺伝子型の内訳はIA:953(91.7%),IB:31(3.0%),IIIA:54(5.2%),IIA:1(0.1%)で、多くがIAであった。各検体の遺伝子情報と感染症発生動向調査²⁾のデータをリンクして解析すると、いくつかのパターンが認められた。2024,2025年のデータに焦点を当てて紹介する(以下、【】は次ページ図1中のクラスターを示す)。

遺伝子型 IA

【a】IA-2024型

2019年に初めて検出され、2020年にも3株検出されたがその後の検出はなく、2024年に増加した株である。感染地域は福岡県、長崎県、宮崎県、鹿児島県、広島県、大阪府、静岡県、埼玉県と広範囲で、患者同士の共通事項はなかった。HAVに汚染された食品が広範囲に流通した可能性があるが、感染源は不明である。

【b】2018年流行株の亜型-1

2024,2025年に2018年流行株の亜型-1が6検体から検出され、このうち3検体はミャンマーへの渡航者、ミャンマーからの入国者、ミャンマーから持ち込んだ食品の関与、が示唆された。残りの3例には渡航歴はなかった。2024,2025年のA型肝炎患者のうち²⁾ミャンマーからの入国者、帰国者は7例で3.5例/年であり、2015～2017年の年平均1.6例の約2倍であった。2025年3月にはミャンマー保健省の公衆衛生局からA型肝炎の感染拡大についての注意喚起があり、ミャンマーでの流行を受けた輸入感染およびそこから二次感染が疑われた。

【c】2018年流行株の亜型-2

2024,2025年に2018年流行株の亜型-2が9検体から検出された。2024年は福岡県、佐賀県、2025年は兵庫県、大阪府から検出された。推定される感染経路は経口感染(4例)、性的接触(4例)、不明(3例)(重複あり)が混在していた。性別は男性8例、女性1例、年齢は23～71歳であった。2018年の男性間性交渉者のようなリスクファクターは特定されず、感染経路の複雑

表. 年別A型肝炎報告数およびA型肝炎ウイルス分子疫学調査結果

A型肝炎報告数												
	2015年	2016年	2017年	2018年	2019年	2020年	2021年	2022年	2023年	2024年	2025年	合計
報告数	243	272	285	926	425	120	71	69	55	137	133	2,736
男性 (n)	144	176	165	833	332	73	43	31	31	70	68	1,966
男性割合 (%)	59.3	64.7	57.9	90.0	78.1	60.8	60.6	44.9	56.4	51.1	51.1	71.9
渡航関連症例 (n)	56	79	63	67	56	9	0	11	20	37	34	432
渡航関連症例割合 (%)	23.0	29.0	22.1	7.2	13.2	7.5	0.0	15.9	35.5	72.4	66.5	15.8

引用元: 感染症発生動向調査各年最終週のデータ (速報値)

A型肝炎ウイルス分子疫学調査結果 (2026年1月31日集計)												
	2015年	2016年	2017年	2018年	2019年	2020年	2021年	2022年	2023年	2024年	2025年	合計
遺伝子解析可能検体数	42	67	109	469	210	32	12	4	21	42	31	1,039
遺伝子型 I A (n)	33	64	104	458	198	30	11	2	5	31	17	953
2017年流行株	3	6	51	29	14	1	0	0	0	1	0	105
2018年流行株	0	8	14	411	119	11	0	0	2	8	7	580
2019年流行株	0	0	0	10	37	0	0	0	0	0	0	47
その他	30	50	39	8	28	18	11	2	3	22	10	221
遺伝子型 I B (n)	6	0	2	3	1	1	0	2	2	2	12	31
遺伝子型 III A (n)	3	3	3	8	11	1	1	0	13	9	2	54
遺伝子型 II A (n)	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1

(地方衛生研究所等の協力を得て実施された分子疫学調査による)

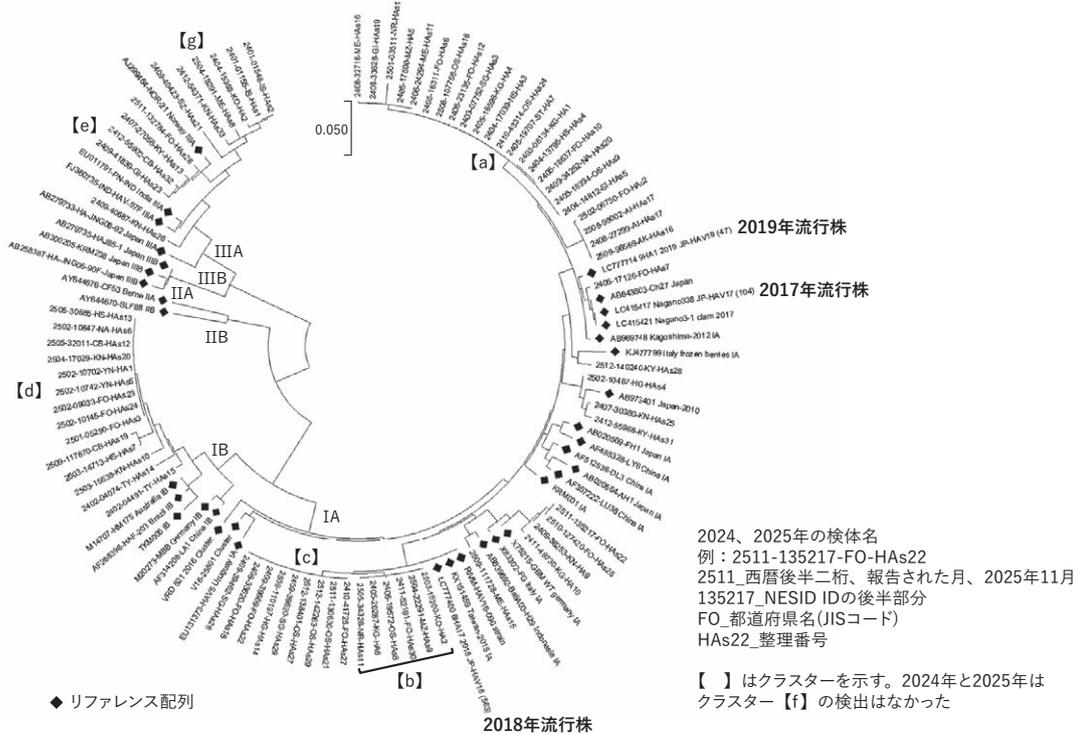


図1. 2024, 2025年検体によるA型肝炎ウイルス系統樹

化が示唆された。

遺伝子型 IB

【d】 IB-2025型

日本では遺伝子型 IB の検出は稀であり、多くが海外の流行地からの帰国者であったが、2025年は渡航歴のない遺伝子型 IB 株が検出された。シーケンス対象領域はすべて同一配列で、1月: 1例 (福岡県), 2月: 5例 (福岡県, 山梨県, 長野県), 4月: 1例 (神奈川県), 5月: 2例 (広島県, 千葉県), 合計9例であった。患者間の共通事項はなく、広範囲に流通したHAV汚染食材の摂取が疑われたが、感染源は不明であった。遺伝子型 IB はアフリカ, 中近東に広く分布しており、喫食調査の際は流行地からの輸入食材も視野に入れる必

要がある。

遺伝子型 IIIA

遺伝子型 IIIA はこれまでのデータの蓄積によって南アジアをさらに3つに分けた地域別クラスターに分類することが可能であった (次ページ図2)。

【e】は主にパキスタン, アフガニスタンなど西アジアからの帰国者からの検出が多かった。また、このクラスターは渡航歴がない患者も含み、日本土着株と西アジア地域流行株とのつながりが興味深い。【f】はバングラデシュ, 【g】はインド・ネパールなど南アジアからの輸入感染が多く含まれており、各地の流行株を反映していると考えられる。

分子疫学調査は、1) A型肝炎の流行状況の精査, 2)

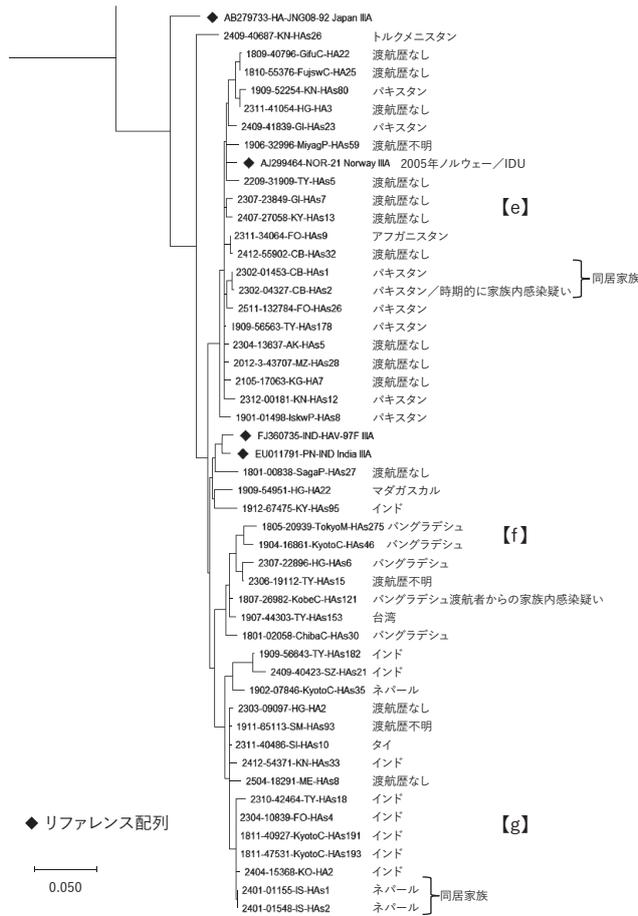


図2. A型肝炎ウイルス遺伝子型IIIA系統樹と推定感染地

渡航関連症例における感染地域の特定, 3) 原因ウイルスの由来の推定, に有効である。特に3) については食品衛生への応用が期待される。A型肝炎は潜伏期間が長く, 発症したときには喫食の記憶が曖昧であったり, 食材が廃棄されていたりして原因究明が難しい疾病である。しかしながら, 今回示したように, 患者の共通事項や地域集積性が認められず, 一見散発例のように見えるものの, 分子疫学的にはHAVが混入した食品の広範囲流通が起きていることは否定できない。2024, 2025年にはなかったが, 2019年にはこのパターンの流行が発生した³⁾。また, 抗体保有率が低い日本では, 2018年のようにHAVがハイリスク群に入り込むと容易に流行を引き起こす可能性がある。重症化が危惧される高齢者や肝疾患の既往歴がある者, 糖尿病患者などや, 感染リスクが高いと考えられる流行地への渡航者にはワクチンによる積極的な予防が勧められる⁴⁾。また, 数は少ないものの家族内感染の報告もあり⁵⁾, 患者が発生した際は同居家族のワクチン接種が望ましい。

参考文献

- 1) A型肝炎発生届受理時の検体の確保等について, 健感発0206第1号, 薬生食監発0206第2号, 平成31(2019)年2月6日
- 2) 国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト,

感染症発生動向調査事業年報-2023-
<https://id-info.jihhs.go.jp/surveillance/idwr/annual/2023/index.html>

- 3) IASR 40: 147-148, 2019
- 4) WHO, WER 97: 493-512, 2022
- 5) 齊藤淳哉ら, 肝臓 63: 500-503, 2022

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

ウイルス第二部第五室

清原知子 丹野久仁子 鈴木亮介

<特集関連情報>

世界における男性間性交渉者 (men who have sex with men : MSM) 間でのA型肝炎のアウトブレイク

A型肝炎は, A型肝炎ウイルス (hepatitis A virus: HAV) による感染症で, 病原体に汚染された食品の摂取や糞口感染で感染する。潜伏期間は2~6週間であるが, 感染後1週間~発症後数カ月まで糞便中にHAVが排泄されるため, 感染者は発症前の無症状期間にも感染源となりうる。ヒトから検出されるHAVは遺伝子型I, II, III型で, それぞれA, Bの亜型に分類される。

男性間性交渉者 (men who have sex with men: MSM) は世界的にみても human immunodeficiency virus (HIV) 感染症をはじめとした性感染症のリスクが高い。1970年代から, 肛門性交をした, または, セックスパートナーが複数いるMSMの間で, A型肝炎のアウトブレイクがたびたび報告され, MSMはA型肝炎罹患のハイリスク集団と考えられている。2016~2018年に欧州のMSMを中心として広く報告されたA型肝炎のアウトブレイクは, LGBTQのイベントなどが契機となっており, 同じ遺伝子型IAの中でも同様の配列を持つウイルス株が関与していた^{2,5)}。今回, 欧州でのアウトブレイク以降にMSMが関連した事例の特徴を明らかにするため, 2020年以降の事例について, 文献レビューを実施した。

方法

PubMed (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>) で2000~2025年の事例で, “hepatitis a”, “men who have sex with men”, “outbreak”, 医学中央雑誌で「A型肝炎」, 「MSM」, 「アウトブレイク」をキーワードに検索して得られた文献を対象とし, IgMまたは遺伝子検査で急性感染を確認している文献について, 特徴を記述した (検索日2026年1月17日)。

結果 (次ページ表)

MSMが関連したA型肝炎アウトブレイク事例は2020年以降に5事例 (5文献) 報告された。2020年は報告がなく, 2021~2022年米国1事例, 2022年クロアチア, ハンガリー, ルーマニア3事例, 2023~2024年ポルト

表. MSMに関連したA型肝炎アウトブレイク事例

国名	事象年	患者数 全体	MSM / 男 (%)	MSMの 年齢 中央値	MSMにおける件数 (%)		参考文献
					HIV感染者数 (%)	HIV-PrEP使用 (%)	
米国	2021~2022年	153	113 / 145 (78)	nd	32 (28)	20 (2)	1)
クロアチア	2022年	77	77 / 77 (100)	38	45 (58)	32 (42)	2)
ハンガリー	2022年	181	28 / 140 (20)	nd	23 (82)	nd	3)
ルーマニア	2022年	43	20 / 37 (54)	34	15 (75)	nd	4)
ポルトガル	2023~2024年	71	25 / 60 (42)	nd	14 (56)	nd	5)

nd: not described

ガル1事例が報告された。このうちMSMのみを対象とした報告が1事例、A型肝炎患者を対象としたうちのMSMについての報告が4事例であった。期間中、日本からの報告はなかった。

報告された5事例のA型肝炎症例数は合計525件で、年齢の中央値は27から38歳であった。男性は459件(87.4%)で、そのうちMSMと判明しているのは263件(57.3%)で、年齢中央値が記載されていたのは2文献で34歳と38歳であった。MSMのA型肝炎症例のうちHIV感染者と判明しているのは129件(49.0%)で、HIV-曝露前予防(pre-exposure prophylaxis: PrEP)の使用者は52件(19.8%)であった。

5事例のうち4事例で、A型肝炎ウイルスの遺伝子型検査が実施されていた。クロアチアおよびポルトガルでは、IA型のうち2018年に欧州で流行した2種類のウイルス遺伝子配列が検出された。米国では、IA型であったが、欧州とは異なるウイルス遺伝子配列が検出された。また、2022年のハンガリーでは、食中毒事例の原因となった輸入品の冷凍ベリーソースとその患者、その後感染が拡大したと考えられるMSM事例、のどちらからも遺伝子型IBが検出され、関連が示唆された。

クロアチアでは、HIV治療またはHIV-PrEPの処方を受けている対象者のうち26.1%(364/1,397件)がHAVの抗体価を有しており、ハンガリーでは、アウトブレイクに関連した遺伝子型IBの症例のうちの5.3%(9/171件)が1回以上のA型肝炎ワクチン接種を受けていた。

考 察

2020年以降に報告された5事例のうち、クロアチアおよびポルトガルでの2事例からは2016~2018年に流行したウイルスの近縁株が検出されており、MSMの間で循環している可能性が示唆された。一方で、米国やハンガリーの事例では、それぞれ異なるHAVが検出され、アウトブレイクの規模は、MSMで一般集団よりも大きかった。

本邦では、2020年以降のアウトブレイク報告はなかった。しかしながら、今後、海外の流行状況が日本のMSM集団に影響を及ぼす可能性があり、世界のA型肝炎の発生状況を注視する必要がある。上記文献では、HIV感染やHIV-PrEP使用のあるMSMはA型肝炎罹患のハイリスク集団であり、アウトブレイクの発生予防の

ために、MSMに対するA型肝炎ワクチン接種も有効な手段と論じられていた。国内でもハイリスク集団に対するA型肝炎の情報提供や、ワクチン啓発が望まれる。

参考文献

- 1) Doyle TJ, *et al.*, Emerg Infect Dis 30: 634-643, 2024
- 2) Bogdanić N, *et al.*, Viruses 15: 87, 2023
- 3) Dencs Á, *et al.*, Infect Genet Evol 123: 105622, 2024
- 4) Neagu G, *et al.*, J Clin Med 14: 4368, 2025
- 5) Rosendal E, *et al.*, Euro Surveill 29: 2400272, 2024

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース (FETP)

澤 友歌

応用疫学研究センター

加藤博史 島田智恵 砂川富正

<特集関連情報>

チェコ共和国における2025年のA型肝炎の流行

チェコ共和国(以下、チェコ)における2025年のA型肝炎の届出数は3,256例(暫定データ:2026年1月6日時点)であり、前年と比較して5倍以上に届出数が増加した。本稿では、チェコ国立公衆衛生研究所(以下、当局)の公表資料¹⁾を中心に抄訳し、紹介する。

チェコにおけるA型肝炎サーベイランスと過去の発生状況

チェコでは、A型肝炎は届出と症例の入院医療機関での隔離措置が義務付けられている。地域の衛生局職員は届出をもとに疫学調査を実施し、感染源および接触者の特定が行われる。A型肝炎患者と接触した感受性者(ワクチン未接種者等)には健康観察が命じられ、濃厚接触者に対しては曝露後ワクチン接種が実施される。

旧チェコスロバキアでは、1965年までA型肝炎の流行が毎年のように発生していたが、1960年代後半以降、衛生水準の改善により罹患率は徐々に減少傾向を示した。1993年の独立以降、1997~1999年の届出数は年間1,000例前後で推移し、その後2000年代以降は全体として減少傾向であった²⁾。2008年には1,648例と再増加がみられ³⁾、以降2017年まで数年周期での増減が認め

られた。2018年に211例に減少して以降は、低い水準で推移し、2023年には年間65例と、2008年以降で最も少ない届出数であった⁴⁾。しかし、2024年に636例へ増加し、関連する死亡が2例届出された。

2025年におけるA型肝炎流行の概要

2025年の届出数は3,256例（うち死亡36例）であり、2008～2024年までの年別最多届出数を大幅に上回った。月別では10月に599例と、最も多く届出された（図1）。

すべての年齢群で症例が届出され、最も多かったのは35～39歳（350例）、次いで40～44歳（312例）、30～34歳（295例）、45～49歳（289例）と続いた。10代以下の年代では、5～9歳（229例）の症例が最も多かった一方、1歳未満の症例は14例であった（図2）。年齢群別10万人当たり罹患率においても35～39歳で最も高く、10歳以下の小児層で高い罹患率を認めた2024年の流行とは異なる傾向を示した。

地域別では、チェコの内陸部である首都プラハが全届出数の42%（1,376例）を占め、次いでプラハを取り囲む中央ボヘミア州14%（471例）、北東部のポーランドとの国境にあるモラヴィア・シレジア州8%（261例）で、都市部を中心に多かった。

届出されたうち、入院した症例が77%（2,514例）を占めた。死亡は36例で、うち30例が男性であった。死亡例は30代以上で届出され、60代が最も多く（11例）、次いで50代（9例）、40代（6例）であった。

また、症例において、A型肝炎罹患のリスク行動・

背景要因が770件（重複あり）確認されており、内訳は、ホームレス400件、薬物使用299件、刑務所服役44件、男性間の性的接触23件、HIV感染者4件であった。

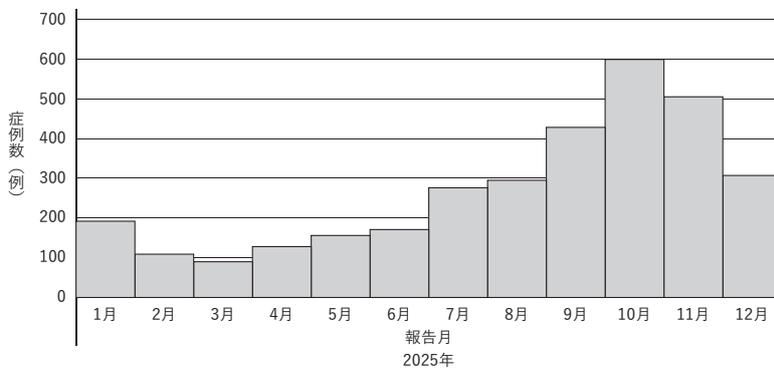
本流行の背景には、近年のA型肝炎の発生率の低下にともない、感受性人口が徐々に増加していることが指摘されている。チェコでは過去に全国的なA型肝炎ウイルス（hepatitis A virus: HAV）抗体調査が実施され、その結果、HAVの抗体保有率が高いのは、A型肝炎の流行期を経験した65歳以上の人々に限られていることが明らかとなった。このため、若年層および中年層では抗体保有率が低いと推測される。

今回の流行は規模が大きいことに加え、リスク行動をとまなう人々に限らず、あらゆる年代および社会層で症例が認められた点でも通常の流行と異なった⁵⁾。

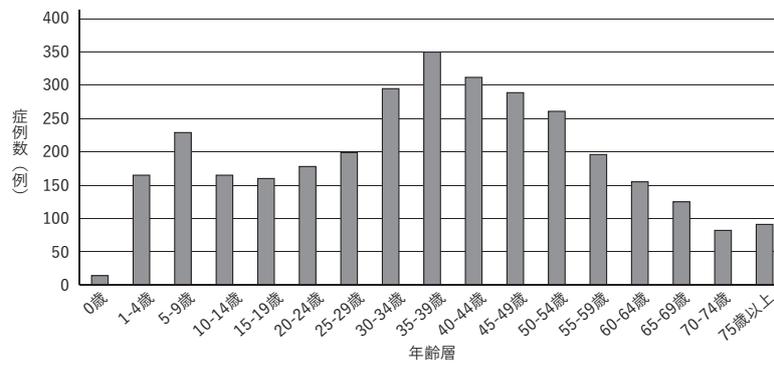
現在の状況と今後の予測

症例の約4割が届出された首都プラハなどの主要都市では、公共交通機関における消毒の強化が行われている。さらに、保健当局は感染拡大を防ぐため、衛生習慣の重要性に焦点を当てた啓発を継続して実施している。また、A型肝炎の予防にはワクチン接種が重要だが、チェコでは任意予防接種であり、接種費用が高額であることが、多くの人々がワクチン接種をためらう要因の1つとなっていると指摘されている⁵⁾。

2025年11月以降、届出数は減少傾向にある。ただし、一部地域では年末の数週間で感染者数の増加が報告されており、特にホームレスの人々や大学生のコミュニ



出典：https://szu.gov.cz/wp-content/uploads/2026/01/B15-VHA-zprava-2025_2026-4.pdf
図1. チェコ共和国における2025年のA型肝炎報告月別症例数 (n=3,256)



出典：https://szu.gov.cz/wp-content/uploads/2026/01/B15-VHA-zprava-2025_2026-4.pdf
図2. チェコ共和国における2025年のA型肝炎年齢群別症例数 (n=3,256)

ティでの増加が認められた。年末年始の接触機会の増加を考慮すると、2026年初頭の数週間で届出数の再増加が予想されている。一方、当局は過去数年の経験に基づき、2026年中に届出される症例数は徐々に減少し、流行は次第に終息すると想定している。

A型肝炎は潜伏期間が長く、5～6歳未満の小児では不顕性感染が多いという特徴がある。このため、現在の感染状況は、症状を呈した症例およびその接触者に基づいて推定されている点に留意が必要である。

参考文献

- 1) Státní zdravotní ústav, Pravidelné zprávy k VHA za rok 2025 a 2026 (2026年1月6日閲覧)
https://szu.gov.cz/wp-content/uploads/2026/01/B15-VHA-zprava-2025_2026-4.pdf
- 2) European Commission, Number of cases Hepatitis A (2026年1月6日閲覧)
https://ec.europa.eu/health/ph_information/dissemination/echi/docs/hepatitisA_en.pdf
- 3) Částková J, Beneš C, Euro Surveill 14: 19091, 2009
<https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/ese.14.03.19091-en>
- 4) Státní zdravotní ústav, Rosta počet případů virové hepatitidy A v ČR -chraňte se před virovou hepatitidou A! (2026年1月6日閲覧)
<https://szu.gov.cz/temata-zdravi-a-bezpecnosti/a-z-infekce/h/virove-hepatitidy-infekcni/hepatitida-a/vha-situace-v-cr/chraňte-se-před-virovou-hepatitidou-a/>
- 5) Holt E, Lancet Infect Dis 25: e688, 2025
抄訳担当：国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
実地疫学専門家養成コース (FETP)
小倉弘也
応用疫学研究センター
高橋あずさ 島田智恵 砂川富正

<特集関連情報>

輸入デーツ関連のA型肝炎の集団発生，2021年 — 英国，オーストラリア

2021年に英国およびオーストラリアにおいて、A型肝炎ウイルス (hepatitis A virus: HAV) 感染症の集団発生が報告された。国際的な情報共有に基づく疫学調査およびHAVの分子疫学的検査により、ヨルダン産の輸入デーツが2つの事例に共通する感染源として強く示唆された。近年、複数国で、ザクロ、乾燥トマト、冷凍ベリー類等の輸入食品に関連する集団発生が報告されている。本事例は、輸入食品を介して国境を越えて感染が拡大するリスクが存在することを示している。

これら2つのアウトブレイクの報告について、概要をまとめ紹介する。

事例1：イングランド・ウェールズにおける集団発生 (2021年1～4月)

Public Health England (PHE) は、2021年1～4月にかけて、イングランドおよびウェールズにおいて、渡航歴のないA型肝炎症例の集団発生を探知した。症例がデーツを摂取していたこと、4月中旬からラマダン期間中にデーツの消費量増加が見込まれたこと、から迅速に調査が実施された。

症例定義における確定例は、イングランドおよびウェールズにおいて、2021年1月1日以降に発症し、遺伝学的に関連する3系統に属するHAV感染症が検査室診断されたもので、発症前60日間に海外渡航歴がなく、A型肝炎の確定例または疑い例との接触歴がないもの、とされた。また、疑い例は、確定例と疫学的関連があり、HAV感染症が検査室診断されているが、シーケンス解析結果が未定のもの、とされた。

5月18日までに31名の症例 (確定例30名、疑い例1名) が報告され、症例の55%が女性であった。年齢中央値は60歳 (範囲：6-93歳) で、81%が入院し、94%で黄疸が認められた。

症例定義に用いられた遺伝学的に関連する3系統のHAVの配列は、中東地域由来の遺伝子型IBに属しており、シリア・レバノンからの渡航者由来株と最も近縁であった。

感染源特定のため、case-case studiesが実施された。その結果、デーツ (メジュール種) の喫食が症例と有意に関連していた (調整オッズ比47.36, 95%信頼区間：1.79-1,256.07)。

症例のうち25名 (81%) が、発症前に同一商品を購入、摂取しており、流通調査から当該商品はヨルダンから輸入されたデーツであることが判明した。加えて、患者宅から回収された未開封製品を含むデーツ製品2検体からもHAVが検出され、当該デーツが本事例の原因食品である可能性が強く示唆された。

公衆衛生対応として、3月末に店舗での販売を中止、4月中旬に商品のリコールおよび注意喚起が実施された。二次感染例は5名で、症例や疑い例との接触者は64名であった。濃厚接触者への曝露後予防として、HAV感受性者に対してはワクチン接種が手配され、高リスク群 (高齢、慢性肝疾患等) に対してはヒト免疫グロブリンが投与された。また、国際保健規則 (IHR) や国際食品安全機関ネットワーク (INFOSAN) を通じて国際的に情報共有された。

事例2：オーストラリアにおける集団発生 (2021年6～9月)

2021年6～9月にかけて、ニューサウスウェールズ (NSW) 州およびオーストラリア首都特別地域において、分子疫学的解析により遺伝学的に同一であると判

断されたA型肝炎症例6例が報告された。調査により、これらは共通の感染源に由来する集団発生の可能性が強く示唆された。届出時点で、上述の事例が英国により情報共有されていたことから、ドイツとの関連が検討された。

症例定義は、(1) 逆転写ポリメラーゼ連鎖反応 (RT-PCR) によりHAVが検出され、(2) 遺伝子型IBで、NSW州のA型肝炎クラスターの初発例と関連性の高い配列の分離株が同定され、(3) 2021年6月1日以降に発症した者、とされた。

NSW州では、医療機関と検査機関へ、A型肝炎の症状がありドイツの喫食歴を呈する患者に対し、検査診断するよう求めた。

疫学調査の結果、6月1日～9月30日までに6名の症例が報告された。症例の83%は男性で、年齢中央値は26歳(範囲:15-53歳)であった。67%が入院を要したが、死亡例は認められなかった。すべての症例で生のデザート(メジュール種)の喫食歴が確認された。

6症例すべてのHAV遺伝子が高度に類似しており、英国で報告されたヨルダンからの輸入デザート関連事例で分離された株と遺伝学的に同一であることが明らかとなった。

さらに、流通していた輸入デザート製品からHAVが検出されたことを受け、8月5日に商品のリコールが実施され、一般市民への注意喚起および症状出現時の医療機関受診の呼びかけが行われた。また、8月6日にオーストラリアの農林水産環境省はヨルダンからのメジュール種のデザートの輸入品に対し保留命令を出した。

本事例において、早期探知と迅速な介入ができた要因は2つある。新型コロナウイルス感染症(COVID-19)対策として国境閉鎖が行われたことにより、国内での共通する感染源が強く疑われた点と、英国におけるデザート関連事例についてHAV配列情報を含め早期に共有されていた点である。これらの事例では、国際的なアウトブレイク情報およびゲノムデータの迅速な共有の重要性が示された。

出典

Vilaplana TG, *et al.*, Euro Surveill 26: 2100432, 2021
<https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.20.2100432>

O'Neill C, *et al.*, Commun Dis Intell 46, 2022
<https://ojs.cdi.cdc.gov.au/index.php/cdi/article/view/438>

抄訳担当: 国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

実地疫学専門家養成コース(FETP)

田才愛子

応用疫学研究センター

高橋あずさ 島田智恵 砂川富正

<国内情報>

高齢者施設における夏季のRSウイルス集団感染事例 — 神奈川県

はじめに

RSウイルス感染症は、RSウイルスによる夏～冬にかけて流行する急性呼吸器感染症であり、潜伏期は2～8日、発熱、鼻汁、咳などの上気道症状が数日続き、その後、気管支炎や肺炎などの下気道症状が出現することがある¹⁾。今回、有料高齢者施設(以下、A施設)でのRSウイルス感染症の集団感染事例を経験したので報告する。

施設概要および経過

A施設は3階建てであり、1階は食堂および事務室、2階と3階に各25名ずつの計50名の高齢者(平均年齢85歳)が入居し、職員数は42名であった。今回、7月X日にA施設より発熱と呼吸器症状を呈する患者が10名発生したとの報告を保健所が受け、翌日、調査を行った。最初の患者2名が7月X-4日に確認されたため、症例定義を7月X-4日以降に37.0°C以上の発熱を呈した者、としたところ、7月X+8日までに入居者21名(年齢62～103歳:中央値88歳)、職員3名の発症がみられた(次ページ図)。入居者は特に血中酸素飽和度(SpO₂)が低下し、8名が入院したが、うち2名はRSウイルス感染症以外の疾患による入院であった。

インフルエンザウイルスおよび新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)の簡易迅速診断キットによる検査を実施した者もいたが、いずれも陰性であった。原因病原体の検索のために、7月X+6日、症例定義に合致し、発熱が継続している患者6名の咽頭ぬぐい液の検体を施設から提出を受け、県衛生研究所に検査を依頼した。その後、X+9日以降に新たな患者の発生は認められなかったため、X+16日に終息を確認した。

病原体の検出状況

7月X+6日に6名の咽頭ぬぐい液を県衛生研究所ウイルス・リケッチャグループに搬入した。CycleavePCR™呼吸器系感染症起因ウイルス検出キット Ver.3 (TaKaRa)を使用してインフルエンザウイルス(A, B)、RSウイルス(A, B)、パラインフルエンザウイルス(1, 2, 3)、ヒトメタニューモウイルス、アデノウイルス、ポカウイルス、ライノウイルス、Takara SARS-CoV-2ダイレクトPCR検出キット(TaKaRa)を使用してSARS-CoV-2に対するreal-time PCRを実施した。なお、CycleavePCR™呼吸器系感染症起因ウイルス検出キット Ver.3 (TaKaRa)は、Ct値33以上の場合には、検証が推奨されているため、判定保留とした。その結果、6名中4名はRSウイルス(B)検出、1名はRSウイルス(B)判定保留(Ct値37)、1名はすべて不検出、となった。また、RSウイルス(B)検出者のうち1名は、ヒトメタニューモウイルスについて判定保留(Ct値37)となった。判定保留の検証のため、

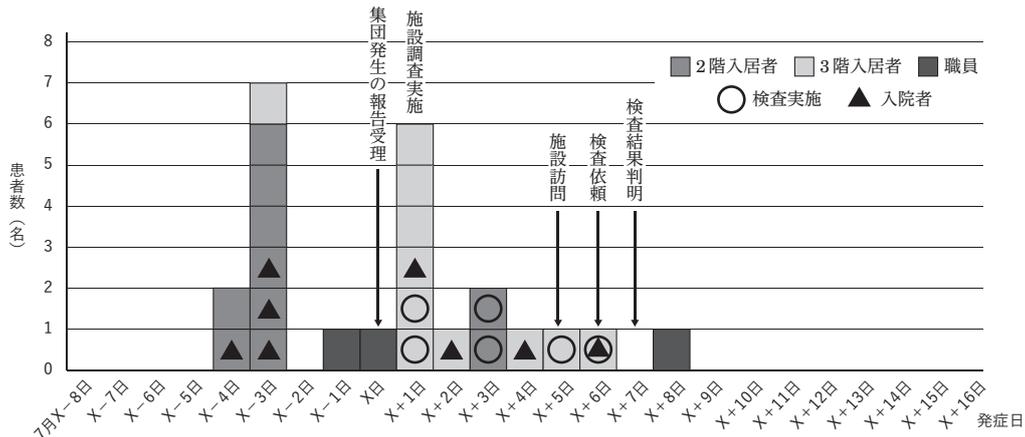


図. A施設における発症日別流行曲線

RSウイルス (A, B) については世界保健機関 (WHO) のRSVグローバルサーベイランスで検討されたL遺伝子検出系²⁾のプライマー・プローブセットを、ヒトメタニューモウイルスについては水村らのヒトメタニューモウイルスF遺伝子検出系³⁾のプライマー・プローブセットを使用して、6名全例に対してreal-time PCRを実施したところ、6名中5名からRSウイルス (B) 検出、ヒトメタニューモウイルスは全例不検出となった。

考 察

RSウイルス感染症は乳幼児期に多い感染症として知られている¹⁾が、高齢者施設での集団感染事例についても報告⁴⁾されている。2024年1月から60歳以上を対象にRSウイルスワクチンが接種可能となった⁵⁾が、まだ浸透していない現状がある。しかし、今回報告したように、高齢者施設でRSウイルス感染症が集団発生し、重症化して入院する事例がみられている。RSウイルスワクチンによるRSウイルス関連入院に対するワクチン有効性は80% [95%信頼区間 (95%CI) : 71-85], RSウイルスに関連した重篤な疾患 (ICU入室, 死亡, またはその両方) に対するワクチン有効性は81% (95%CI : 52-92)⁶⁾との報告もある。また、高齢者施設で同一の感染症が疑われる患者が複数発生した場合、「社会福祉施設等における感染症発生時に係る報告について [厚生労働省通知・平成17 (2005) 年2月22日付, 令和5 (2023) 年4月28日一部改正]」の4-ウに基づき、10名に至らない場合でも保健所への速やかな報告により、保健所は疫学調査や感染対策の指導を実施し、早期に原因病原体検出のための検査を検討することができる。県衛生研究所と保健所が連携し、速やかに原因病原体を特定することで、病原体の特性を踏まえた効果的な感染対策とともに感染症のまん延防止を図ることができる。

参考文献

1) 厚生労働省, RSウイルス感染症の予防について, 2024 (令和6) 年3月14日
<https://www.mhlw.go.jp/content/10900000/001226197.pdf>

2) WHO, WHO STRATEGY FOR GLOBAL RESPIRATORY SYNCYTIAL VIRUS SURVEILLANCE PROJECT BASED ON THE INFLUENZA PLATFORM

<https://www.who.int/publications/i/item/who-strategy-for-global-respiratory-syncytial-virus-surveillance-project-based-on-the-influenza-platform>

3) 水村綾乃ら, 千葉県環境保健研究所年報 第21号: 47-50, 2014

4) 永田紀子ら, IASR 35: 146-147, 2014

5) 厚生労働省, RSウイルス感染症 (五類・定点)
https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryuu/kenkou/kekaku-kansenshou/rsv.html

6) Payne AB, *et al.*, Lancet 404: 1547-1559, 2024
 神奈川県鎌倉保健福祉事務所
 住田 匡 金高久美子 村岡広代
 近内美乃里
 神奈川県衛生研究所
 渡邊寿美 木村睦未 石野珠紀
 大屋日登美 関戸晴子 多屋馨子

<国内情報>

カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (carbapenem-resistant Enterobacterales: CRE) 病原体サーベイランス, 2023年

カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE) 病原体サーベイランスは、通知 (健感発0328第4号, 2017年3月28日) に基づき実施されている。本稿では、検体採取日が2023年1月1日~12月31日として病原体検出情報サブシステムに登録された株のうち、保菌例などCRE感染症届出患者以外からの分離株である旨が明記された株を除く1,620株 (2025年12月23日現在) の概要を示す。

1,620株のうち、1,586株 (97.9%) には発生動向調査届出患者由来であることを示す発生動向報告IDの記載

があり、CRE感染症届出患者1,563名由来（うち22名は複数菌株分離）と考えられた。発生動向報告IDの記載がない残る34株（2.1%）にもCRE感染症届出患者分離株が含まれるが、その数は不明である。検査実施状況の指標として、1,620株を、2023年のCRE感染症の発生動向調査届出（患者報告）数2,113例（感染症発生動向調査事業年報）で除した値を報告率とすると、76.7%であった。報告率は、2019年の77.1%¹⁾をピークに2020～2022年は約70%に低下していたが²⁻⁴⁾、2023年は2019年に近い水準まで回復した。2023年のブロック別報告率は北海道東北新潟94.4%、関東甲信静75.0%、東海北陸33.1%、近畿79.5%、中国四国91.3%、九州沖縄87.7%となり、いずれのブロックも2022年報告率⁴⁾を上回っていた。

1,620株の分離検体は、尿（n = 451, 27.8%）、血液・髄液（n = 413, 25.5%）、呼吸器検体（n = 298, 18.4%）、腹腔内検体（n = 155, 9.6%）、皮膚・軟部組織検体（n =

102, 6.3%）、穿刺液（n = 82, 5.1%）、菌種は、*Klebsiella aerogenes*（n = 687, 42.4%）、*Enterobacter cloacae* complex（n = 437, 27.0%）、*Klebsiella pneumoniae*（n = 211, 13.0%）、*Escherichia coli*（n = 100, 6.2%）、*Serratia marcescens*（n = 53, 3.3%）、*Citrobacter freundii*（n = 19, 1.2%）および*Klebsiella oxytoca*（n = 19, 1.2%）の順に多く、検体の種類および上位5菌種の順は2017年以降¹⁻⁶⁾変わらない。

表1に、通知に基づき地方衛生研究所（地衛研）等で実施された各検査数と陽性数を示す。1,620株のうち、いずれかのカルバペネマーゼ遺伝子陽性株は215株（13.3%）であった。この割合は、2017年のCRE病原体サーベイランス開始以降、最も低い値となった。カルバペネマーゼ遺伝子陽性215株におけるカルバペネマーゼ遺伝子型内訳は、IMP型160株（74.4%）、NDM型36株（16.7%）、KPC型8株（3.7%）、OXA-48型6株（2.8%）、うち1株はNDM型とOXA-48型の両遣

表1. 病原体検出情報サブシステム報告対象の各検査数と陽性数, 2023年

	検体採取期間	2023年1～12月 (n=1,620)			
		検査項目	検査実施機関数*	検査数 (%) 陽性数 (%**)	
原則実施	遺伝子検査	IMP型	75	1,620 (100.0) 160 (9.9)	
		NDM型	75	1,620 (100.0) 36 (2.2)	
		KPC型	75	1,620 (100.0) 8 (0.5)	
		OXA-48型	75	1,620 (100.0) 6 (0.4)	
		表現型検査	メタロ-β-ラクタマーゼ試験	75	1,620 (100.0) 193 (11.9)
			ポロン酸試験	75	1,620 (100.0) 277 (17.1)
推奨	遺伝子検査	VIM型	64	1,354 (83.6) 0 (0.0)	
		GES型	62	1,299 (80.2) 5 (0.4)	
		IMI型	34	437 (27.0) 0 (0.0)	
		KHM型	32	546 (33.7) 0 (0.0)	
		SMB型	33	452 (27.9) 0 (0.0)	
		FRI型***	18	46 (2.8) 0 (0.0)	
		表現型検査	CarbaNP test****	23	222 (13.7) 42 (18.9)
			CIM****	50	865 (53.4) 138 (16.0)
			いずれかのカルバペネマーゼ遺伝子陽性		1,620 215 (13.3)

*その検査項目結果を1株でも報告した地方衛生研究所等の検査実施機関数、検査項目は2017年3月通知（健感発0328第4号）に基づく
 **検査株数に対する陽性率 (%)
 ***FRI型は、2017年3月通知（健感発0328第4号）別添に含まれないが、国内での検出例が複数報告されており、2023年3月の病原体検出情報サブシステム更改時に結果入力欄が追加された
 ****CarbaNP test, CIMの少なくとも一方が実施された株は54施設1,000株（全体の61.7%）、カルバペネマーゼ遺伝子非検出株に絞ると53施設856株（非検出株の60.9%）

表2. NDM型, KPC型, OXA-48型陽性株の概要 (n=49), 2023年

分離患者の海外渡航歴 (株数)	NDM型 (n=36*)				KPC型 (n=8)		OXA-48型 (n=6*)	
	NDM-1	NDM-5	NDM-7	型別情報なし	KPC-2	型別情報なし	OXA-48	型別情報なし**
渡航歴なし・不明 (n=39)	7	22*	0	3	0	4	1	3*
菌種別内訳								
<i>Escherichia coli</i> (n=24)	0	18	0	3	0	1	1	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (n=7)	2	2*	0	0	0	2	0	2*
<i>Enterobacter cloacae</i> complex (n=3)	3	0	0	0	0	0	0	0
<i>Citrobacter braakii</i> (n=1)	1	0	0	0	0	0	0	0
<i>Citrobacter freundii</i> (n=1)	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Klebsiella aerogenes</i> (n=1)	0	1	0	0	0	0	0	0
<i>Klebsiella</i> sp. (n=1)	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>Proteus mirabilis</i> (n=1)	1	0	0	0	0	0	0	0
渡航歴あり (n=10)	0	1	1	2	2	2	0	2
菌種別内訳								
<i>Escherichia coli</i> (n=2)	0	1	0	1	0	0	0	0
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (n=8)	0	0	1	1	2	2	0	2

*うち1株は、NDM-5とOXA-48型の両方を有する株（それぞれの遺伝子欄に計上）
 **型別情報なし、あるいは遺伝子型決定には至っていない報告（OXA-48もしくはOXA-505, OXA-232もしくはOXA-833）を含む

伝子保有株であった。その他の遺伝子型として、GES型5株(塩基配列決定による遺伝子型別報告の内訳GES-24, n = 4), VMB型1株(地衛研での全ゲノム解読により判明)が報告された。

IMP型陽性160株の菌種は、*E. cloacae* complex (n = 58, 36.3%), *K. pneumoniae* (n = 51, 31.9%), *E. coli* (n = 21, 13.1%), *K. oxytoca* (n = 9, 5.6%) の順に多かった。IMP型陽性株の65.6%にあたる105株(18道府県)はカルバペネマーゼ遺伝子の塩基配列決定がなされた。IMP-1は58株(14道県)ですべてのブロックより報告があった。IMP-6は44株(7道府県)であり、うち28株が近畿、13株が東海北陸、2株が中国四国、1株が九州沖縄からの報告であった。その他の型として関東甲信静よりIMP-11、近畿よりIMP-19およびIMP-70がそれぞれ1株ずつ報告された。

NDM型、KPC型、OXA-48型陽性株をあわせて49株であり、カルバペネマーゼ遺伝子陽性株(n = 215)の22.8%を占め、CRE病原体サーベイランス開始以降最も高い割合となった。49株は47名より分離され、うち38名(80.9%)は海外渡航歴なし、もしくは不明の患者であった。49株のカルバペネマーゼ遺伝子型および菌種の内訳を前ページ表2に示す。菌種別では、*E. coli* 26株(53.1%), *K. pneumoniae* 15株(30.6%)の順に多かった。

新型コロナウイルス感染症(COVID-19)対応等の影響で、2020年以降低下していたCRE病原体サーベイランス報告率は、2023年には2019年の水準まで回復した。その中で、IMP型陽性株数は過去最少となった一方、NDM型、KPC型、OXA-48型陽性株をあわせた数はこれまで¹⁻⁷⁾で最多となった。NDM型、KPC型、OXA-48型陽性株の多くが海外渡航歴のない、もしくは不明の患者から分離されており、これらの株が国内に定着しつつあることが示唆された。検出されるカルバペネマーゼ遺伝子の分布が変化中、今後の動向について引き続き注視していくことが重要である。

参考文献

- 1) IASR 42: 123-124, 2021
- 2) IASR 43: 215-216, 2022
- 3) IASR 44: 130-131, 2023
- 4) IASR 45: 129-130, 2024
- 5) IASR 39: 162-163, 2018
- 6) IASR 40: 157-158, 2019
- 7) IASR 46: 26-28, 2025

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
薬剤耐性研究センター
感染症サーベイランス研究部
全国地方衛生研究所

<国内情報>

障害者入所施設で発生したヒトパラインフルエンザウイルス3型の集団感染事例

はじめに

ヒトパラインフルエンザウイルス(human parainfluenza virus)は、パラミクソウイルス科に属するRNAウイルスである。現在4つの型(1-4型)があり、4型には2つのサブタイプ(4Aおよび4B型)がある。ヒトパラインフルエンザウイルス感染症は一般的に誰でも感染しうる疾患であるが、特に幼児や免疫が低下している人においては感染しやすい。成人においては、上気道炎の主な原因となるウイルスの1つである。多くの場合は軽症で上気道症状を呈するが、高齢者や免疫不全者では肺炎等重症化することがある。特にヒトパラインフルエンザウイルス3型については、気管支炎、細気管支炎、肺炎を引き起こすことが多い¹⁾。また、ヒトパラインフルエンザウイルス感染症の多くは散発性であるが、高齢者施設や重症心身障害者病棟のような比較的易感染状態にある集団では流行が起こることも稀ではない²⁾。

今回、2025年7月に東京都の鳥しょ保健所出張所(以下、A出張所)管内の知的障害支援施設(以下、B施設)で発生した発熱・感冒症状の集団事例から、ヒトパラインフルエンザウイルス3型が検出された。本事例では、A出張所は早期からB施設職員への標準予防策の指導の徹底を行い、感染拡大を防止するための支援を行ったのでここに報告する。

発生状況・遺伝子検査

2025年7月、A出張所はB施設から施設利用者64名中46名、職員は46名中4名が発熱している、との第一報を受けた。重症者がいない一方で、発熱に加えて、咳嗽や鼻汁を訴える者がおり、利用者には知的障害があったことから、多くはマスク着用が困難な状況であった。なお、発症した複数名に対し新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)およびインフルエンザウイルスの抗原検査が実施されたが、全員陰性であった。

A出張所では初期対応として電話での調査を実施し、個人防護具(PPE)を含めた標準予防策と手指衛生の指導、介護ケアに応じた感染対策についての助言を行った。また、本庁所管部署(以下、本庁)と情報共有を行った。

第一報の約1週間後、A出張所はB施設から利用者の有症状者が53名に増加し、発熱が5日以上長引く者や再発の発熱者もいる、との報告を受けた〔フロア別発症状況(次ページ表)、流行曲線(次ページ図1)参照〕。

同日、A出張所は本庁に行政検査についての相談を行い、翌日、A出張所がB施設を訪問し、有症状者3名に対し咽頭ぬぐい検体を採取し、行政検査として、東京都健康安全研究センターに搬入した。その原因が特定できなかったことから、ウイルス・細菌核酸多項

表. B施設におけるフロア別発症状況, 2025年

	1階	2階	職員
在籍者 (名)	41	23	46
有症状者 (名)	35	18	4
発症率 (%)	85	78	9

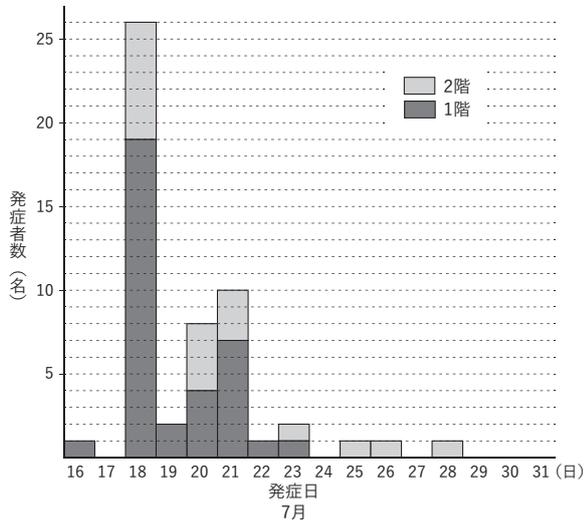


図1. B施設利用者における流行曲線, 2025年

目遺伝子検査システムを用いた病原体検索スクリーニング検査を実施した。その結果, 検体からヒトパラインフルエンザウイルス3型が検出された。A出張所はB施設に対し, 検査結果を説明するとともに, 症状消失後もウイルス排出の可能性があるため, 施設内での引き続きの感染対策について注意喚起を行った。

分子系統解析

スクリーニング検査により, 供試した全検体からヒトパラインフルエンザウイルス3型が検出されたことから, 分子系統解析により関連性を確認した。咽頭ぬぐい検体から改めてRNAを抽出し, HN領域を対象としたRT-nested PCR検査³⁾を実施した結果, 2検体から増幅産物が得られた。次いで, 得られた2検体分の試料を用いてダイレクトシーケンス法により塩基配列(728bp)を決定し, 分子系統解析を実施した。その結果, 本事例の配列は同一クレードに帰属するとともに, 2025年に東京都内で実施した感染症発生動向調査において検出された島しょ地域外のヒトパラインフルエンザウイルス3型の近傍に位置することが判明した(図2)。

推定感染経路

初発患者が発症4日前にB施設内での家族合同面接に参加していたことが確認され, また同時期に開催された地域の盆踊りに, 施設利用者の一部も参加しており, 通常より人の往来が活発化し, 飛沫・接触感染による感染が伝播したことが推察された。

まとめ

A出張所の原因不明の集団発熱事例に対し, 東京都健康安全研究センターでウイルス・細菌核酸多項目遺

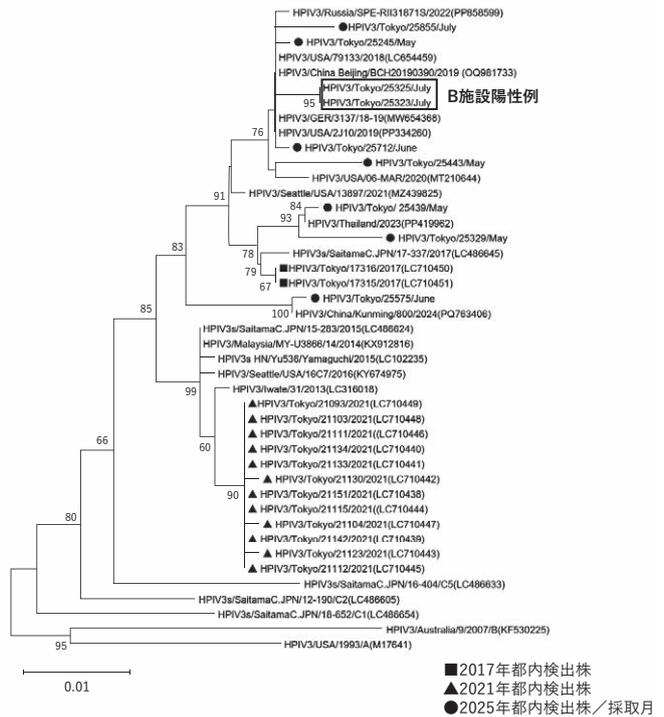


図2. ヒトパラインフルエンザウイルス3型HN領域(728bp)のNJ法による分子系統解析

伝子検査システムを用いて検査を行った。分子系統解析により, B施設の患者検体と, 2025年に島しょを除く都内で採取した検体の株が近縁であったことが示された。

全国から報告された急性呼吸器感染症(ARI)サーベイランス報告においては, ヒトパラインフルエンザウイルスは一定の割合で検出されており, 3型においては春~夏にかけて多く流行が認められる。ARIが疑われる患者が発生した場合, クリニックに整備されていることが多い抗原検査等の検査にて検出可能な病原体が否定されても, ARIとして感染対策を維持・強化することが重要である。

今回, マスク着用を含めた感染対策が難しい知的障害者支援施設でヒトパラインフルエンザウイルス3型による集団感染事例を経験した。A出張所は施設の特徴を踏まえ, 早期から施設職員の標準予防策等の指導徹底に努めた。今後も, 感染リスクが高い社会福祉施設等では早期の発見, 感染拡大を防ぐための取り組みを講じることや必要な検査を迅速に行うこと, 施設における自主管理を保健所が支援していくこと, が重要である。

参考文献

- 1) CDC, Clinical Overview of Human Parainfluenza Viruses (2025年12月23日閲覧)
https://www.cdc.gov/parainfluenza/hcp/clinical-overview/index.html
- 2) 石川智子ら, IASR 41: 170-171, 2020
- 3) 蕪木康郎ら, 感染症学雑誌 94: 86-96, 2020

東京都保健医療局

鈴木 薫 堀 元海 芋川有希

松田杏奈 高橋愛貴 西塚 至
 東京都健康安全研究センター
 天野有紗 熊谷遼太 高橋久美子
 三宅啓文 千葉隆司
 島しょ保健所大島出張所
 高津奈緒美 市川日菜 渡邊洋子

<国内情報>

社員寮で発生したサルモネラ属菌 O4 群食中毒事例について

サルモネラ属菌による食中毒の発生件数は減少傾向であるが、サルモネラ属菌には2,500種以上の血清型が存在¹⁾し、様々な血清型による食中毒が報告されている。

今回、近年の病原体検出情報サブシステムへの報告で上位にある²⁾ *Salmonella* O4:i:-による食中毒事例を経験したので報告する。

概要

2025年5月12日、茨城県潮来保健所管内の事業所から保健所に「寮の食堂を利用した社員が発熱、腹痛、下痢等の食中毒症状を呈している」旨の連絡があった。

調査の結果、5月9日午後9時を初発として5月12日の午前8時まで、5月8日の夕食〔油淋鶏（キャベツ、きゅうり、トマト添え）、卵と木耳の炒め物、冷菜（ピリ辛メンマ、きゅうりの和え物）、白米、味噌汁（ほうれん草）〕をとった35人中28人（20～60代男性）が下痢（28人）、腹痛（26人）、発熱（23人）などの症状を呈していた。調査の結果から、発症者の共通食は5月8日の当該寮の調理施設が調理した夕食のみに限定されたことから、保健所は5月19日、当該施設が調理、提供した食事を原因とする食中毒と断定した。症例定義は、当該施設が調理した5月8日の夕食を喫食し、喫食後～5月16日までに下痢、腹痛のいずれかを発症した者を食中毒患者とした。

発症者便14検体、調理従事者便3検体、5月8日夕食の保存検食2検体、ならびに調理施設ふきとり7検体の合計26検体について細菌およびウイルス検査を実施したところ、発症者便13検体および調理全般を行っていた調理従事者便1検体から *Salmonella* O4 群を検出し、その後の検査で血清型は *Salmonella* O4:i:- と同定された。保存検食およびふきとり検体からは食中毒菌は検出されなかった。また、統計学的分析において特定の食品に有意差が認められなかったことから、原因食品の特定には至らなかった。

5月8日の夕食を喫食してから発症するまでの潜伏期間は25～85.2時間（図）であり、平均値は44.4時間であった。5月8日夕食の調理従事者2人は味見および確認のため一口程度ずつ調理品を喫食していたが、発症はなかった。

調理施設は汚染区域と非汚染区域との区分けがされ

ておらず、また手洗い設備は手指の再汚染を防げる構造ではないため、容易に交差汚染が生じる可能性があった。調理台では下処理と盛付けの時間帯を分けて作業しており、作業終了後はアルコール噴霧で消毒していたが、同一の調理台で行っていた。

汚染経路の特定には至らなかったが、提供された食品が発症者と同一のサルモネラ属菌が検出された調理従事者の手指を介して汚染されたこと、調理台または器具等からの二次汚染や原材料由来のサルモネラ属菌が残存し、その後の保管状態で増殖した可能性が考えられた。

考察

サルモネラ属菌による食中毒の潜伏期間は、食品安全委員会によれば12～48時間¹⁾であるが、今回は潜伏期間が25～85時間と、それより長かったのが特徴的であった。*Salmonella* O4:i:-は *Salmonella* Typhimurium (ST) の第2相鞭毛抗原が発現しない変異株（非定型ST）である。非定型STの病原性はSTと差がないことから³⁾、STの潜伏期間12～72時間程度⁴⁾に当てはまる。2016年に千葉市内の高齢者施設で発生した *Salmonella* Nagoya を原因とする食中毒事例⁵⁾の潜伏期間は36～134時間であった。2022年に埼玉県で発生した卵調理品から *Salmonella* Enteritidis が検出された食中毒事例⁶⁾の潜伏期間は4～137時間であった。このように、サルモネラ属菌の潜伏期間が48時間より長い事例は過去にもみられており、そのような場合にもサルモネラ属菌食中毒を除外しないことが必要である。

サルモネラ属菌食中毒の原因と考えられる卵の取り扱いの不備や加熱不十分な鶏肉の提供は、本件においては確認できなかった。検便から発症者と同一のサルモネラ属菌が検出された調理従事者は、使い捨て手袋を着用し作業を行っていたが、当該従事者の手指を介し食品が汚染された可能性が示唆された。なお、当該従事者は事業所での検便を毎月実施し、前回の検査ではサルモネラ属菌は不検出であり、体調不良はなかった。

本事例より、常に調理従事者自身が保菌していることを前提に衛生的な手洗いを実施すること、食中毒予防の3原則「細菌をつけない、増やさない、やっつける」の徹底をはかること、が極めて重要であることを

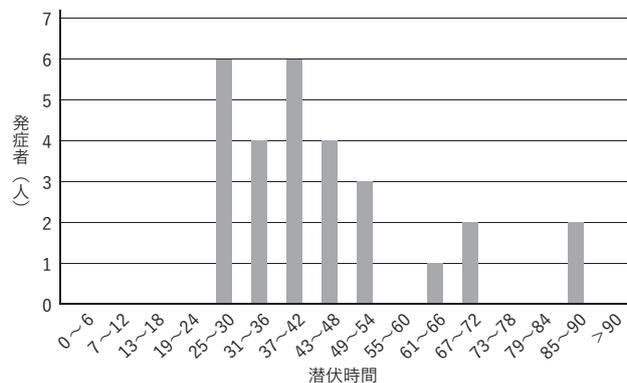


図. 潜伏時間別発症者数

再認識した。

本事例は、日本食品衛生学会「食品衛生学雑誌」にも掲載している。

参考文献

- 1) 食品安全委員会, 食品健康影響評価のためのリスクプロファイル～鶏肉におけるサルモネラ属菌～(改訂版), 2012年1月
https://www.fsc.go.jp/sonota/risk_profile/genussalmonella.pdf
- 2) 国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト, IASR速報集計表, サルモネラ血清型 (2026年1月アクセス)
<https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/graphdata/120/index.html>
- 3) 厚生労働省医薬・生活衛生局食品監視安全課長, サルモネラ(4:i:-)の取扱いについて, 平成30(2018)年3月30日付衛生食監発0330第9号
- 4) 食品安全委員会, 社団法人畜産技術協会, 食品により媒介される感染症等に関する文献調査報告書, 15. サルモネラ・ティフィムリウム
https://www.fsc.go.jp/sonota/hazard/H21_15.pdf
- 5) 熊谷智生ら, IASR 37: 160-161, 2016
- 6) 久保川竣介, 国立保健医療科学院, 健康危機管理支援ライブラリー, No.23004卵調理品から *Salmonella Enteritidis* が検出された食中毒事例—埼玉県
<https://h-crisis.niph.go.jp/archives/396119/>
茨城県潮来保健所

海老沢さと子 箭内希代子 小林賢弥
沼尻芳洋 大曾根賢一 桑原慎太郎
緒方 剛

茨城県衛生研究所

石川加奈子 奥村知美 内田好明
上野絵里

茨城県保健医療部生活衛生課

高橋淳史 濫澤弥生 小森春樹
仁藤健二

<国内情報>

メタゲノム解析を端緒に判明した莢膜を欠く肺炎球菌による結膜炎患者の集積事例 — 富山県

背景

結膜炎は、ウイルス、細菌、アレルギーなどに起因し、なかでもアデノウイルスによる流行性角結膜炎はしばしば集団感染の原因となる。一方、細菌性結膜炎はウイルス性結膜炎と比較して報告数が少ない¹⁾。感染症発生動向調査において、2025年1～6月、富山県内の1眼科定点医療機関から断続的に95例の急性出血性結膜炎が届出されたため、富山県衛生研究所(富山衛研)では、これらの患者のうち3～4月に発症し

た22例の眼粘膜ぬぐい液についてウイルス遺伝子検査を実施したが、すべて陰性であった。そこで、富山衛研は国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所(感染研)病原体ゲノム解析研究センターに次世代シーケンサーによるメタゲノム解析を依頼した。その結果、莢膜を欠く肺炎球菌(nonencapsulated *Streptococcus pneumoniae*: NESp)による結膜炎の地域流行事例であることが判明したので、今回報告する。

方法

2025年1～8月に眼科定点医療機関を受診した106例の結膜炎患者(うち95例は急性出血性結膜炎として届出あり)のうち、33例(うち22例は急性出血性結膜炎として届出あり)について眼粘膜ぬぐい液を採取し、エンテロウイルス、コクサッキーウイルスおよびアデノウイルスに対するreal-time PCR(qPCR)検査を実施した。このうち5検体については、感染研病原体ゲノム解析研究センターにおいて、臨床検体から次世代シーケンサーによるメタゲノム解析を実施し、網羅的な病原体探索を行った。33検体については、肺炎球菌の*lytA*遺伝子を対象としたqPCR検査および肺炎球菌の培養検査を実施した。分離した肺炎球菌は、感染研細菌第一部で血清型別およびmultilocus sequence typing(MLST)による遺伝子型別を、富山衛研ではNGSデータを取得して*cps*領域の遺伝子解析を実施した。また、33例については患者の聞き取り調査から臨床像、推定感染源等を把握した。

結果

臨床検体を用いたqPCR検査では、全検体においてウイルス遺伝子は検出されなかった。メタゲノム解析では、4/5検体から肺炎球菌由来の遺伝子配列が検出された。そこで、臨床検体について*lytA*遺伝子のqPCR検査を実施した結果、14/33検体が陽性となった。また、培養検査の結果、10/33検体から肺炎球菌が分離された。18検体が肺炎球菌陽性(培養または*lytA*遺伝子陽性)であった。分離された肺炎球菌10株は、すべての抗血清と反応せず、墨汁染色で莢膜を認められない株であった。MLST解析では、9株はST14236、1株はST14236と1アレル(*gki*)が1塩基のみ異なる新規のSTであった。分離株の*cps*領域の遺伝子配列を解析した結果、莢膜を合成する遺伝子群や表面タンパク抗原をコードする*pspK*遺伝子は保有しておらず、オリゴペプチド結合タンパク質をコードする遺伝子(*aliC*, *aliD*)を保有していた。

疫学調査の結果、第12週をピークに、第3～35週にかけて106例が確認された(次ページ図)。患者年齢は、14歳以下が43%(46例)、30～69歳が47%(50例)を占めた。33例の患者臨床像について解析した結果、約8割に両眼性に眼脂、結膜充血、濾胞形成の所見が認められ、42%(14例)に咽頭痛、咳等の気道症状が認められた。また、17例は感染場所として家庭内、学校、

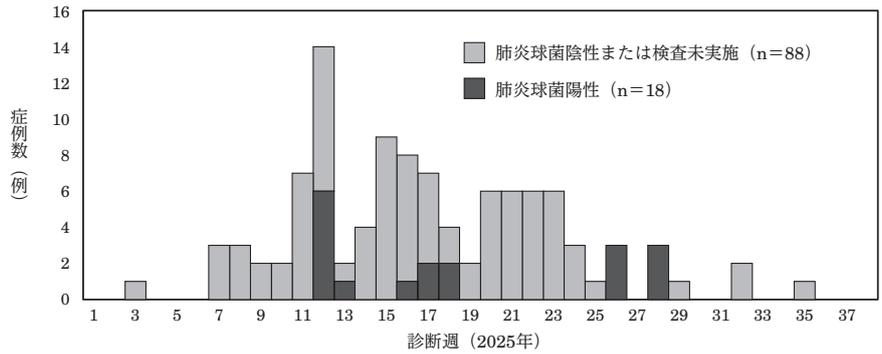


図. 富山県内11眼科定点医療機関からの結膜炎患者の報告数 (n=106)

保育施設が推定されたが、残りの16例は不明であった。肺炎球菌陽性患者(18例)と陰性患者(15例)の結膜炎症例の臨床像には統計学的に有意な相違は認められなかった。

考 察

本事例では、原因と思われるウイルス種は検出されなかったが、臨床検体のメタゲノム解析を実施することにより病因物質が肺炎球菌である可能性が浮上し、培養検査の結果、複数検体からほぼ同一のクローンのNESpが分離された。本事例以前には、当該地域において同様の結膜炎症例の集積はなかったため、肺炎球菌陰性の症例を含め、本結膜炎集積事例の主体はNESpによるものと考えられた。富山県内の1保健所管内において、NESpが、学校、保育施設、家庭内での飛沫、接触感染を介して感染伝播したことが推定された。

NESpは、免疫回避能は低いが、粘膜上皮への接着性やバイオフィーム形成能が高く、上気道や眼表面での定着や感染に関与することが知られている²⁾。これまでも、NESpによる結膜炎の集団感染事例は海外で報告されているが³⁾、国内の集団感染事例の報告はこれまでにない。最近、肺炎球菌が*pspK*遺伝子を取り込むことでNESpに形質転換され、肺炎球菌結合型ワクチンの免疫逃避をすることが示唆されている⁴⁾。国内で2011~2019年に実施された非侵襲性肺炎球菌株(n=4,463)の分子疫学調査において、71株(1.6%)のNESpが分離され、うち67株(94.4%)が*pspK*遺伝子を保有していたと報告されている⁵⁾。一方で、結膜炎由来株の多くは*pspK*遺伝子を保有せず、*aliC*および*aliD*遺伝子を保有するという既報⁶⁾と同様の結果が本事例においても認められた。これらの遺伝子産物は補体C3bの沈着を低減し、古典経路依存的な菌クリアランスに寄与することが知られており⁷⁾、結膜表面環境への適応に関連している可能性が示唆される。本事例は、メタゲノム解析を端緒として発見した国内におけるNESpによる結膜炎集積事例の貴重な報告例として位置づけられ、今後の眼科感染症に対する公衆衛生対応において重要な知見となると考えられる。

参考文献

1) Azari AA, Amir A, J Ophthalmic Vis Res 15:

372-395, 2020

2) Keller LE, *et al.*, mBio 7: e01792-15, 2016
 3) Martin M, *et al.*, N Engl J Med 348: 1112-1121, 2003
 4) Wajima T, *et al.*, Microbes Infect 22: 451-456, 2020
 5) Kawaguchiya M, *et al.*, Int J Infect Dis 105: 695-701, 2021
 6) Valentino MD, *et al.*, Nat Commun 5: 5411, 2014
 7) Thompson CD, *et al.*, mBio 14: e03325-22

富山県衛生研究所

金谷潤一 大島萌愛 齋藤和輝
 吉田琴羽 矢澤俊輔 谷 英樹
 田村恒介 前西絵美 笹島 仁
 石田美樹 大石和徳

富山県砺波厚生センター

小林 夢 笹田浩二 角 園子
 松倉知晴

森田眼科医院

森田恒史

国立健康危機管理研究機構

国立感染症研究所

病原体ゲノム解析研究センター

橋野正紀 堀場千尋

細菌第一部

常 彬 明田幸宏

訂正のお詫びとお願い

IASR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。

* Vol. 46 No. 4 p.1 図1 中右上再掲図のタイトル
 誤: 2000年 第1週~2024年第52週 (風疹患者再掲)
 ↓
 正: 2020年 第1週~2024年第52週 (風疹患者再掲)

下記URLにも訂正箇所を掲載しておりますので、ご参照ください。

<https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/pathogens/vol46/542/542t.html>