ISSN 0915-5813

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

Vol.47 No.11 (No.561)
2026年11月発行

2025/26シーズンインフルエンザ分離株解析 4，季節性インフルエンザ発生動向の特徴：富山県 9，検出されたインフルエンザウイルス全ゲノム解析の活用：愛知県10，2025年度感染症流行予測調査インフルエンザ予防接種状況・抗体保有状況12，2025/26シーズン小児インフルエンザワクチンの効果14，2026年度インフルエンザワクチン用製造株とその推奨理由16，鳥・ブタインフルエンザウイルスのヒト感染事例の状況19，高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）に関する農林水産省の対応20，2025/26シーズン国内発生したHPAIの分子疫学解析23，2025/26シーズン野生哺乳動物のHPAIV感染24，豪州の鳥類と哺乳類での鳥インフルエンザA(H5N1)事例の当局公衆衛生対応とヒトへのリスク評価26，ヒトからブタへ繰り返されるA(H1N1)pdm09ウイルスの侵入27，入国時感染症ゲノムサーベイランス事業28，プレパンデミックワクチン株の選定と評価30，2026年夏季インフルエンザの流行入りとインフルエンザウイルス32，2025年第1週～2026年第26週までに診断された麻疹症例発生状況：大阪府35

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

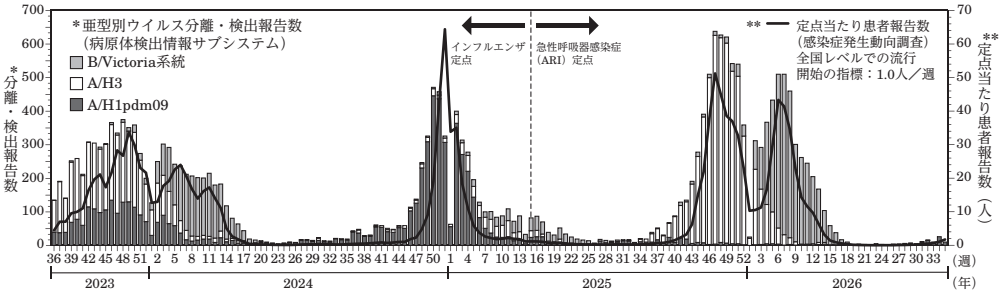
事務局 国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
感染症サーベイランス研究部
〒162-8640 新宿区戸山1-23-1
Tel 03(5285)1111 Fax 03(5285)1177

（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＞ インフルエンザ　2025/26シーズン

図1. 週別インフルエンザウイルス分離・検出報告数*とインフルエンザ／ARI定点当たり患者報告数**の推移，2023年第36週～2026年第35週



2023/24シーズンの検体採取日不明のInfluenza virus A/H3とInfluenza virus A/H1pdm09の各1例を除く
2024/25シーズンの検体採取日不明のInfluenza virus A/H1pdm09の1例を除く
（＊病原体検出情報サブシステム：2026年9月14日現在報告数）（＊＊感染症発生動向調査：2026年9月14日現在報告数）

2025/26シーズン患者発生状況（2026年9月2日現在）：感染症発生動向調査では，全国約3,000の急性呼吸器感染症（ARI）定点医療機関（小児科約2,000，内科約1,000）から毎週，対象疾患の患者数が報告される（届出基準はhttps://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/kekkaku-kansenshou11/01-05-28.html）。全国のARI定点当たりインフルエンザ患者報告数は，2025年第36週（2025年9月1～7日）の時点で0.50（患者報告数1,949）であった。その後，第39週（2025年9月22～28日）に1.04（患者報告数4,030）と1.00を超え，第47週（2025年11月17～23日）に51.12（患者報告数196,895）となりピークを迎えた。以降は年末に向かって減少したが，2026年第1週以降再び増加し，第6週（2026年2月2～8日）に2回目のピーク（定点当たり報告数43.34，患者報告数164,744）となり，それ以降減少した。第16週（2026年4月13～19日）に定点当たり報告数が1.00を下回った（図1）。

基幹定点医療機関（全国約500カ所の300床以上の病院）を対象としたインフルエンザ入院サーベイランスによる入院患者総数は24,929人であり，前シーズンである2024/25シーズン（29,157人）を下回った。

全数把握5類感染症である急性脳炎（脳症を含む）にインフルエンザ脳症として届け出られたのは176例であった（2026年10月2日現在）。

2025/26シーズンウイルス分離・検出状況（2026年9月14日現在）：全国の地方衛生研究所が分離・検出し，インフルエンザ病原体サーベイランスに報告したインフルエンザウイルス数は10,030（分離4,904，検出のみ5,126）（本号3ページ表1），うちARI定点で採取された検体からの分離・検出数は9,173，ARI定点以外の検体からの分離・検出数は857であった（本号3ページ表2）。型・亜型別ではA/H1pdm09亜型が311株，A/H3亜型が5,636株（亜型不明は93株）で，B/Victoria系統が3,729株，B/山形系統の報告はなかった（系統不明は233株）。2025/26シーズンは，シーズン前半はA/H3亜型が大きく流行したが，2026年に入ってからB/Victoria系統の報告数が増えた（図1および本号3ページ図2）。

2025/26シーズン分離ウイルスの遺伝子および抗原性解析：国内およびアジア地域分離株の遺伝子解析およびフェレット感染血清を用いた抗原性解析を行った（本号4ページ）。A/H1pdm09亜型ウイルスのヘマグルチニン（HA）遺伝子解析では，多くの株がサブクレードD.3.1あるいはD.3.1.1に属していた。抗原性解析では，2025/26シーズン世界保健機関（WHO）鶏卵培養ワクチン推奨株に対するフェレット感染血清との反応性を調べた結果，多くの株がワクチン推奨株と同等の反応性を示した。しかし，シーズン終盤に増加した，D.3.1.1に属しHAの抗原部位の155番目のアミノ酸に置換（G155E）を有するウイルスは，同血清との反応性がワクチン推奨株と比較して大きく低下した。また，2025/26シーズンワクチン接種者血清を用いた解析では，参照ウイルスと比較して，

（2ページにつづく）

（特集つづき）

流行ウイルスに対する反応性の低下が認められ，特にG155Eアミノ酸置換を有するウイルスでは，より反応性の低下が認められた。A/H3亜型ウイルスのHA遺伝子解析では，多くの株がサブクレードKに属した。抗原性解析では，多くの株が2025/26シーズンWHO鶏卵培養ワクチン推奨株に対するフェレット感染血清との反応性において，ワクチン推奨株と比較して大きく低下した。一方でサブクレードKに属する参照ウイルスに対するフェレット感染血清との反応性は，参照ウイルスと同等であった。ワクチン接種者血清を用いた解析では，参照ウイルスと比較して，流行ウイルスに対する反応性が低下した。B/Victoria系統ウイルスのHA遺伝子解析では，多くの株がサブクレードC.3.3に属した。抗原性解析では，多くの株が2025/26シーズンWHO鶏卵培養ワクチン推奨株に対するフェレット感染血清との反応性において，ワクチン推奨株と比較して低下した。ワクチン接種者血清を用いた解析では，C.3.1およびC.3.3に属するウイルスとの反応性は，参照ウイルスと比較して低下した。B/山形系統は解析された株がなかった。

2025/26シーズン分離ウイルスの薬剤耐性（本号4ページ）：日本ではノイラミニダーゼ（NA）阻害剤4種（オセルタミビル，ザナミビル，ペラミビル，ラニナミビル），およびキャップ依存性エンドヌクレアーゼ阻害剤（バロキサビル）が抗インフルエンザウイルス薬として承認され，使用されている。2025/26シーズンでは，解析したA/H1pdm09亜型は，NA阻害剤に対する耐性株が検出された。A/H3亜型ウイルスは，バロキサビルに対する耐性株が検出された。B/Victoria系統ウイルスは，NA阻害剤およびバロキサビルに対する耐性株は検出されなかった。

2025/26シーズン前の抗体保有状況：予防接種法に基づく感染症流行予測調査事業により，2025年7～9月に採取された血清（3,465名）を用いて，2025/26シーズン前の国内のインフルエンザワクチン株に対する年齢別の抗体保有割合（HI価≧ 1 : 40）を調査した（本号12ページ）。A/H1pdm09亜型ワクチン株は2024年度と同じ株であり，抗体保有割合は，全年齢群で40%未満であったが，15～19歳群および20～24歳群を除く年齢群では，2024年度調査結果より抗体保有割合が高かった。A/H3亜型ワクチン株については，2024年度から変更となったが，抗体保有割合は，5～9歳群から15～19歳群および65歳以上の年齢群で40%を上回り，また35～39歳群から45～49歳群で40%前後となった。B/山形系統のワクチン株に対しては，過去4年間と同様の傾向を示し，A型と比べ高い傾向であった。B/Victoria系統のワクチン株に対しては，2024年度と同様の傾向であった。抗体保有割合は60～64歳群で最も高かった（42%）が，50～54歳以下の年齢群では30%未満の保有割合であった。

季節性インフルエンザワクチン：2025/26シーズンはA型2亜型とB型1系統による3価ワクチンとして約5,362万回分が製造され，約4,621万回分（推計値）が使用された（1 mL／本として，1回接種当たり0.5 mL）。2026/27シーズンワクチン製造株は3価で，A/H1pdm09亜型：A/スイス/6849/2025（IVR-278），A/H3亜型：A/ミシガン/105/2025（SAN-049A），B/ビクトリア系統：B/東京/EIS13-175/2025が選定された（本号16ページ）。2026/27シーズンは5,190万回分のワクチン製造が見込まれている。

動物由来インフルエンザ：2025年9月以降，鳥インフルエンザウイルスのヒト感染例は，A(H5N1) ウイルスについては，カンボジアで8例，バングラデシュで4例，インドで1例報告された。その他のH5亜型では，メキシコ，米国および中国で，それぞれA(H5N2)，A(H5N5) およびA(H5N6) ウイルスによる感染が1例ずつ報告された（2026年9月6日時点）。H5亜型以外では，A(H9N2) ウイルスが中国で38例，イタリアで1例，A(H10N3) ウイルスが中国で，A(H7N7) ウイルスが台湾で，それぞれ1例ずつ報告された（本号19ページ）。H5亜型ウイルス（多くはH5N1）については，野鳥・家禽および野生の陸生・水生哺乳動物への感染が，世界的に続いている。これまで未報告であったオセアニアでも，初めてA(H5N1) ウイルスの感染が野鳥と野生哺乳動物で確認された（オーストラリアにおける感染について：本号26ページ）。日本でも，2026年10月以降，家禽，野鳥（本号23ページ），および野生哺乳動物（本号24ページ）で感染例が報告された。家禽での発生に対しては農林水産省が対策を講じている（本号20ページ）。

2025～2026年にかけて，ブタインフルエンザウイルスによるヒト感染例は，A(H1N1)vウイルスがドイツ，スペインおよび中国で，A(H1N2)vウイルスが米国と中国で，A(H3N2)vウイルスがブラジルで確認された（本号19ページ）。国内では，ブタインフルエンザウイルスのヒト感染報告はなかったが，ブタで，主にA(H1N1)pdm09ウイルス由来の遺伝子を持つウイルスが多く検出されている（本号27ページ）。

海外から流入が懸念される感染症の病原体や変異株の動向を把握するために，入国時感染症ゲノムサーベイランス事業が実施されている。本事業では，これまでに季節性インフルエンザウイルスは検出されているが，動物由来インフルエンザウイルスは検出されていない（本号28ページ）。

おわりに：わが国の2025/26シーズンの季節性インフルエンザは，前半はA/H3亜型が，後半はB/Victoria系統が主流となる二峰性の流行であった。ハイリスクグループへのワクチン接種等の公衆衛生上の対策の実施とともに，患者サーベイランス等による流行の把握，病原体サーベイランスに基づく流行株の遺伝子解析，抗原性解析，薬剤耐性調査等による流行ウイルスの監視，ならびに国民の抗体保有状況の調査等を含む，包括的なインフルエンザの監視体制の強化と継続が求められる。また，季節性インフルエンザだけでなく，世界的なA(H5N1) ウイルスによる家禽，野鳥およびヒトを含めた哺乳動物での継続的な感染報告からみられるように，動物由来インフルエンザウイルスの監視も重要である。

（特集つづき）

表1. インフルエンザウイルス分離・検出報告数，2023/24～2025/26シーズン

型／亜型	シーズン* 2023/24	2024/25	2025/26
A/H1pdm09	1,283（ 930）	2,163（1,767）	160（ 151）
A/H3	2,374（1,333）	407（ 265）	2,785（2,851）
A NT	2（ 16）	3（ 31）	12（ 81）
B/Victoria	1,354（ 798）	364（ 277）	1,804（1,925）
B NT	5（ 57）	5（ 22）	138（ 95）
C	0（ 1）	2（ 35）	5（ 23）
合計	5,018（3,135）	2,944（2,397）	4,904（5,126）

A NT：A亜型未同定，B NT：B系統未同定

*各シーズン（当年第36週～翌年第35週）に採取された検体から各地方衛生研究所・保健所で分離・検出されたインフルエンザウイルス報告数

（ ）内はウイルスは分離されていないが、遺伝子検出または抗原検出による報告数を別掲

（病原体検出情報サブシステム：2026年9月14日現在報告数）

表2. インフルエンザウイルス分離・検出報告数，2025/26シーズン

型／亜型	Total（A＋B）	（A）	（B）
A/H1pdm09	311	248	63
A/H3	5,636	5,027	609
A NT	93	89	4
B/Victoria	3,729	3,551	178
B/Yamagata	0	0	0
B NT	233	232	1
C	28	26	2
合計	10,030	9,173	857

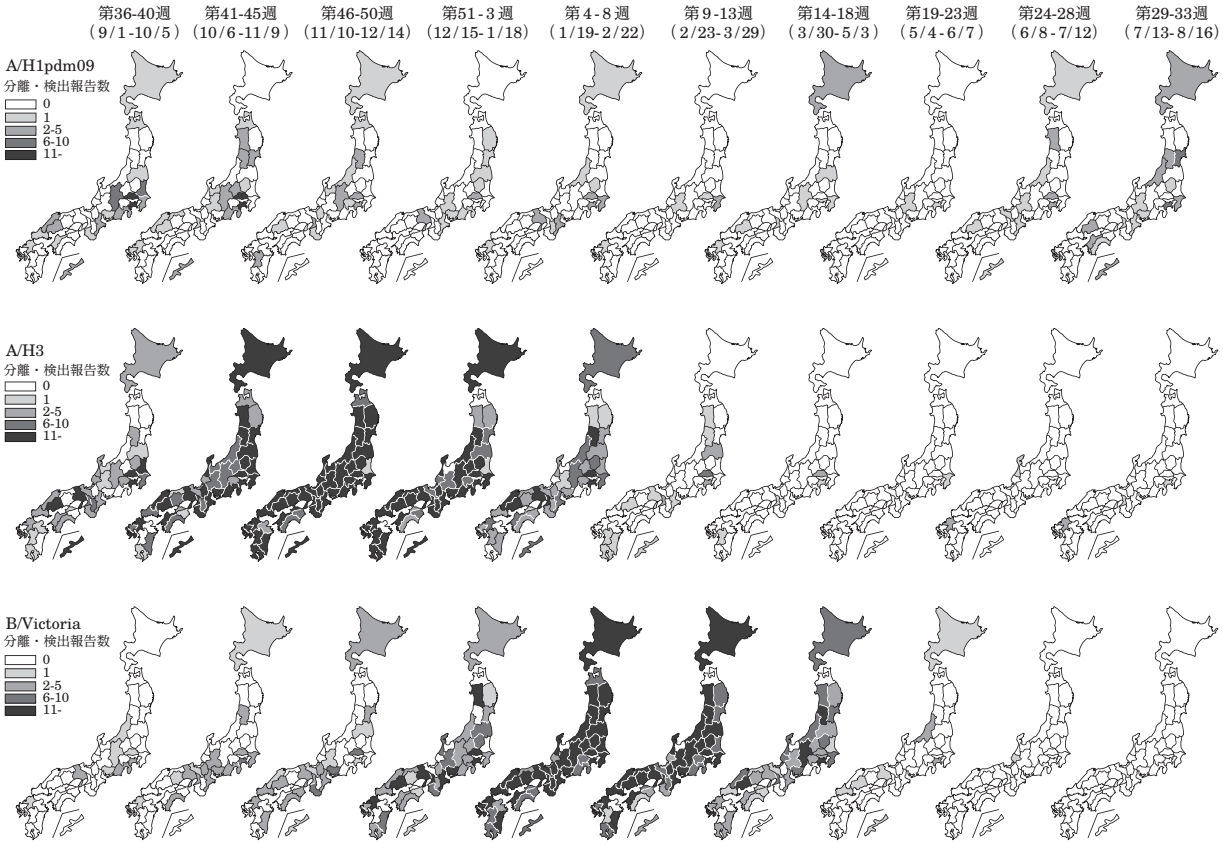
（A）急性呼吸器感染症（ARI）定点（小児科＋内科）
（B）急性呼吸器感染症定点以外（基幹定点＋その他）

A NT：A亜型未同定，B NT：B系統未同定

2025年第36週～2026年第35週に採取された検体から各地方衛生研究所・保健所で分離・検出されたインフルエンザウイルス報告数

（病原体検出情報サブシステム：2026年9月14日現在報告数）

図2. 都道府県別インフルエンザウイルス分離・検出報告数，2025/26シーズン



2025年第36週～2026年第33週に採取された検体から各地方衛生研究所・保健所で分離・検出されたインフルエンザウイルス報告数

（病原体検出情報サブシステム：2026年9月14日現在報告数）

注）
＊IASRのインフルエンザウイルス型，亜型の記載方法は，赤血球凝集素（HA）の分類を調べた情報を主とする場合と，さらにノイラミニダーゼ（NA）の型別まで実施された場合などの違いによるものである
・N型別まで実施されている場合：A（H1N1）pdm09，A（H3N2），A（H5N1）など
・N型別未実施のものが含まれる場合：A/H1pdm09，A/H3など
＊系統については，主に国内の地名は漢字，国外は英語表記（例：B/山形系統，B/Victoria系統）
＊株名は遺伝子系統樹解析記載時は国内株，国外株ともに英語表記（例：A/Tokyo/EIS13-175/2025，B/Austria/1359417/2021など）
＊国内選定ワクチン株に関しては通知の表記に合わせて国内株は漢字，国外株はカタカナ表記（例：B/東京/EIS13-175/2025，A/スイス/6849/2025など）
＊ヒトに感染したブタインフルエンザウイルスはヒトの季節性インフルエンザウイルスと区別するために，variant virusesと総称し，亜型の後に“v”を表記：A（H3N2）vなど

＜特集関連情報＞

2025/26シーズンのインフルエンザ分離株の解析

1. 流行の概要

2025/26インフルエンザシーズン（2025年9月～2026年8月）は，世界的にはA/H1pdm09，A/H3およびB型（Victoria系統のみ）がそれぞれ検出され，その割合は国・地域により異なっていたが，全体としてA/H3亜型が主流となった国が多かった。南半球においては，例年，北半球でのインフルエンザ流行時期はインフルエンザの検出数は減少傾向にあるが，A/H3亜型の抗原変異株（サブクレードK）の出現により，一時的な増加が認められた。世界的には，A/H3亜型が減少したあとは，B/Victoria系統の報告数が増加した。日本における流行は，2025年第39週に，流行入りの目安となる定点当たり報告数が1.0を超え（2024/25シーズンは第44週），第47週でピーク（51.12）となり（2024/25シーズンは第52週），例年より早い流行となった。第48週以降は速やかに減少したが，2026年の年明け以降に再び増加し，2026年第6週に2度目のピーク（43.34）となり，2025/26シーズンは二峰性の流行となった。インフルエンザウイルスの分離・検出報告は，流行前半はA/H3亜型が，後半はB/Victoria系統のウイルスの報告が多かった。同時期のA/H1pdm09亜型の報告は少なかったが，2025/26シーズンの終盤に報告数が多くなった。

2. 各亜型・型の流行株の遺伝子および抗原性解析

2025/26シーズンに全国の地方衛生研究所（地衛研）で分離されたウイルス株の型・亜型・系統同定は，各地衛研において，国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所（感染研）から配布された同定用キットを用いた赤血球凝集抑制（HI）試験によって行われた。HI試験が困難な場合はPCR法による亜型同定が推奨されている。感染研では，感染症サーベイランスシステム経由で情報を収集し，地衛研で分離および型・亜型同定されたウイルス株の分与を受けた。地衛研から分与された株および供与を受けた臨床検体から分離された株，ならびに入国時感染症ゲノムサーベイランスで収集された検体から分離された株について，ヘマグルチニン（HA）・ノイラミニダーゼ（NA）遺伝子の遺伝子系統樹解析およびフェレット感染血清・ヒトワクチン接種後血清を用いたHI試験による詳細な抗原性解析を実施した。

2-1）A（H1N1）pdm09ウイルス

遺伝子系統樹解析（次ページ図1）：臨床検体を含む国内179株および海外（台湾，韓国，ミャンマー）12株について解析を実施した。最近の流行株はサブクレードC.1.1（P137S，K142R）（代表株A/Wisconsin/67/2022）内に派生したD（T216A）（代表株A/Victoria/4897/2022）に属している。Dにはさらに複数の集団が派生しており，D.3（T120A，I372V），D.3.1（I460T，V520A），D.3.1.1（R113K，A139D，E283K，K302E）が世界的に流行の主流となっている。解析した国内株からはD.3.1.1（59.1%），D.3.1（40.4%）などが検出された。シーズン後半ではD.3.1.1が主流であり，抗原性への影響が懸念されるG155E置換を持つ株が複数の集団を形成した。

抗原性解析：国内分離株132株および海外（韓国，台湾，ミャンマー，モンゴル）分離株9株について，8－9種類の参照ウイルスに対するフェレット感染血清を用いてHI試験による抗原性解析を実施した。その結果，分離株の多くはサブクレードにかかわらず，2025/26シーズンワクチン株A/Victoria/4897/2022（Dに属する）およびその他の参照ウイルス（C.1.1，D.3.1，D.3.1.1，C.1.9.3に属する）に対するフェレット感染血清とよく反応した。しかし，シーズン終盤に増加した，D.3.1.1に属しHA抗原部位である155番目のアミノ酸に置換（G155E）を有するウイルスは，鶏卵培養ワクチン株A/Victoria/4897/2022（Dに属する）のフェレット感染血清との反応性が大きく低下し，また，その他の参照ウイルス（C.1.1，D.3.1，D.3.1.1およびC.1.9.3に属する）のフェレット感染血清に対しても，反応性の軽度な低下が認められた。ワクチン接種者血清を用いた解析では，D.3.1およびD.3.1.1に属するウイルスに対して反応性の低下が認められ，その中でもD.3.1.1に属しG155Eアミノ酸置換を有するウイルスでは，より反応性の低下が認められた。

2-2）A（H3N2）ウイルス

遺伝子系統樹解析（本号6ページ図2）：臨床検体を含む国内846株および海外（台湾，韓国，モンゴル，ミャンマー）45株について解析を実施した。最近の流行株は，HA遺伝子系統樹上のサブクレードJ.2（N122D，K276E）（代表株A/Croatia/10136RV/2023）に属している。J.2内にはJ.2.2（S124N）（代表株A/Perth/722/2024），J.2.4（T135K，K189R）（代表株A/Singapore/GP20238/2024，A/Sydney/1359/2024）などが派生し，さらにJ.2.4.2（F79V，S144N，N158D，I160K，T328A），K（J.2.4.1）（K2N，S144N，N158D，I160K，Q173R，T328A，S378N）（代表株A/Michigan/105/2025）が派生している。世界的にKが多く検出されており，国内株はK（92.3%），J.2.2（3.1%），J.2.4（3.0%）であった。

抗原性解析：国内分離株411株および海外（韓国，台湾，ミャンマー，モンゴル）分離株28株について，9－10種類の参照ウイルスに対するフェレット感染血清を用いてHI試験による抗原性解析を実施した。国内外の流行株のほとんどの株は，2025/26シーズンの鶏卵培養ワクチン株であるA/Croatia/10136RV/2023（J.2に属する）に対するフェレット血清との反応性が大きく低下していた。一方，J.2.4および流行の主流であった

図1. Phylogenetic analysis of influenza A(H1N1)pdm09 HA genes

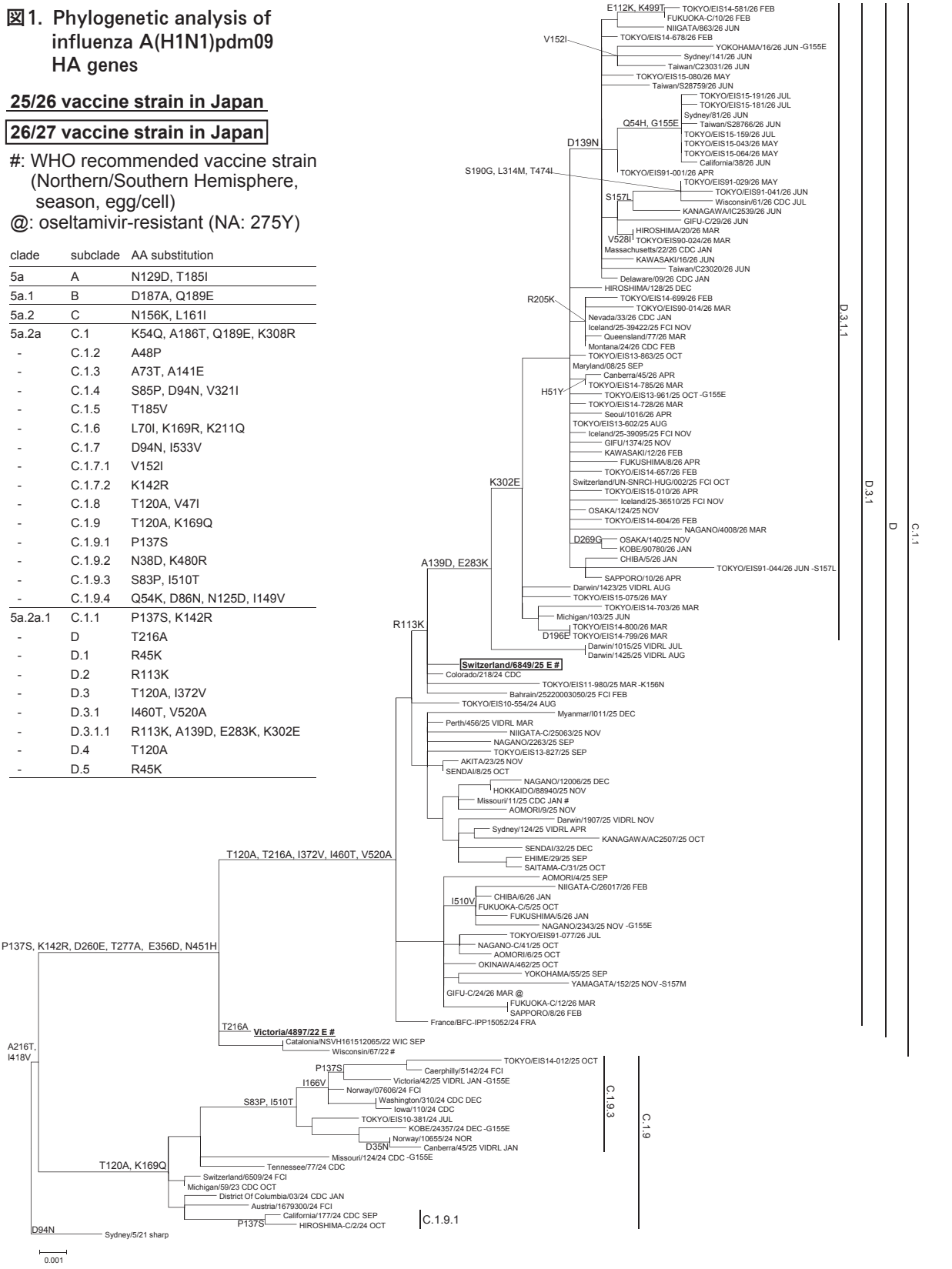
25/26 vaccine strain in Japan

26/27 vaccine strain in Japan

#: WHO recommended vaccine strain (Northern/Southern Hemisphere, season, egg/cell)

@: oseltamivir-resistant (NA: 275Y)

clade	subclade	AA substitution
5a	A	N129D, T185I
5a.1	B	D187A, Q189E
5a.2	C	N156K, L161I
5a.2a	C.1	K54Q, A186T, Q189E, K308R
-	C.1.2	A48P
-	C.1.3	A73T, A141E
-	C.1.4	S85P, D94N, V321I
-	C.1.5	T185V
-	C.1.6	L70I, K169R, K211Q
-	C.1.7	D94N, I533V
-	C.1.7.1	V152I
-	C.1.7.2	K142R
-	C.1.8	T120A, V47I
-	C.1.9	T120A, K169Q
-	C.1.9.1	P137S
-	C.1.9.2	N38D, K480R
-	C.1.9.3	S83P, I510T
-	C.1.9.4	Q54K, D86N, N125D, I149V
5a.2a.1	C.1.1	P137S, K142R
-	D	T216A
-	D.1	R45K
-	D.2	R113K
-	D.3	T120A, I372V
-	D.3.1	I460T, V520A
-	D.3.1.1	R113K, A139D, E283K, K302E
-	D.4	T120A
-	D.5	R45K



Kに属するウイルスに対するフェレット感染血清とよく反応した。また，ワクチン接種者血清を用いた解析では，J.2.3，J.2.4およびKのいずれのウイルスに対しても反応性の低下が認められ，その中でもKに属するウイルスに対する反応性の低下が最も顕著であった。

2-3）B型ウイルス

遺伝子系統樹解析

山形系統：国内外ともに検出報告はなかった。

Victoria系統（本号7ページ図3）：臨床検体を含む国内362株および海外（台湾，韓国，モンゴル，ミャンマー）

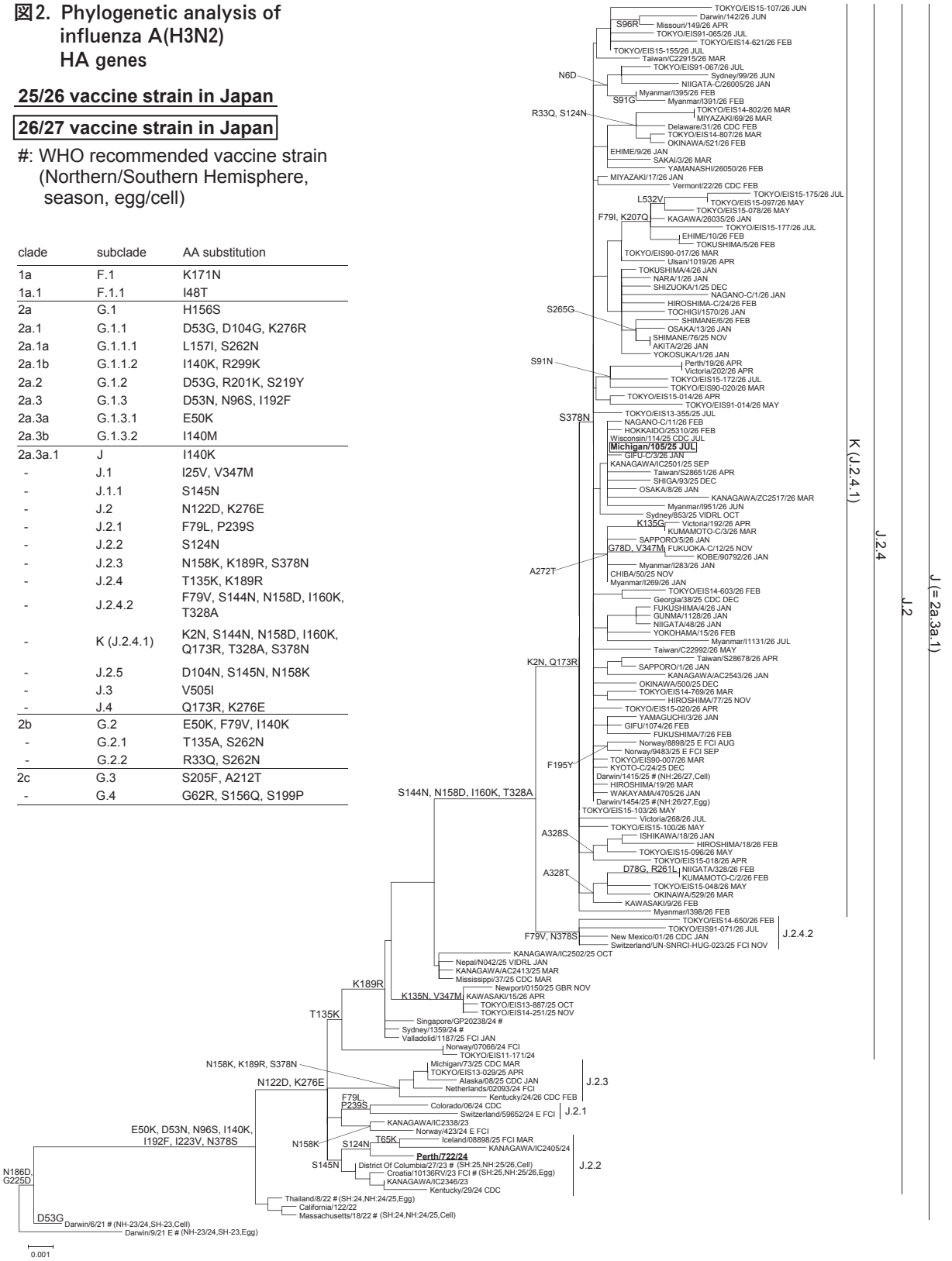
図2. Phylogenetic analysis of influenza A(H3N2) HA genes

25/26 vaccine strain in Japan

26/27 vaccine strain in Japan

#: WHO recommended vaccine strain (Northern/Southern Hemisphere, season, egg/cell)

clade	subclade	AA substitution
1a	F.1	K171N
1a.1	F.1.1	I48T
2a	G.1	H156S
2a.1	G.1.1	D53G, D104G, K276R
2a.1a	G.1.1.1	L157I, S262N
2a.1b	G.1.1.2	I140K, R299K
2a.2	G.1.2	D53G, R201K, S219Y
2a.3	G.1.3	D53N, N96S, I192F
2a.3a	G.1.3.1	E50K
2a.3b	G.1.3.2	I140M
2a.3a.1	J	I140K
-	J.1	I25V, V347M
-	J.1.1	S145N
-	J.2	N122D, K276E
-	J.2.1	F79L, P239S
-	J.2.2	S124N
-	J.2.3	N158K, K189R, S378N
-	J.2.4	T135K, K189R
-	J.2.4.2	F79V, S144N, N158D, I160K, T328A
-	K (J.2.4.1)	K2N, S144N, N158D, I160K, Q173R, T328A, S378N
-	J.2.5	D104N, S145N, N158K
-	J.3	V505I
-	J.4	Q173R, K276E
2b	G.2	E50K, F79V, I140K
-	G.2.1	T135A, S262N
-	G.2.2	R33Q, S262N
2c	G.3	S205F, A212T
-	G.4	G62R, S156Q, S199P



25株について解析を行った。近年のウイルスは，成熟HAに3アミノ酸欠損を持つサブクレード**A.3**（162–164アミノ酸欠損，K136E）内の**C**（A127T，P144L，K203R）（代表株B/Austria/1359417/2021）に属している。**C**内には**C.3**（E128K，A154E），**C.5**（D197E）などが派生し，さらに**C.3**内には**C.3.1**（D197N）（代表株B/Tokyo/EIS13-175/2025），**C.3.3**（S208P，D197N，S255P，I267V）が，**C.5**内には**C.5.1**（E183K），**C.5.6**（D129N），**C.5.6.1**（T37I，E128D，T199A），**C.5.7**（E183K，E128G）などが派生している。このうち，**C.3.1**，**C.3.3**は糖鎖付加

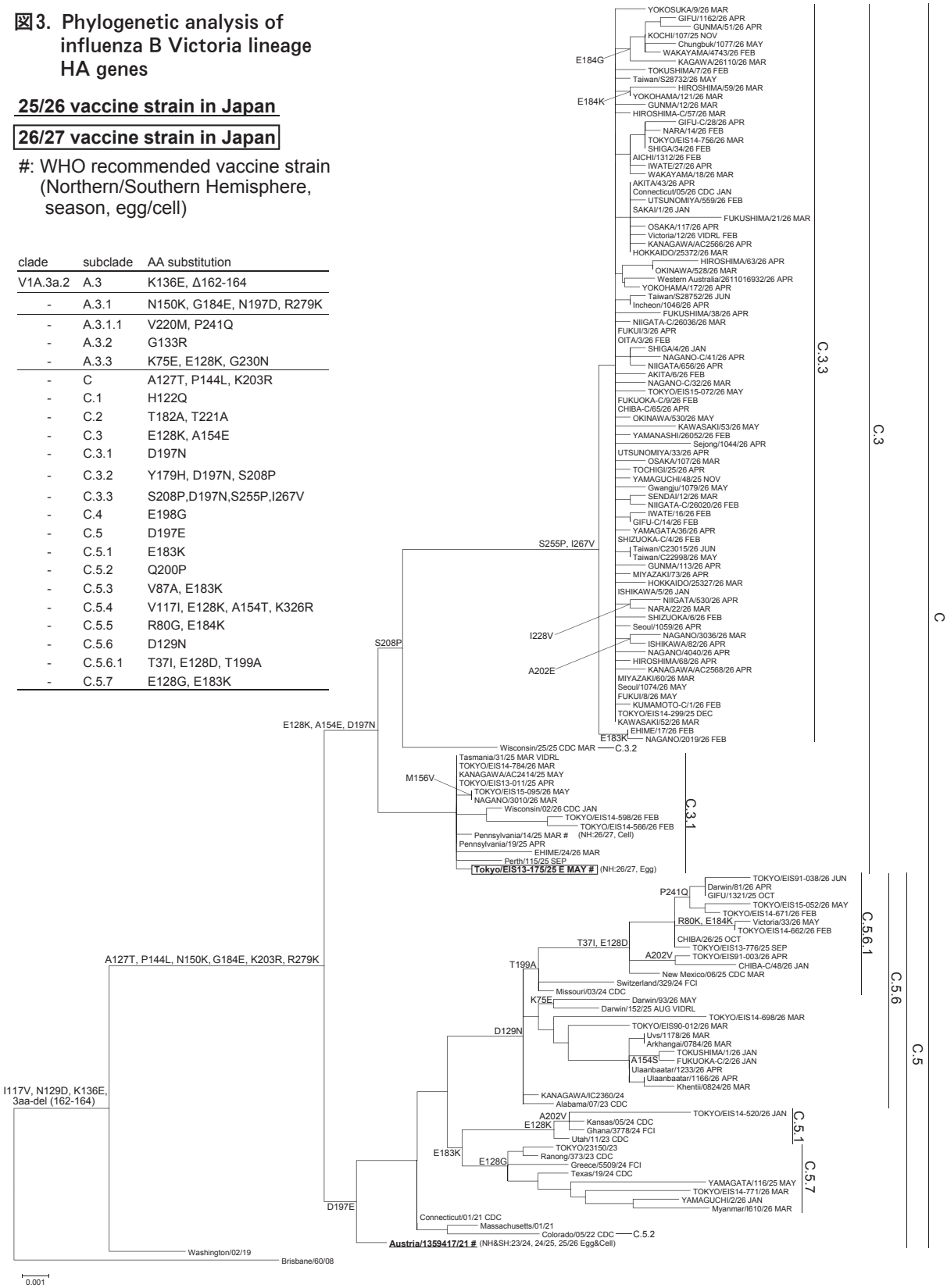
図3. Phylogenetic analysis of influenza B Victoria lineage HA genes

25/26 vaccine strain in Japan

26/27 vaccine strain in Japan

#: WHO recommended vaccine strain (Northern/Southern Hemisphere, season, egg/cell)

clade	subclade	AA substitution
V1A.3a.2	A.3	K136E, Δ162-164
-	A.3.1	N150K, G184E, N197D, R279K
-	A.3.1.1	V220M, P241Q
-	A.3.2	G133R
-	A.3.3	K75E, E128K, G230N
-	C	A127T, P144L, K203R
-	C.1	H122Q
-	C.2	T182A, T221A
-	C.3	E128K, A154E
-	C.3.1	D197N
-	C.3.2	Y179H, D197N, S208P
-	C.3.3	S208P,D197N,S255P,I267V
-	C.4	E198G
-	C.5	D197E
-	C.5.1	E183K
-	C.5.2	Q200P
-	C.5.3	V87A, E183K
-	C.5.4	V117I, E128K, A154T, K326R
-	C.5.5	R80G, E184K
-	C.5.6	D129N
-	C.5.6.1	T37I, E128D, T199A
-	C.5.7	E128G, E183K



部位（アミノ酸197番目）にD197N置換を持つことから抗原性の変化が示唆される。世界的には**C.5.6**, **C.5.6.1**, **C.3.1**, **C.3.3**が主流であるが, その検出割合は地域によって異なる。国内株は**C.3.3** (82.6%), **C.5.6.1** (6.8%), **C.5.6** (5.4%), **C.3.1** (2.5%) であった。

抗原性解析

山形系統：世界的に解析された株はなかった。

Victoria系統：国内分離株247株および海外（韓国, 台湾）分離株13株について, 8－9種類の参照ウイルスに対するフェレット感染血清を用いてHI試験による

抗原性解析を実施した。その結果，試験した多くの株は，2025/26シーズンの鶏卵培養ワクチン株であるB/Austria/1359417/2021（Cに属する）ならびに，サブクレードC.5.6，C.5.6.1およびC.5.7に属する参照ウイルスに対するフェレット感染血清に対して反応性の低下を示した。これらのフェレット感染血清との反応性が低下した株は，C.3.1あるいはC.3.3に属しており，そのHAの抗原部位にD197Nアミノ酸置換を有していた。このアミノ酸置換によって糖鎖が付加されることで抗原性に大きな影響を及ぼした可能性が示唆された。また，ワクチン接種者血清を用いた解析では，C.5.6，C.5.6.1およびC.5.7に属するウイルスとはよく反応したが，D197Nアミノ酸置換を持つC.3.1やC.3.3に属するウイルスとの反応性は顕著に低下した。

3. 抗インフルエンザ薬耐性株の検出と性状

季節性インフルエンザに対する抗インフルエンザ薬としては，M2阻害剤アマンタジン（商品名シンメトレル），4種類のNA阻害剤オセルタミビル（商品名タミフル），ザナミビル（商品名リレンザ），ペラミビル（商品名ラピアクタ）およびラニナミビル（商品名イナビル），そしてキャップ依存性エンドヌクレアーゼ阻害剤バロキサビル（商品名ゾフルーザ）が承認されている。M2阻害剤はB型ウイルスに対して無効であり，さらに，現在国内外で流行しているA型ウイルスはM2阻害剤に対して耐性を示す。したがって，インフルエンザの治療には，主に4種類のNA阻害剤およびバロキサビルが使用されている。薬剤耐性株の検出状況を継続的に監視し，国や地方自治体，医療機関ならびに世界保健機関（WHO）に対して迅速に情報提供することは公衆衛生上非常に重要である。そこで感染研では全国の地衛研と共同で，薬剤耐性株サーベイランスを実施している。

NA阻害剤については，地衛研においてA(H1N1)pdm09ウイルスのNA遺伝子解析によるオセルタミビル・ペラミビル耐性変異H275Yの検出を行い，感染研において薬剤に対する感受性試験および既知の耐性変異の検出を実施した。A(H3N2）ウイルスおよびB型ウイルスについては，地衛研から感染研に分与された分離株について薬剤感受性試験および既知の耐性変異の検出を行った。バロキサビルについては，地衛研においてPA遺伝子解析によるバロキサビル耐性変異I38Tの検出を行い，感染研において薬剤感受性試験および既知の耐性変異の検出を実施した。アマンタジンについては，感染研において既知の耐性変異の検出を実施した。

3-1）A(H1N1)pdm09ウイルス

NA阻害剤については国内分離株170株および海外分離株（韓国，台湾）9株，バロキサビルについては国内分離株139株および海外分離株（韓国，台湾，ミャンマー）11株の解析を行った結果，国内でオセルタミビル・ペラミビル耐性株が1株検出された。アマンタジンについては国内分離株104株および海外分離株（韓国，台湾，ミャンマー）12株の解析を行った結果，すべて耐性であった。

3-2）A(H3N2）ウイルス

NA阻害剤については国内分離株336株および海外分離株（韓国，台湾，ミャンマー，モンゴル）28株，バロキサビルについては国内分離株1,177株および海外分離株（韓国，台湾，ミャンマー，モンゴル）44株の解析を行った結果，国内でバロキサビル耐性変異株が12株検出された。アマンタジンについては国内分離株360株および海外分離株（韓国，台湾，ミャンマー，モンゴル）45株の解析を行った結果，すべて耐性であった。

3-3）B型ウイルス

NA阻害剤については国内分離株231株および海外分離株（韓国，台湾，モンゴル）22株，バロキサビルについては国内分離株492株および海外分離株（韓国，台湾，ミャンマー，モンゴル）25株の解析を行った結果，耐性株は検出されなかった。

本解析は，「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」の施行にともなう感染症発生動向調査事業に基づくインフルエンザサーベイランスとして，医療機関，保健所，地衛研との共同で実施された。さらに，ワクチン接種前後のヒト血清中の抗体と流行株との反応性の評価のために，新潟大学大学院医歯学総合研究科国際保健学分野・齋藤玲子教授の協力を得た。海外からの情報はWHOインフルエンザ協力センター〔米国疾病予防管理センター（CDC），英国フランシスクリック研究所，豪州Victoria州感染症レファレンスラボラトリー，中国CDC〕から提供された。本稿に掲載した成績は全解析成績をまとめたものであり，個々の成績は感染症サーベイランスシステム内の病原体検出情報サブシステムにより毎週地衛研に還元されている。また，本稿は上記事業の遂行にあたり，地方衛生研究所全国協議会と感染研との合意事項に基づく情報還元である。

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
インフルエンザ研究センター第一室
・WHOインフルエンザ協力センター
岸田典子　藤崎誠一郎　高下恵美
佐藤　彩　秋元未来　三浦秀佳
森田博子　永田志保　白倉雅之
中村一哉　菅原裕美　渡邉真治
長谷川秀樹
インフルエンザ株サーベイランスグループ

＜特集関連情報＞

2025/26シーズンにおける季節性インフルエンザ発生動向の特徴 ── 富山県

背　景

新型コロナウイルス感染症（COVID-19）パンデミック後，2020/21，2021/22シーズンは全国的に季節性インフルエンザ（以下，インフルエンザ）の流行が認められなかった。COVID-19に対する感染対策の緩和にともない，富山県内では2022/23シーズン以降インフルエンザが再流行したが，年代間で流行に差が認められた[1)]。2022/23～2024/25シーズンには，小児の流行はCOVID-19流行前と同等以上であった一方，高齢者の流行は限定的であった。本稿では，富山県における2025/26シーズンのインフルエンザ発生動向の特徴を明らかにすることを目的とした。

方　法

感染症発生動向調査におけるインフルエンザ定点〔2025年第15週以降は急性呼吸器感染症（ARI）定点〕からの報告数，基幹定点からのインフルエンザ入院患者報告数をもとに，COVID-19流行前（2016/17～2018/19シーズン）と2022/23～2025/26シーズンの発生動向を年齢群（15歳未満，15～59歳，60歳以上）別に比較した。また，2025/26シーズンについて，富山県で独自に行うARI定点におけるインフルエンザ迅速診断キットの型別報告数から，流行期にA型またはB型の検出割合が70%以上を占めた期間を，それぞれの流行期と定義した。なお，富山県では，ARIサーベイランス開始にともなう定点数の変更はなかった。

結　果

全年齢の患者報告数の推移をみると，2025/26シーズンはCOVID-19流行前と比較して流行開始が早かった。また，A型の流行は2025年第47週（2,884人，60.08人/定点）にピークを迎え，その後B型の流行は2026年第8週（1,716人，36.51人/定点）にピークを迎え，二峰性の流行となった（図1-A）。この二峰性の流行パターンは，2023/24シーズンと同様であった。年齢群別にみると，15歳未満および15～59歳では二峰性の流行が認められた一方，60歳以上ではB型流行期に明瞭なピークは認められなかった（図1-B～D）。

ARI定点における2025/26シーズンの累積患者報告数は，COVID-19流行前3シーズンの平均と比較して，15歳未満で130%，15～59歳で55%増加した一方，60歳以上では39%減少した（次ページ図2）。基幹定点でも同様に，15歳未満で80%，15～59歳で53%増加した一方，60歳以上では37%減少した。

2022/23シーズン以降，60歳以上の患者報告数は増加傾向であるが，2025/26シーズンにおいてもCOVID-19流行前の水準には達していない。

考　察

2025/26シーズンの富山県では，2023/24シーズンと同様に流行開始が早く，A型流行に続いてB型流行がみられる二峰性の流行が認められた。また，小児および15～59歳では患者報告数がCOVID-19流行前を大幅に上回った一方，60歳以上では減少しており，特にB型流行期には患者報告数の明瞭な増加を認めなかった。なお，インフルエンザウイルスの亜型は，A型流行期にはA/H3が，B型流行期にはB/Victoria系統が主に検出

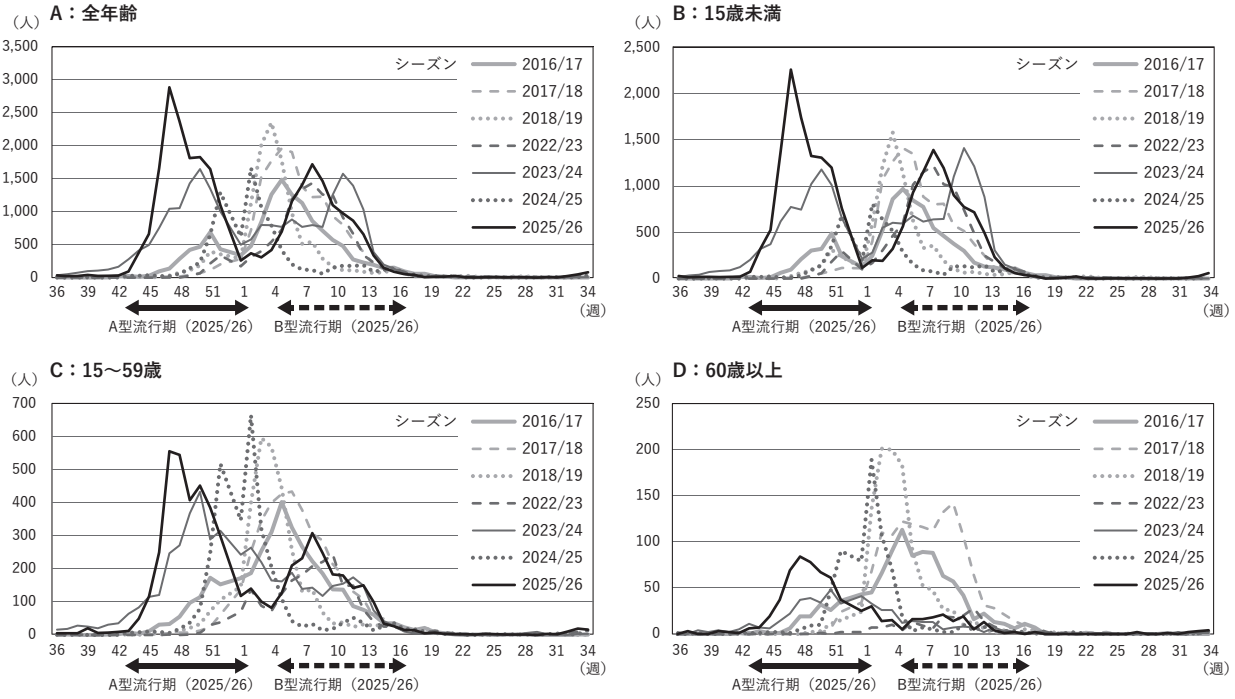


図1. シーズン別年齢群別インフルエンザ発生動向（富山県），2016/17～2025/26シーズン

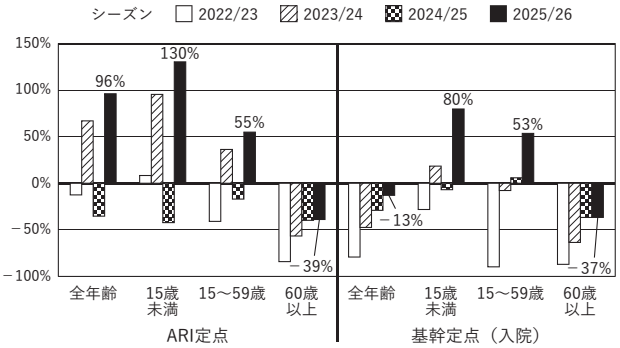


図2. シーズン別インフルエンザ患者報告数増減率（富山県）
（対2016/17〜2018/19シーズン平均）

された[2]。全国においても，富山県と同様にA/H3とB/Victoria系統の二峰性の流行が認められ，B/Victoria系統流行期に60歳以上の患者報告数が少ない傾向がみられた[3]。B型インフルエンザは小児・若年者に多く，高齢者では相対的に少ないことが国外からも報告されており[4,5]，本研究の所見と一致する。B型はA型に比べて抗原変異が緩やかであり，過去のB型ウイルスへの曝露によって獲得された免疫が維持されやすいと考えられている。高齢者では，こうした既存免疫に加えてワクチン接種の影響もあり，B型に対する免疫が維持されていた可能性がある。実際，2025年度の感染症流行予測調査では，B/Victoria系統に対する抗体保有率は若年層より高齢者で高い傾向が示されていた[6]。また，富山市の2022〜2024年度における高齢者インフルエンザ定期接種率は，60.1−66.0%で推移していた[7]。ただし，富山県内流行株の抗原性やワクチン効果との関連については明らかではない。

60歳以上の患者報告数は，2022/23シーズン以降，COVID-19流行前と比較して少ない状況が続いている（図2）。2022年夏〜2024年春までのマスク使用に関する調査では，日本国民は2023年3月中旬までは高いマスク着用率を維持していたが，その後のマスク離れの進行は個人属性や社会的背景によって均一ではなかった[8]。また，2023年9〜11月に日本人約3.3万人を対象に実施された調査では，高齢であるほどマスク着用率が高いことが報告された[9]。60歳以上のインフルエンザ患者報告数が少ない理由の一因として，2023年5月のCOVID-19の5類感染症移行後にも高齢者においてはマスク着用等のnon-pharmaceutical intervention（NPI）が継続されたことが影響した可能性が考えられた。

本研究で用いた迅速診断キットの型別報告は，患者報告と同様，週単位で集計，情報還元を行っている。2025年度より開始したARI病原体サーベイランスでも流行ウイルス型の把握は可能であるが，迅速診断キットの型別報告はより即時的な流行状況の評価が可能である。2025/26シーズンのようにA型流行後にB型流行へ移行した際には，A型既感染者に対しても再度の感染予防を呼びかける根拠となった。このように，迅速診断キットの型別報告は，医療従事者や県民への情報提供に有用と考えられた。

謝辞：感染症発生動向調査事業にご尽力賜ります，県内医療機関，富山市保健所，富山県各厚生センター，富山県健康対策室感染症・疾病対策課の各位に深謝いたします。

参考文献

1）湊山亜未ら，IASR 44: 64−66, 2023
2）富山県感染症情報センター，インフルエンザウイルス検出状況
https://www.pref.toyama.jp/1279/kansen/topics/influ/influ2526.html#c
3）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，急性呼吸器感染症サーベイランス週報
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/idss/target-diseases/acute-respiratory-infection/weekly-report/
4）Panatto D, *et al.*, Influenza Other Respir Viruses 12: 533−543, 2018
5）Mandelboim M, *et al.*, Int J Infect Dis 163: 108303, 2026
6）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，インフルエンザ抗体保有状況−2025年度速報第3報，2026年1月6日現在
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/nesvpd/rapid/influenza/2025-26/0120/
7）富山市保健所事業概要，令和7（2025）年度版〔令和6（2024）年度実績〕
https://www.city.toyama.lg.jp/_res/projects/default_project/_page_/001/016/133/r7hokenjyojigyougaiyou.pdf
8）Shimazawa K, *et al.*, CARF Working Paper, F-611, 2025
https://www.carf.e.u-tokyo.ac.jp/research/f611/
9）Noguchi S, *et al.*, Environ Health Prev Med 30: 41, 2025

富山県衛生研究所
高岡美紗　田村恒介　大島萌愛
髙橋　敏　早風郁美　神吉絹子
黒田真弘　嶌田嵩久　谷　英樹
笹島　仁　大石和徳

＜特集関連情報＞

2025/26シーズンに愛知県において検出されたインフルエンザウイルスの全ゲノム解析の活用

背景・目的

インフルエンザウイルス（FluV）は，遺伝子変異の蓄積にともなう宿主免疫からの逃避や薬剤耐性の獲得により感染制御を困難にする可能性があり，流行したFluVの型・亜型・系統の分布，抗原性の変化，遺伝

子変異等の性状の監視は公衆衛生において重要である。

FluVの性状の解析には血清学的試験，部分塩基配列解析，次世代シーケンサー（NGS）による全ゲノム解析，等が実施されており，これらの解析にはウイルス分離株の使用が標準的とされている[1]。一方で，臨床検体を用いて直接的にFluVの性状の解析が可能な場合，ウイルス分離株を用いる場合と比べて，迅速に結果を得ることができる。しかしながら，FluVの全ゲノム解析に必要な臨床検体のウイルス量の目安については，これまで明確には示されていない。

本調査では，2025/26シーズンに愛知県内の医療機関でインフルエンザ様疾患または急性呼吸器感染症（ARI）と診断された患者検体から，real-time RT-PCR法によりFluVを検出した338検体に対してFluVの薬剤耐性変異の検出を試みるとともに，real-time RT-PCR法の検出サイクル数（Ct値）と全ゲノム解析の成否の関係性について検討した。

検出状況・ウイルス分離

2025/26シーズンに検出したFluV 338件の内訳は，A/H1pdm09亜型が4件（1.2%），A/H3亜型が161件（47.6%），B/Victoria系統が173件（51.2%）であり，シーズン前半の2025年10〜12月はA/H3亜型が，シーズン後半の2026年1〜3月はB/Victoria系統が流行の主流となった。

また，MDCK細胞を用いてFluVの分離を試みた後，real-time RT-PCR法にてCt値≦20を示した検体数および割合（分離率）を確認した。その結果，FluV検出検体338件のうち，A/H1pdm09亜型で4株（分離率100%），A/H3亜型で151株（分離率93.8%），B/Victoria系統で156株（分離率90.2%）が分離された。また，Ct値とFluVの分離率の関係を検討したところ，Ct値≦30の検体の分離率は約98.6%（A/H1pdm09亜型100%，A/H3亜型97.9%，B/Victoria系統99.3%）であった。一方で，30＜Ct値≦35の検体の分離率は約70.3%（A/H3亜型60.0%，B/Victoria系統77.3%），35＜Ct値の検体の分離率は約36.8%（A/H3亜型50.0%，B/Victoria系統35.3%）であった（表1）。

検体中のウイルス量が全ゲノム解析に与える影響

Ct値と全ゲノム解析の関係を検討したところ，Ct値≦30を示した282検体のうち，解析に使用可能な全8遺伝子分節（PB2, PB1, PA, HA, NP, NA, MP, NS）の全ゲノムデータを取得できた検体の割合（全ゲノム解析成功率）は約86.9%（A/H1pdm09亜型100%，A/H3亜型97.2%，B/Victoria系統75.4%）であった（表2）。

A/H1pdm09亜型およびA/H3亜型を検出した検体を用いて直接的にFluVの全ゲノム解析を実施する場合，Ct値≦30を示す検体が使用の目安になると考えられた。

B/Victoria系統は全ゲノム解析成功率が低く，A/H1pdm09亜型およびA/H3亜型と同程度の全ゲノム解析成功率（約97.2%）を達成するにはCt値≦22を示す検体の使用が必要であった。B/Victoria系統は，ライブラリー調整にGC含量が高いマルチプレックスプライマー（GC含量60.5–75%）を用いるため，標準的なモノプレックスプライマー（GC含量47.8–54.5%）を用いるA/H1pdm09亜型およびA/H3亜型よりもPCRの増幅効率が悪くなり，全ゲノム解析成功率低下の一因となった可能性が考えられた。一方で，B/Victoria系統は臨床検体からの全ゲノム解析の成功率よりもウイルス分離率の方が高く，十分なウイルス量があれば，全ゲノム解析成功率は高水準であったことを踏まえると，B/Victoria系統の全ゲノム解析にはウイルス分離株の使用が有用であると考えられた。

薬剤耐性変異解析

ノイラミニダーゼ阻害剤（NAI）およびバロキサビルへの耐性変異について，インフルエンザ診断マニュアル[1]にしたがってNGSを用いて検索したところ，A/H1pdm09亜型においてNAIの耐性変異を2件（S247N：2件），A/H3亜型においてバロキサビルの耐性変異を3件（I38V：2件，I38T：1件），B/Victoria系統においてNAIの耐性変異を1件（D197N）検出した。これらの耐性変異は，いずれも県内で初めて検出した耐性変異であったが，散発的で県内での流行は確認されなかった。

地方衛生研究所等におけるNGSを用いたゲノム解析に関する検査技術の維持・人材育成には課題があるとされている[2]。加えて，ARI病原体サーベイランス

表1. Ct値とウイルス分離率の関係

		Ct≦30	30＜Ct≦35	Ct＞35	計
A/H1pdm09亜型	対象数	4	0	0	4
	分離数	4	0	0	4
	分離率	100%	–	–	100%
A/H3亜型	対象数	144	15	2	161
	分離数	141	9	1	151
	分離率	97.9%	60.0%	50.0%	93.8%
B/Victoria系統	対象数	134	22	17	173
	分離数	133	17	6	156
	分離率	99.3%	77.3%	35.3%	90.2%

表2. Ct値と全ゲノム解析結果の関係

		Ct≦30	30＜Ct≦35	Ct＞35	計
A/H1pdm09亜型	対象数	4	0	0	4
	成功数	4	0	0	4
	成功率	100%	–	–	100%
A/H3亜型	対象数	144	15	2	161
	成功数	140	9	1	150
	成功率	97.2%	60.0%	50.0%	93.2%
B/Victoria系統	対象数	134	22	17	173
	成功数	101	1	0	102
	成功率	75.4%	4.5%	0%	59.0%

開始後，新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の検出数の減少にともない，SARS-CoV-2のゲノム解析の実施機会は減少している。これらのことを踏まえて，当所ではこれらの課題を解決するための方策の１つとして，SARS-CoV-2のゲノム解析とあわせてFluVのゲノム解析を継続することで，FluVの性状把握だけではなく，当該検査技術の維持・人材育成にも役立てている。

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インフルエンザ・呼吸器系ウイルス研究センターら，インフルエンザ診断マニュアル（第６版），2025年９月
2）貞升健志ら，厚生労働行政推進調査事業費補助金健康安全・危機管理対策総合研究事業，地方衛生研究所におけるゲノム検査等に係る人員体制及び人材育成法を確立するための研究，令和６（2024）年度総括研究報告書
https://mhlw-grants.niph.go.jp/project/177932

愛知県衛生研究所
平山達也　神谷尚希　井田夏実
森杉優美　伊藤真子　廣瀬絵美
安井善宏

＜特集関連情報＞

2025年度感染症流行予測調査におけるインフルエンザ予防接種状況および抗体保有状況（2026年９月現在）

はじめに

感染症流行予測調査事業は，予防接種法に基づく事業であり，厚生労働省健康・生活衛生局感染症対策部感染症対策課を実施主体として，毎年度，感染症対策部長通知により，全国の都道府県と国立感染症研究所（現：国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所）が協力して実施している。本稿では，インフルエンザ流行前シーズンにおけるワクチン株に対するインフルエンザ予防接種状況とHI抗体保有状況の2025年度調査結果について報告する。

方　法

2025年度の感染症流行予測調査のうちインフルエンザ感受性調査は，15都道府県（北海道，茨城県，栃木県，群馬県，東京都，神奈川県，新潟県，福井県，山梨県，長野県，静岡県，三重県，京都府，愛媛県，高知県）で実施が計画された。対象は主に2025年７～９月（2025/26インフルエンザ流行シーズン前かつワクチン接種前）の期間に採取された血清（計画数：各都道府県当たり198検体，合計2,970検体）を用いて，各都道府県衛生研究所において赤血球凝集抑制試験（HI法）により測定が行われた[1)]。2025年度の調査株には，下記に示す2025/26シーズンのインフルエンザワクチン株に加え，B/山形系統のB/プーケット/3073/2013を用い，各インフルエンザウイルスの卵増殖株由来HA抗原を測定抗原とした。

2025/26シーズンのインフルエンザワクチン株[2)]

- A/ビクトリア/4897/2022［A(H1N1)pdm09亜型］
- A/パース/722/2024［A(H3N2）亜型］
- B/オーストリア/1359417/2021（B/ビクトリア系統）

予防接種歴調査は上記の15都道府県に宮城県，富山県，大阪府，山口県，福岡県を加えた20都道府県において，前シーズン（2024/25シーズン）における接種状況が調査された[1)]。

結　果

1. インフルエンザ抗体保有状況

調査対象者は3,465名で，年齢群別では，０～４歳288名，５～９歳203名，10～14歳244名，15～19歳281名，20～24歳255名，25～29歳336名，30～34歳338名，35～39歳266名，40～44歳184名，45～49歳231名，50～54歳243名，55～59歳228名，60～64歳176名，65～69歳85名，70歳以上107名であった。ただし，調査株によって測定人数は異なり，B/山形系統は3,309名，A(H3N2)亜型は3,463名，A(H1N1)pdm09亜型，B/ビクトリア系統は3,465名であった。抗体保有割合は，各調査株の測定人数を分母として算出した。本稿では感染リスクを50%に抑える目安と考えられているHI抗体価１：40以上[3)]の抗体保有割合について，2025年度の調査結果と過去４年度の状況を示す（https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/nesvpd/graph/2025/influenza/year/index.html）[4)]。

2025/26シーズンのワクチン株は，A(H1N1)pdm09亜型では３シーズン連続，B/ビクトリア系統では４シーズン連続して同一株が選定された。一方，A(H3N2）亜型は新しい株が選定された。B/山形系統は，2025/26シーズンよりインフルエンザワクチンの製造株として選定されなかったため，2025/26シーズンのワクチンは３系統による構成となった。本調査では，これらのワクチン株に加え，B/山形系統を含む４株のウイルスについて抗体保有状況を調査した。

A(H1N1)pdm09亜型に対する抗体保有割合：A(H1N1)pdm09亜型に対するHI抗体価１：40以上の抗体保有割合は，前年度調査と同様の傾向を示し，全年齢群で40%未満であった。15～19歳群および20～24歳群を除く年齢群では，前年度調査結果より抗体保有割合が高かった。

A(H3N2）亜型に対する抗体保有割合：A(H3N2）亜型は，５～９歳群から15～19歳群および35～39歳群から45～49歳群で40%前後と，他の年齢群と比較して高い抗体保有割合を示し，2024年度調査と同様の傾向であった。65歳以上の年齢群でも40%を上回り，他の年齢群と比較して高い抗体保有割合を示すとともに，前年度調査と比較しても高かった。

B/山形系統に対する抗体保有割合：B/山形系統は，過去4年度の調査結果とおおむね同様の傾向を示し，A型と比較して高い抗体保有割合を示した。年齢群別では，30〜34歳群および35〜39歳群（いずれも67%）と55〜59歳群（50%）に二峰性のピークを認めた。一方，34歳以下の年齢群では，過去4年度の調査結果と比較して，2025年度の抗体保有割合が最も低かった。

B/ビクトリア系統に対する抗体保有割合：B/ビクトリア系統は前年度調査とおおむね同様の傾向を示した。抗体保有割合は60〜64歳群で最も高く，42%であった。一方，50〜54歳以下の各年齢群では，いずれも30%未満であった。

2. 2024/25シーズンにおけるインフルエンザ予防接種状況（https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/nesvpd/graph/2025/influenza/vaccine/index.html）[5]

感受性調査を実施した15都道府県に宮城県，富山県，大阪府，山口県，福岡県を加えた20都道府県において，前シーズン（2024/25シーズン）における接種状況が調査され，4,758名の予防接種歴が得られた。各調査対象年齢群で12–43%程度の接種歴不明者が確認された。前シーズンのワクチン接種者の割合は，接種歴不明者を含む全体で34%であった。年齢・年齢群別では，1歳児で20%（133名中26名），2〜12歳で37%（791名中289名，各年齢25〜48%），13〜64歳で34%（3,557名中1,210名，各年齢・年齢群20〜50%），65歳以上で43%（191名中83名）であった。2回接種が推奨されている生後6か月〜13歳未満の年齢群では，接種者の70%（315名中222名）が2回接種者であった。1歳未満児では，未接種または接種歴不明のみであった。

まとめと考察

インフルエンザワクチンは，2001年から65歳以上の高齢者等*を対象に定期接種（毎シーズン1回）が実施されている。また，生後6か月から任意接種として接種が可能で，13歳未満の小児においては2〜4週間の間隔をおいて毎シーズン2回の接種が推奨されている。

予防接種歴調査の結果，1回以上接種者の割合は，接種歴不明者を含む全体の34%であり，30%以上のワクチン接種率の年齢・年齢群は，2〜9歳，11〜15歳および30〜34歳年齢群以上の各年齢群で他の年齢・年齢群と比較して高い傾向を示した。この年齢分布は，過去の調査結果とおおむね同様であった。インフルエンザ抗体保有割合は，亜型・系統によってピークを示す年齢群が異なっていたが，全体として前年度調査とおおむね同様の傾向を示した。A(H1N1)pdm09亜型では，引き続き全年齢群で抗体保有割合が低かったものの，多くの年齢群で前年度調査よりわずかに高かった。A(H3N2)亜型では，多くの年齢群で前年度調査と同様の傾向を示したが，65歳以上では前年度調査と比較して高い抗体保有割合を示した。B/ビクトリア系統では，50〜54歳以下の各年齢群で低く，55歳以上の年齢群で高い傾向を示した。B/山形系統では，おおむね過去の調査と同様の傾向を示したものの，小児および若年層では過去の調査と比較して低い傾向がみられた。一方，全体としてはA型およびB/ビクトリア系統と比較して高い抗体保有割合を示した。

インフルエンザ病原体サーベイランスを基にした分離状況によると，感染症流行予測調査を行った直前のシーズン（2024/25シーズン）のインフルエンザウイルスの分離・検出報告数は，2023/24シーズンから続いて報告されていたA(H1N1)pdm09亜型が，2024年第50週をピークに主に検出され，2025年第7週以降ではA(H3N2)亜型やB/ビクトリア系統が主に報告された[6]。

謝辞：本調査にご協力いただいた都道府県，保健所，医療機関等，関係者皆様に深謝いたします。

*(1) 65歳以上の者，および (2) 60歳以上65歳未満の者であって，心臓，腎臓または呼吸器の機能に自己の身辺の日常生活活動が極度に制限される程度の障害を有する者およびヒト免疫不全ウイルスにより免疫の機能に日常生活がほとんど不可能な程度の障害を有する者

参考文献

1）厚生労働省健康・生活衛生局感染症対策部感染症対策課，令和7（2025）年度感染症流行予測調査実施要領
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/nesvpd/procedure/2025-99_2.pdf
2）長谷川秀樹，渡邉真治，IASR 46: 224–226, 2025
3）Hannoun C, *et al.*, Virus Res 103: 133–138, 2004
4）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，インフルエンザ抗体保有状況の年度比較2025
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/nesvpd/graph/2025/influenza/year/index.html
5）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，インフルエンザ予防接種状況2025
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/nesvpd/graph/2025/influenza/vaccine/index.html
6）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，週別インフルエンザウイルス分離・検出報告数，2024/25シーズン（2025年第35週まで）
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/data/reported-number-of-influenza-virus-isolation-and-detections/archive/2024-25/1925inf250911.gif

2025年度インフルエンザ感受性調査・予防接種歴調査実施都道府県
北海道立衛生研究所　三津橋和也
宮城県保健環境センター
沖田若菜　大槻りつ子
茨城県衛生研究所　大久保朝香　本谷　匠
栃木県保健環境センター　赤松玲子
群馬県衛生環境研究所　須永　蒔

東京都健康安全研究センター
根岸あかね　黒木絢士郎　浅倉弘幸
三宅啓文
神奈川県衛生研究所
荒木美緒　佐野志絵　渡邉寿美
新潟県保健環境科学研究所
政二香理　昆　美也子
富山県衛生研究所
谷口咲羅　嶌田嵩久　谷　英樹
福井県衛生環境研究センター
野田拓史　坂井伸成　小和田和誠
山梨県衛生環境研究所　大沼正行　土屋邦男
長野県環境保全研究所　二本松　萌　橋井真実
静岡県環境衛生科学研究所
斉藤今日香　矢野滋久
三重県保健環境研究所　矢野拓弥
京都府保健環境研究所　田邉義浩
大阪健康安全基盤研究所　阿部仁一郎
山口県環境保健センター　安本早織
愛媛県立衛生環境研究所
吉田紗弥子　松本純子
高知県衛生環境研究所　北添詩乃　下元かおり
福岡県保健環境研究所　濱崎光宏
国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所
インフルエンザ研究センター
渡邉真治　長谷川秀樹
予防接種研究部
林　愛　新井　智　鈴木　基　高梨さやか

＜特集関連情報＞

小児インフルエンザワクチンの効果（2025/26シーズン）～入院した発熱患者を対象に，不活化・経鼻生ワクチンともA型に有効～

背　景

新型コロナウイルス感染症（COVID-19）パンデミック中に患者報告数は大きく減少したインフルエンザは，国内では2022/23シーズン以降再び流行している。2023/24シーズンにはA(H1N1)pdm09，A(H3N2)，B型，2024/25シーズンは主にA(H1N1)pdm09が流行した。2025/26シーズンは早期からA(H3N2)が流行し，2025年11～12月には検出ウイルスの95%以上を占め，その後2026年2月以降にB型が増加した。

方　法

われわれは2013/14シーズンから，小児のインフルエンザワクチンの接種状況と有効性を継続して調査している[1]。2025/26シーズン[2]は関東16病院で，各施設の初発例確認時から2026年3月15日まで調査した。対象は38℃以上の発熱があり，インフルエンザ検査を受けて入院した生後6か月～15歳の小児とした。入院時に38℃以上の発熱を認めた小児を全例インフルエンザ検査する施設を参加施設とし，発熱入院患者を網羅的に登録し，検査対象の選択によるバイアスをできるだけ回避した。診断にはPCR等の核酸増幅検査または迅速抗原検査を用い，接種歴は保護者からの聴取，母子健康手帳等で確認した。受診前に抗インフルエンザ薬を投与されていた児などは除外した。

ワクチン効果はtest-negative designを用い，検査陽性の入院児を症例，陰性の入院児を対照として，性別，年齢，基礎疾患，地域，発症月，診断方法で調整したオッズ比から算出した。従来の不活化ワクチンに加え，国内導入2シーズン目となった2～18歳対象の経鼻弱毒生ワクチンについても個別に評価した。

結果・考察[2]

16病院で1,082例が登録され，接種時期・接種歴が評価できない例，検査後に入院しなかった例など49例を除く1,033例を解析した。A陽性236例，B陽性74例，陰性723例で，A型は2025年11月を中心に，B型は2026年2月以降に増加した。陰性例のインフルエンザワクチン接種率は，不活化ワクチン38%（274/723），経鼻生ワクチン5%（35/723），合計43%であった。前シーズンの41%から大きな増加はなかったが，経鼻生ワクチンは1%から5%へ増加した。小児の接種率はCOVID-19パンデミック前[3]より低い状況が続いている。

A型に対する予防効果は，不活化ワクチン43%〔95%信頼区間（95%CI）：15-62%〕（次ページ表1），経鼻生ワクチン81%（95%CI：15-96%）（次ページ表2）で，いずれも有意であった。不活化ワクチンでは，3～5歳で69%の有意な効果を認めた。経鼻生ワクチン接種者のA型陽性は2例のみで，信頼区間も広く，不活化ワクチンとの直接比較でもA型陽性となるオッズは低かったが（調整オッズ比0.39，95%CI：0.10-1.57），有意差はなかった。国内で解析されたA(H3N2)の98%はサブクレードKであった。ワクチン株とは遺伝学的に異なるウイルスの流行下でも，両ワクチンともA型に有効であった。一方，不活化ワクチンではシーズン後半に効果が低下する傾向がみられ，流行株との遺伝学的な違いや接種後の時間経過などが影響した可能性がある。

B型に対する調整後ワクチン効果は，不活化ワクチン25%（95%CI：－33-58%）（次ページ表1），経鼻生ワクチン－8%（－244-66%）（次ページ表2）で，いずれも有意ではなかった。B型はシーズン後半に流行し，国内解析株の85%以上がワクチン株が属するサブクレードC.5とは異なるサブクレードC.3.3またはC.3.1に属していた。国内分離株の54.9%ではワクチン株と8倍以上の抗原性の差が報告されており，流行時期や抗原性の違いが影響した可能性がある。

本調査では，経鼻生ワクチン導入2シーズン目に，両ワクチンの有効性を同一シーズン，同一デザインで個

表1. 2025/26シーズン，発熱を有する小児入院患者を対象とした，不活化インフルエンザワクチンの効果[2)]

	因子	年齢	対象患者数	ワクチン接種率*		ワクチン効果**（95%信頼区間）
				陽性者	陰性者	
A型	全小児	6か月～15歳	922	19%（45/234）	40%（274/688）	43%（15-62%）
	年齢別	6～11か月	96	17%（1/6）	26%（23/90）	30%（−646-93%）
		1～2歳	346	30%（21/70）	50%（139/276）	44%（−6-70%）
		6か月～2歳	442	29%（22/76）	44%（162/366）	32%（−21-62%）
		3～5歳	222	11%（7/64）	39%（62/158）	69%（19-88%）
		6～12歳	213	17%（14/83）	36%（47/130）	54%（−8-80%）
		13～15歳	45	18%（2/11）	9%（3/34）	–
	基礎疾患	なし	743	19%（37/194）	38%（211/549）	44%（11-64%）
		あり	179	20%（8/40）	45%（63/139）	40%（−67-79%）
	神経系基礎疾患	なし	875	19%（43/221）	39%（258/654）	43%（13-62%）
		あり	35	11%（1/9）	50%（13/26）	4%（−4,248-98%）
	呼吸器系基礎疾患	なし	822	19%（40/211）	39%（238/611）	44%（13-64%）
		あり	86	21%（4/19）	48%（32/67）	57%（−93-90%）
B型		6か月～15歳	758	33%（23/70）	40%（274/688）	25%（−33-58%）

＊他方のワクチン接種者を除外して解析した
＊＊性別、地域の他、項目により年齢、基礎疾患、時期等で補正したオッズ比から算出した

表2. 2025/26シーズン，発熱を有する小児入院患者を対象とした，経鼻生インフルエンザワクチンの効果

	因子	年齢	対象患者数	ワクチン接種率*		ワクチン効果**（95%信頼区間）
				陽性者	陰性者	
A型	全小児	6か月～15歳	640	1%（2/191）	8%（35/449）	81%（15-96%）
	年齢別	6～11か月	72	0%（0/5）	0%（0/67）	NA
		1～2歳	195	0%（0/49）	6%（9/146）	NA
		6か月～2歳	267	0%（0/54）	4%（9/213）	NA
		3～5歳	167	0%（0/57）	13%（14/110）	NA
		6～12歳	164	3%（2/71）	11%（10/93）	57%（−228-94%）
		13～15歳	42	0%（0/9）	6%（2/33）	NA
	基礎疾患	なし	528	1%（2/159）	8%（31/369）	80%（8-96%）
		あり	112	0%（0/32）	5%（4/80）	NA
	神経系基礎疾患	なし	611	1%（2/180）	8%（35/431）	81%（15-96%）
		あり	21	0%（0/8）	0%（0/13）	NA
	呼吸器系基礎疾患	なし	578	1%（2/173）	8%（32/405）	81%（11-96%）
		あり	53	0%（0/15）	8%（3/38）	NA
B型		6か月～15歳	500	8%（4/51）	8%（35/449）	−8%（−244-66%）

＊他方のワクチン接種者を除外して解析した
＊＊性別、地域の他、項目により年齢、基礎疾患、時期等で補正したオッズ比から算出した

別に評価できた。一方，経鼻生ワクチン接種者が少ないこと，外来患者を対象としていないこと，ICU入室や人工呼吸管理などの重症度を系統的に収集していないこと，などの限界がある。ワクチン効果は流行株，流行時期，年齢などによって変動するため，今後も両ワクチンの接種率と有効性を継続して評価する必要がある。

参考文献

1）Shinjoh M, *et al.*, PLoS ONE 10: e0136539, 2015
2）Shinjoh M, *et al.*, Vaccine 88: 128869, 2026
3）Shinjoh M, *et al.*, Vaccine 40: 3018−3026, 2022

防衛医科大学校病院
医療安全・感染対策部感染対策室
新庄正宜
慶應義塾大学医学部小児科学教室
新庄正宜　古市宗弘　八木沼瑞紀
鳴海覚志
横浜市立市民病院小児科
杉本龍之介
国立健康危機管理研究機構
国立国際医療研究所
川上千春　河岡義裕
東京大学国際高等研究所／
新世代感染症センター
川上千春　岩附研子　河岡義裕
さいたま市立病院小児科
阿部清美
SUBARU健康保険組合太田記念病院小児科
草野知江子
東京都立大塚病院小児科
大坪玄武　井瀧　亮　千賀達子
けいゆう病院小児科
津村由紀
国立病院機構埼玉病院小児科
手塚舞花
川崎市立川崎病院小児科

楢林　敦　亀井聡信
国立病院機構東京医療センター小児科
前田直則
足利赤十字病院小児科
柴田映道
静岡市立清水病院小児科
西田光宏
佐野厚生総合病院小児科
吉田　真
日野市立病院小児科
常松健一郎
平塚市民病院小児科
山田　剛
国立病院機構栃木医療センター
臨床研究部・感染アレルギー科
山口禎夫
国際医療福祉大学市川総合病院小児科
福島裕之
クリニックばんびぃに
時田章史
東京大学医科学研究所ウイルス感染部門
岩附研子　河岡義裕
University of Wisconsin-Madison,
Influenza Research Institute
河岡義裕
Keio Pediatric Influenza Research Group
菅谷憲夫

＜特集関連情報＞

令和 8（2026）年度インフルエンザワクチン用製造株とその推奨理由

1. ワクチン株決定の手続き

わが国におけるインフルエンザワクチン製造株は，厚生労働省（厚労省）健康・生活衛生局感染症対策部予防接種課の依頼に応じて，2 月中旬～ 4 月上旬にかけて 3－4 回に分けて国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所（感染研）で開催される『インフルエンザワクチン株選定のための検討会議』で検討され推奨株候補を決定する。その結果を『厚生科学審議会予防接種・ワクチン分科会 研究開発及び生産・流通部会 季節性インフルエンザワクチン及び新型コロナワクチンの製造株について検討する小委員会（小委員会）』へ報告し，同小委員会において審議され決定される。その結果は厚労省健康・生活衛生局感染症対策部長へ報告され，感染症対策部長から決定通知が交付される。

本稿に記載したウイルス株分析情報は，ワクチン株が選定された 2026 年 3 月時点での集計成績に基づいており，それ以後の最新の分析情報を含むシーズン全期間（2025 年 9 月～2026 年 8 月）での成績は，総括記事「2025/26 シーズンのインフルエンザ分離株の解析」（本号 4 ページ）を参照されたい。

2. ワクチン株について

2025/26 シーズンの世界的なインフルエンザの流行では，A/H1pdm09，A/H3 および B 型（ビクトリア系統のみ）がそれぞれ検出され，その割合は国・地域により異なっていたが，全体として A/H3 亜型が主流となった国が多かった。南半球においては，例年この時期は，インフルエンザの検出数は減少傾向にあるが，A/H3 亜型の抗原変異株（サブクレード K）の出現により，一時的な増加が認められた。世界的には，A/H3 亜型が減少したあとは，B/ ビクトリア系統の報告数が増加した。

日本における流行は，2025 年第 39 週に流行入りの目安となる定点当たり報告数が 1.0 を超え（2024/25 シーズンは第 44 週），第 47 週でピーク（51.12）となり（2024/25 シーズンは第 52 週），例年より早い流行となった。第 48 週以降は速やかに減少したが，2026 年の年明け以降に再び増加し，2026 年第 6 週に 2 度目のピーク（43.34）を記録した。インフルエンザウイルスの分離・検出報告は，流行前半は A/H3 亜型が，後半は B/ ビクトリア系統のウイルスの報告が多かった。

感染研では，世界保健機関（WHO）ワクチン推奨株選定会議（2026 年 2 月 23～26 日）で議論された流行株の解析成績，令和 7（2025）年度（2025/26 シーズン）ワクチン接種後のヒト血清と流行株との反応性およびワクチン製造候補株の製造効率などを総合的に評価し，令和 8（2026）年度（2026/27 シーズン）のインフルエンザワクチン製造候補株を小委員会へ推奨した。

なお，世界的に B/ 山形系統ウイルスの検出報告がないため，WHO の推奨も 3 価としており，日本でも昨年度に続き，令和 8 年度のインフルエンザワクチンは 3 価とすることとなった。以下に示す A 型 2 株および B 型 1 株が選定され，推奨された。

A 型株

A/ スイス /6849/2025（IVR-278）（H1N1）pdm09
A/ ミシガン /105/2025（SAN-049A）（H3N2）

B 型株

B/ 東京 /EIS13-175/2025（B/ ビクトリア系統）

3. ワクチン株選定理由

3-1. A（H1N1）pdm09 亜型：A/ スイス /6849/2025（IVR-278）

A(H1N1)pdm09 亜型ウイルスは，赤血球凝集素（HA）遺伝子系統樹上，2025 年 9 月以降，サブクレード D.3.1，D.3.1.1，C.1.9.3 などが報告されていたが，D.3.1 および D.3.1.1 の検出が多かった。時間が進むにつれ，D.3.1.1 のウイルスが優勢になった。国内では A(H1N1)pdm09 の報告数は少なかったが，D.3.1 の検出が多かった。入国時感染症ゲノムサーベイランスでは，D.3.1 および

D.3.1.1が多く検出された。

フェレット感染血清を用いた抗原性解析では，2026シーズンの南半球の推奨株は，2025/26シーズンの北半球の推奨株から変更になっているため，2026シーズンの南半球の推奨株（細胞分離も鶏卵分離もA/ミズーリ/11/2025，サブクレードD.3.1）類似株に対するフェレット感染血清と流行株の反応性が調べられた。その結果，血清は流行株とよく反応した。また，A/ビクトリア/4897/2022類似株（サブクレードD）を含む2025/26シーズンのワクチンを受けたヒト（小児，成人，高齢者）の血清と流行株の反応性も調べられた。細胞分離のA/ウィスコンシン/67/2025類似株との反応性（幾何平均値：GMT）と比較した場合，ワクチン後のヒト血清は流行株（C.1.9.3，D.3.1およびD.3.1.1）とよく反応した。

以上より，D.3.1あるいはD.3.1.1の流行が大きいこと，2026シーズンの南半球用のワクチン推奨株がA/ミズーリ/11/2025類似株（サブクレードD.3.1）へ変更されていること，さらにこれらのフェレット感染血清は流行株との反応性が良いことから，WHOは2026/27シーズンの北半球用の鶏卵培養ワクチン推奨株としてA/ミズーリ/11/2025類似株を推奨した。

感染研では，国内のA（H1N1）pdm09亜型ワクチン製造候補株として，D.3.1に属する高増殖株A/スイス/6849/2025（IVR-278）およびA/ミズーリ/11/2025（IVR-279）を国内のワクチン製造所3社に分与した。各製造所において，増殖性（感染価測定），ショ糖クッション法によるウイルス蛋白質収量，ならびにエーテル処理によるスプリット工程およびろ過工程まで行った生産性が評価された。

増殖性については，IVR-278株およびIVR-279株ともに感染価は10^8EID50（50%卵感染価）/0.2 mL以上であった。ウイルス蛋白質収量については，2025/26シーズン国内ワクチン製造株であるA/ビクトリア/4897/2022（IVR-238）株と比較したところ，それぞれ候補株の3社平均値はIVR-278株で104%，IVR-279株で103%であった。継代による抗原性の乖離は認められなかった。また，生産性評価については，A/ビクトリア/4897/2022（IVR-238）株と比較したところ，3社平均値はIVR-278株で130%（106%，163%，121%），IVR-279株で101%（74%，127%，102%）であった。以上の結果から，いずれの株もワクチン製造に適していることが示された。

以上より，ワクチン株検討会議では，令和8年度のA（H1N1）pdm09亜型ウイルスのワクチン株として，良好な生産性を示したA/スイス/6849/2025（IVR-278）を推奨した。

3-2. A（H3N2）亜型：A/ミシガン/105/2025（SAN-049A）（H3N2）

A（H3N2）亜型ウイルスは，HA遺伝子系統樹上，2025年9月以降，サブクレードKのウイルスが大変多く検出された。それ以外にもサブクレードJ.2.2，J.2.3あるいはJ.2.4のウイルスも検出された。遺伝子情報を登録した国でのサブクレードの割合については，多くの国でKのウイルスが優勢であった。一方で，J.2.3のウイルスは中南米で，J.2.4のウイルスはアフリカの一部および南アジア・東南アジアの一部で検出の割合が高かった。

フェレット感染血清を用いた抗原性解析では，2025/26シーズンのワクチン推奨株であるA/ディストリクト オブ コロンビア/27/2023（細胞培養ワクチン）類似株およびA/クロアチア/10136RV/2023（鶏卵培養ワクチン）類似株（ともにサブクレードJ.2）に対する血清は，流行株との反応性が低下していた。一方で，2026シーズン南半球用ワクチン推奨株であるA/シドニー/1359/2024（細胞培養ワクチン）（サブクレードJ.2.4）類似株に対する血清は流行株とよく反応した。A/シンガポール/GP20238/2024（鶏卵培養ワクチン）類似株に対する血清との反応性はやや低下が見られたが，A/クロアチア/10136RV/2023（鶏卵培養ワクチン）類似株に対する血清との反応性と比較すると，良好な反応性を示した。また，サブクレードKの細胞分離株および鶏卵分離株に対する血清は，同クレードのウイルスと非常によく反応した。また，A/クロアチア/10136RV/2023類似株（J.2に属する）を含む2025/26シーズンワクチンを接種したヒト（小児，成人，高齢者）の血清を用いた血清学的試験では，細胞分離のA/ディストリクト オブ コロンビア/27/2023類似株に対する反応性（GMT）と比較した場合，サブクレードJ.2.3およびKのウイルスとの反応性は低下した。一方で，J.2.4のウイルスとはよく反応した。

以上より，多くの地域でサブクレードKのウイルスの検出割合が高いこと，Kのウイルスに対するフェレット感染血清はKのウイルスと非常に良く反応していること，2025/26シーズンのワクチンを受けたヒトの血清はKのウイルスとの反応性がよくないことから，WHOは，2026/27シーズンの北半球用の鶏卵培養ワクチン推奨株としてサブクレードKに属するA/ダーウィン/1454/2025類似株を推奨した。

感染研では，国内のA（H3N2）亜型ワクチン製造候補株として，サブクレードKに属する高増殖株A/ダーウィン/1454/2025（IVR-283），A/ダーウィン/1499/2025（IVR-284），A/ミシガン/105/2025（IVR-285）およびA/ミシガン/105/2025（SAN-049A）を国内のワクチン製造所3社に分与した。増殖性については，いずれの候補株も感染価は$10^{7.9}$EID50（50%卵感染価）/0.2 mL以上であった。ウイルス蛋白質収量については，2025/26シーズン国内ワクチン製造株であるA/パース/762/2024（IVR-262）株と比較したところ，それぞれ候補株の3社平均値は，IVR-283株で100%，IVR-284株で85%，IVR-285株で102%，SAN-049A株で99%で

あった。ウイルス蛋白質収量の良好であったIVR-283, IVR-285およびSAN-049Aについて継代による抗原性の変化を調べたところ，1社においてIVR-283およびIVR-285に抗原性の変化が認められた。生産性評価については，A/パース/762/2024（IVR-262）株と比較したところ，それぞれ候補株の3社平均値は，IVR-283株で92%（98%，81%，97%），IVR-285株で118%（118%，106%，130%），SAN-049A株で111%（112%，105%，115%）であった。

以上より，生産性評価において，IVR-283, IVR-285およびSAN-049Aはいずれも良好な成績を示したが，SAN-049Aのみ継代による抗原性の変化が認められなかったことから，ワクチン株検討会議では，令和8年度のA（H3N2）亜型ウイルスのワクチン株としてA/ミシガン/105/2025（SAN-049A）を推奨した。

3-3. B/ビクトリア系統：B/東京/EIS13-175/2025

B/ビクトリア系統のウイルスは，HA遺伝子系統樹上，2025年9月以降も，9月以前から引き続きサブクレードC.5.xのグループ（C.5.1，C.5.6，C.5.6.1あるいはC.5.7）が検出された。また，C.3およびC.3.1のウイルスも検出された。C.3ウイルスは以前から検出されていたが，最近のウイルスは，HAの頭頂部分に糖鎖付加をともなう変異（197番目のアミノ酸）を持っているのが特徴である。同様に，C.3.1のウイルスも197番目に変異を持っている。一方で，C.5.xのウイルスも同じ部位に変異を持つが，糖鎖が付加される変異ではない。遺伝子情報を登録した国でのサブクレードの割合については，アジアから欧州にかけてC.5.6あるいはC.5.6.1のウイルスの報告が多く，東南アジアの一部や西アフリカでC.5.7の報告が比較的多かった。一方で，C.3.1のウイルスの報告は米国で多かったのに対し，C.3（2026年9月現在C.3.3となっているため，以降はC.3.3と記載）のウイルスは日本および韓国からの報告が多かった。

フェレット感染血清を用いた抗原性解析では，試験機関によって得られた結果が違っていた。C.5.xのウイルスが主な試験株であった場合には，2025/26シーズンの細胞培養および鶏卵培養ワクチン推奨株であるB/オーストリア/1359417/2021類似株に対する血清との反応性はよかった。一方で，米国あるいは日本ではC.3.1あるいはC.3.3のウイルスの流行が大きく，B/オーストリア/1359417/2021類似株に対する血清とこれらのウイルスとの反応性は良くなかった。これは，C.3.1およびC.3.3のウイルスのHA分子の頭頂部への糖鎖付加により抗体の反応性が低下したためと考えられた。細胞分離のC.3.1ウイルスに対する血清は，C.5.xウイルスだけでなく，C.3.1およびC.3.3ウイルスに対しても良く反応した。一方で，鶏卵分離のC.3.1ウイルスに対する血清は，C.5.xのウイルスとの反応性は良かったが，C.3.1あるいはC.3.3のウイルスとの反応性は良くなかった。これは，C.3.1ウイルスを鶏卵で分離・増殖させると，HA分子の頭頂部分の糖鎖が脱落する変異を持つウイルスが効率よく増えてしまい，そのウイルスに対する血清は，糖鎖を持つウイルス（すなわちC.3.1およびC.3.3ウイルス）との反応性が低下したと考えられた。また，B/オーストリア/1359417/2021類似株（サブクレードC）を含む2025/26シーズンワクチンを接種したヒト（小児，成人，高齢者）の血清を用いた血清学的試験では，細胞分離のB/オーストリア/1359417/2021類似株との反応性（GMT）と比較した場合，C.5.xのウイルスとはよく反応したが，C.3.1およびC.3.3のウイルスとの反応性は良くなかった。

以上より，多くの地域ではないがC.3.1あるいはC.3.3のウイルスが増えてきていること，2025/26シーズンのワクチン推奨株B/オーストリア/1359417/2021類似株に対するフェレット感染血清は，これらのウイルスとの反応性が良くないこと，C.3.1のウイルスに対する血清（特に細胞分離ウイルスに対する血清）はサブクレードにかかわらず反応性が良いこと，および2025/26シーズンのワクチンを受けたヒトの血清はC.3.1およびC.3.3のウイルスとの反応性がよくないことから，WHOは，2026/27シーズンの北半球用の鶏卵培養ワクチン推奨株としてサブクレードC.3.1のB/東京/EIS13-175/2025類似株を推奨した。

感染研では国内のB/ビクトリア系統ワクチン製造候補株として，サブクレードC.3.1に属するB/東京/EIS13-175/2025，B/東京/EIS13-011/2025およびB/パース/115/2025を国内のワクチン製造所3社に分与した。増殖性については，B/東京/EIS13-175/2025の感染価は10^8EID50（50%卵感染価）/0.2 mL以上であった。B/東京/EIS13-011/2025については10^8EID50に近い値を示したが，B/パース/115/2025については10^6EID50程度と低かった。ウイルス蛋白質収量については，2025/26シーズン国内ワクチン製造株であるB/オーストリア/1359417/2021（BVR-26）株と比較したところ，それぞれ候補株の3社平均値は，B/東京/EIS13-175/2025株で90%，B/東京/EIS13-011/2025株で74%，B/パース/115/2025株で48%であった。これらの成績から，継代による抗原性の変化と生産性の評価は，B/東京/EIS13-175/2025についてのみ実施された。継代による抗原性の変化は認められなかった。生産性評価については，B/オーストリア/1359417/2021（BVR-26）株と比較したところ，3社平均値は80%（70%，90%，78%）であり，ワクチン製造株として適性があると評価された。

以上より，製造候補株のうち，B/東京/EIS13-175/2025が増殖性，収量，生産性および抗原性に問題が認められないことから，ワクチン株検討会議では，令和8年度のB/ビクトリア系統ウイルスのワクチン株としてB/東京/EIS13-175/2025を推奨した。

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
インフルエンザ研究センター
長谷川秀樹　渡邉真治

＜特集関連情報＞

鳥・ブタインフルエンザウイルスのヒト感染事例の状況について

鳥インフルエンザウイルス

A/H5ウイルス

2025年9月以降，家禽・野鳥・愛玩鳥等でのA/H5ウイルス（N1，N2，N5，N6，N8，N9 NA亜型，NA亜型不明も含む）による高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の発生が欧州，アフリカ，アジア，南北アメリカで引き続き報告された[1]。また，オセアニアで初となるH5N1亜型HPAIの発生が野鳥で報告され[2]，これによりすべての大陸で発生が認められたことになる。NA亜型別ではN1が欧州36カ国／地域，アフリカ6カ国，アジア15カ国／地域，南北アメリカ12カ国，オセアニア3カ国／地域で，N2が欧州2カ国，N5が欧州5カ国，日本，カナダで，N6がポルトガル，韓国，カナダで，N8がフィリピンで，N9が韓国でそれぞれ検出されている（2026年9月23日時点）[1]。このうちヒト感染が報告されたのはN1，N2，N5，N6である（2026年9月6日時点）[3]。

A(H5N1）ウイルスのヒト感染は，カンボジアで2025年9～11月に1例ずつ，2026年2月に1例，3月に2例，4月に1例，6月に1例，バングラディッシュで2026年1月に1例，3月に1例，5月に1例，8月に1例，インドで2026年3月に1例報告されている〔2026年9月6日までに世界保健機関（WHO）に報告された事例に限る〕[3]。A(H5N2）ウイルスは2025年9月にメキシコで，A(H5N5）ウイルスは2025年10月に米国で，A(H5N6）ウイルスは2026年4月に中国で，それぞれヒト感染が1例ずつ報告されている。

日本では2025年10月～2026年5月に，A/H5ウイルスによるHPAIが家禽で24事例（16道府県），野鳥・環境試料で171事例（16道県）が確認された[1]（詳細は本号23ページを参照）。

ヒトを除く哺乳類（野生種および家畜を含む）でのA(H5N1）ウイルス感染は，2025年7月までに74種で報告されている[4]。このうち24種は2024年3月～2025年7月にかけて新たに確認されたものであり，クレード2.3.4.4bの感染拡大にともない影響をうける哺乳類の種数および感染症例数は急速に増加している。なお，日本では2025/26シーズンに北海道でタヌキ2例，テン1例，アライグマ2例，キツネ1例の感染が確認されているが[5]，国内でのヒトへの感染例は報告されていない（詳細は本号24ページを参照）。

A/H7ウイルス

2013年3月に世界初の低病原性A(H7N9）鳥インフルエンザウイルスのヒト感染が中国で報告され，流行の第5波（2016年10月～2017年9月）以降には，家禽に高病原性を示すようになったHPAI A(H7N9）ウイルスのヒト感染も報告された。2013年以降で1,568例のヒト感染，616例の死亡が確認されたが，家禽へのワクチン接種開始による鳥インフルエンザ発生数の減少にともない，2017年9月以降のヒト感染例数は激減した[6]。2019年3月に中国内モンゴル自治区での感染を最後に，新たなヒト感染例の報告はない（2026年9月28日時点）[7]。

その他のA/H7ウイルスについては2025年9月以降，家禽・野鳥・愛玩鳥等でのA(H7N3）ウイルスによるHPAIがメキシコで報告されている（2026年9月23日時点）[1]。また，2026年3月に低病原性A(H7N7）ウイルスによるヒト感染が台湾で1例報告された[8]。

A/H9ウイルス

2025年9月以降，A(H9N2）ウイルスのヒト感染は，中国で2025年9月に2例，11月に4例，12月に7例，2026年1月に2例，2月に2例，3月に2例，4月に3例，5月に3例，6月に5例，7月に5例，8月に3例報告されている。多くは軽症例であったが，一部重度の肺炎例もあった（2026年9月6日までにWHOに報告された事例に限る）[3]。また，2026年1月にイタリアで，セネガルから帰国した成人男性においてヨーロッパで初となるA(H9N2）ウイルスの輸入症例が確認された[3]。

A/H9ウイルスは，過去にもエジプト，バングラデシュ，インド，セネガル，オマーン，カンボジアでヒト感染例の報告があり，1998年以降のヒト感染は200例以上となったが，死亡例は2例のみであった[3, 9]。A/H9ウイルスは，現在もアジア，アフリカを中心に家禽の間での流行が確認されている。

その他の亜型ウイルス

2025年12月に，中国広東省で1例のA(H10N3）ウイルスによるヒト感染が報告された[3]。患者は発症前に家禽に接触歴があることが判明している。A(H10N3）ウイルスによるヒト感染は，中国で計7例となったが，ヒト－ヒト感染は確認されていない。

世界各地の家禽や野鳥からは様々な亜型の鳥インフルエンザウイルスが検出され，ウイルス流行地域の拡大にともない，ヒトとの接触による感染リスクも高まるため，引き続きこれらのウイルスを注視していく必要がある。

ブタインフルエンザウイルス

2025～2026年にかけて，ドイツ，スペイン，中国でA(H1N1)vウイルス，米国と中国でA(H1N2)vウイルス，ブラジルでA(H3N2)vウイルスのヒト感染が報告されている（2026年9月6日時点）[3, 10, 11]。なお，ヒト感染したブタインフルエンザウイルス（IAV-S）は

“variant（v）virus”と総称され，亜型の後ろにvが追記される。

日本のブタでは，2009年以降にヒトからブタに再侵入したA(H1N1)pdm09ウイルス，A(H1N1)pdm09ウイルスと遺伝子再集合したA(H1N2) ウイルス，A(H3N2) ウイルスなどが現在も流行している[12, 13]（詳細は，本号27ページを参照）。2019年にはA(H1N1)pdm09ウイルスのブタ－ヒト間の感染を疑う事例も確認され[14]，引き続きIAV-Sを注視していく必要がある。

参考文献

1）農林水産省，鳥インフルエンザに関する情報（アクセス日：2026年9月29日）
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/
2）WOAH, Australia notifies first case of High Pathogenicity Avian Influenza H5N1 in a wild bird（アクセス日：2026年9月29日）
https://www.woah.org/en/australia-notifies-first-case-of-high-pathogenicity-avian-influenza-h5n1-in-a-wild-bird/
3）WHO, Global Influenza Programme, Human-animal interface（アクセス日：2026年9月29日）
https://www.who.int/teams/global-influenza-programme/avian-influenza
4）Plaza P, Lambertucci SA, Influenza Other Respir Viruses 19: e70159, 2025
5）環境省，高病原性鳥インフルエンザに関する情報（アクセス日：2026年9月29日）
https://www.env.go.jp/nature/dobutsu/bird_flu/
6）Shi J, *et al.*, Cell Host Microbe 24: 558–568.e7, 2018
7）Yu D, *et al.*, Euro Surveill 24: 1900273, 2019
8）Centre for Health Protection, Department of Health, Hong Kong SAR, China, Avian Influenza Report（アクセス日：2026年10月8日）
https://www.chp.gov.hk/en/resources/29/332.html
9）ECDC, First human case of influenza A(H9N2) infection imported in the EU, 25 March 2026（アクセス日：2026年9月29日）
https://www.ecdc.europa.eu/en/news-events/first-human-case-influenza-ah9n2-infection-imported-eu
10）CDC, FluView Interactive（アクセス日：2026年9月29日）
https://www.cdc.gov/fluview/overview/fluview-interactive.html
11）ECDC, Communicable disease threats report, 21-27 February 2026, week 9（アクセス日：2026年10月8日）
https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/communicable-disease-threats-report-21-27-february-2026-week-9
12）Kobayashi M, *et al.*, Emerg Infect Dis 19: 1972–1974, 2013
13）Mine J, *et al.*, J Virol 94: e02169–19, 2020
14）Kuroda M, *et al.*, Zoonoses Public Health 69: 721–728, 2022

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
検査診断技術研究部
竹前喜洋　百瀬文隆　Doan Hai Yen
久場由真仁　上野みなみ　西川雅展
影山　努

＜特集関連情報＞

高病原性鳥インフルエンザに関する農林水産省の対応

1. はじめに

家禽の高病原性鳥インフルエンザ（以下，HPAI）については，2025～2026年シーズン（以下，2025/26シーズン。「シーズン」とは，秋～翌年の春までを意味する）の発生により6シーズン連続での発生となった。諸外国でも毎年継続して発生が確認されており，本病をめぐる情勢はこれまでとは異なるステージに入ったと認識している。

本稿では，国内外における家禽での本病の発生状況について概説した後，本病に対する農林水産省の対応について紹介する。

2. 高病原性鳥インフルエンザの家禽での発生状況

（1）国内での発生状況

2003/04～2025/26シーズンまでの，わが国におけるHPAIの発生状況を次ページ表1に示す。

本病は，わが国では2004年に79年ぶりに発生が確認されて以降，当初は，数年ごとに発生が確認されていた。しかし近年は発生頻度が増え，2025/26シーズンの発生により6シーズン連続での発生となった。また，近年は発生が大規模化してきており，2022/23シーズンは，26道県で84事例発生，約1,771万羽が殺処分対象となった。

（2）海外での発生状況

本病の北半球の主要国・地域での発生状況を次ページ図に示す。

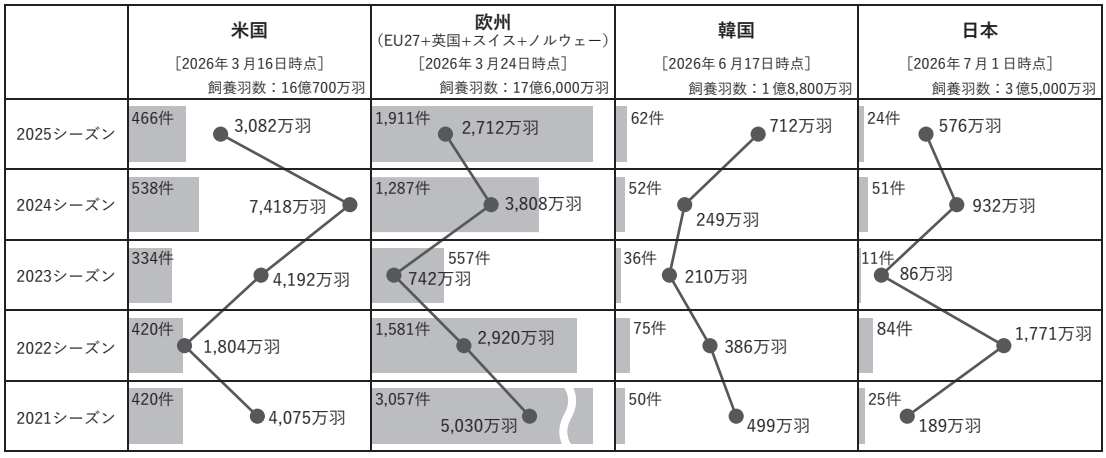
米国では，2022年2月のH5N1亜型のHPAIウイルスによる発生以降，大規模な発生が継続して確認されている。特に2024/25シーズンは過去最大の発生となり，大規模な殺処分の結果，鶏卵需給がひっ迫，鶏卵価格が高騰し，鶏卵を緊急輸入する事態となった。

また，欧州でも近年は毎シーズンの発生が確認されている。特に2021年シーズンの発生規模が大きく，フランスは同シーズンに1,377件という大規模な発生を

表1. 日本における家禽での高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の発生状況，2003/04～2025/26シーズン

シーズン	2003/04	2004/05	2005/06	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11	2011/12	2012/13	2013/14
発生件数	4	0	0	4	0	0	0	24	0	0	0
殺処分羽数（百万羽）	0.41	0	0	0.17	0	0	0	1.83	0	0	0

シーズン	2014/15	2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21	2021/22	2022/23	2023/24	2024/25	2025/26
発生件数	6	0	12	1	0	0	52	25	**84**	11	51	24
殺処分羽数（百万羽）	0.46	0	1.66	0.09	0	0	9.87	1.89	**17.71**	0.86	9.32	5.76



（出典）WOAH-WAHIS、米国農務省動植物検疫課HP、米国労働省労働統計局HP、韓国農林畜産食品部・環境部HP、EFSAレポート、報道情報、FAOSTAT（2023）

図. 北半球の主要国・地域での高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の発生状況

経験し，同国が商用あひるでの本病ワクチンの予防的接種を検討するうえで大きな契機となった。

なお，近年，南半球の国々でも本病の発生が確認されている。

南米では，2022年の発生確認以降，毎年発生が報告されるようになった。わが国が鶏肉を多く輸入しているブラジルでも発生が認められるなど，鶏肉需給の観点から今後の発生動向を注視する必要がある。

オセアニア地域ではH5亜型での発生は報告されていなかったが，2026年６月に豪州で渡り鳥からH5N1亜型のウイルスが検出され，その後も野鳥での感染事例が複数報告される事態となっており，同国の家禽産業への影響が危惧されている。

3. 農林水産省の対応

（1）高病原性鳥インフルエンザ及び低病原性鳥インフルエンザに関する特定家畜伝染病防疫指針

農林水産省は，家畜伝染病予防法に基づき，HPAIのまん延の防止のための措置等に関する基本的な方針，病性の判定のための検査に関する事項等について規定した特定家畜伝染病防疫指針（以下，防疫指針）を作成，公表している。

本病のまん延を防止するための強制的な措置（発生農場の家禽の殺処分，周辺農場の家禽の移動制限等）の詳細は，この防疫指針の中で規定されている。また，後述の発生の原因究明については「専門家から成る疫学調査チームが原因の分析及び取りまとめを行う」旨，ワクチン接種については「予防的なワクチンの接種は行わない」旨が言及されている。

（2）発生の原因究明

農林水産省は，防疫指針の規定等に基づき，すべてのHPAI事例についてその原因を究明するための調査を実施している。また，この調査の結果を踏まえながら疫学調査チームが原因の分析や情報の取りまとめを行い，今後の対策の強化に資するよう，シーズンごとに調査報告書を作成，公表している。

例えば，2024/25シーズンの報告書[1)]では，全51事例中34事例が１月の発生であり，ほとんどが千葉県，愛知県および岩手県の比較的近隣の農場での発生であったことや，17事例が大規模農場での発生であったこと，等が挙げられており，これらの経験・知見も踏まえながら，（3）の対策パッケージを打ち出すこととなった。

（3）対策パッケージ

農林水産省は，上記の2024/25シーズンの調査の結果等を踏まえ，地域の連続発生に的確に対処し，殺処分による影響をできるだけ抑制するため，2025年４月，今後講ずる対策をパッケージで打ち出した。本稿ではそのうち３つの対策について紹介する。

表2. 鳥インフルエンザワクチンをめぐる近年の国際的な動き

年月	世界の動き
2023年５月	➢ **WOAH（国際獣疫事務局）**総会で、家禽へのワクチン使用の検討を促す決議が採択
2023年10月	➢ **フランス**が、商用あひるを対象としたワクチン使用を開始
2024年６月	➢ **EU**が、孵卵場での接種（卵内接種、１日齢雛への接種）が可能なワクチンを承認
2025年２月	➢ **米国**が、ワクチン使用を検討することを表明 ➢ **WOAH**および**FAO（国連食糧農業機関）**が、**WHO（世界保健機関）**にも意見照会のうえで、ワクチン接種による発生予防・管理にも言及した、鳥インフルエンザ対策の世界戦略（2024-2033）を公表
2025年３月	➢ **オランダ**が、採卵鶏へのワクチン使用（パイロットテスト）を開始
2026年	➢ **英国およびカナダ**が、七面鳥へのワクチン使用（パイロットテスト）を開始 ➢ **デンマーク**が、七面鳥へのワクチン接種を秋頃に開始する方向で検討中 ➢ **WOAH**がワクチン接種群でのサーベイランスに関するガイドラインを2027年半ばまでに作成する旨公表

A）大臣指定地域[2)]

2024/25シーズンに千葉県等でみられたように，家禽農場密集地域ではひとたび本病が発生すると続発するリスクが高いため，地域としての対策が重要である。このため，農林水産大臣が家禽農場密集地域や過去に複数事例発生した地域をあらかじめ指定し，地域ぐるみで野鳥対策や発生時の速やかな消毒対応等を実施できる体制を整えていくこととなった。本稿執筆時点で全44地域が指定されている。

B）分割管理の推進

2024/25シーズンには，分割管理（人・物等の動線を分けることで農場を分割する取り組み）を導入していたことで殺処分数を大幅に低減できた事例があった。発生事例の解析では飼養規模が大きいことが発生リスクであることも示されており，分割管理は殺処分による影響軽減の観点から有効である。このため，当省は分割管理の導入を引き続き推進していく方針である。

C）予防的ワクチン接種の検討

現行の防疫指針には「予防的なワクチンの接種は行わない」，また，その理由として「現行のワクチンは，本病の発症の抑制に効果があるものの，感染を完全に防御することはできないため，無計画，無秩序なワクチンの使用は，本病の発生または流行を見逃すおそれがある」と記載されている。

このワクチンのリスク自体に変化はないが，近年本病の発生の頻度や規模が増大し，それにともなう問題が世界的に顕在化している中で，国際的にワクチン利用の機運が高まりつつある。2023年の国際獣疫事務局（WOAH）総会でのワクチン使用の検討を促す決議[3)]以降，本病のワクチン接種の実施・検討に関する動きが数多くあり，その一例を表２に示す。

このような状況や近年のワクチンの開発状況等を踏まえ，わが国としても，予防的なワクチン接種の導入にかかわる検討を開始することが決定された。WOAHの国際基準等も踏まえ，接種群でのウイルス浸潤がないことを確認するサーベイランスとセットで実施するワクチン接種について，その妥当性や実現可能性を検討していく方針である。

4. おわりに

上述のとおりHPAIは６シーズン連続での発生となったものの，関係者の多大なご尽力もあり，わが国は，WOAHの規定に基づき毎シーズン本病の清浄化を達成できている[4)]。とはいえ，発生頻度や規模の増大化は，防疫作業の負担や行政コストの増加，鶏卵供給等，多方面で様々な問題を招いている。また，近年，哺乳類への感染事例の報告数が増加していることも特筆に値する[5)]。

このように，近年，本病をめぐる情勢が激動している中で，行政としては変化に適時適切に対応していく必要がある。上記の対策パッケージもその一環で打ち出されたものであり，この対策パッケージ等に基づき，引き続き本病対策を推進していく考えである。

参考文献

1）農林水産省，2024年～2025年シーズンにおける高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書，2025年７月２日
https://www.maff.go.jp/j/council/seisaku/eisei/kakin/kakin_94/attach/pdf/kakin_94-10.pdf

2）農林水産省，農林水産省告示第千九百六十九号，令和７（2025）年12月25日
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k_shiyou/attach/pdf/index-286.pdf

3）RESOLUTIONS Adopted by the World Assembly of Delegates During the 90th General Session, 21-25 May 2023, Resolution No.28
https://www.woah.org/app/uploads/2023/06/a-resos-2023-all.pdf

4）農林水産省，高病原性鳥インフルエンザの清浄化宣言について，令和８（2026）年７月６日
https://www.maff.go.jp/j/press/syouan/douei/260706.html

5）WOAH, The state of the world's animal health, 2025 Report
https://www.woah.org/app/uploads/2025/05/the-state-of-the-worlds-animal-health-2025.pdf

農林水産省消費・安全局動物衛生課
岡村行岳

＜特集関連情報＞

2025/26シーズンに国内で発生した高病原性鳥インフルエンザの分子疫学解析

2025/26シーズンの家禽における高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）は，2025年10月22日に北海道で初めて確認され，2026年4月22日の青森県での発生まで16道府県において24事例が確認された。殺処分の対象は約576万羽であった。内訳は採卵鶏17事例，肉用鶏5事例，合鴨およびウズラ各1事例であった[1)]。野鳥では，家禽での初発に先立つ2025年10月15日に北海道で回収されたオオタカからHPAIウイルスが分離され，2026年5月22日に北海道で回収されたハシブトガラスまで，野鳥糞便，環境水等の環境検体を含め，1道15県で171事例が確認された。また，アライグマおよびテンを含む野生哺乳類6事例でも感染が確認された[2)]。本稿では，2025/26シーズンに国内の家禽，野鳥および環境検体から分離されたHPAIウイルスの全ゲノム解析結果について報告する。

家禽で発生した全24事例の分離ウイルスならびに環境省の野鳥サーベイランスおよび大学等の独自調査で得られた分離ウイルスについて，全ゲノム配列に基づく分子系統解析を実施した。分離ウイルスの大部分はH5N1亜型であり，HA遺伝子の系統解析では，いずれもクレード 2.3.4.4bに属した。家禽由来ウイルスは，2021/22シーズン以降国内で検出されているG2d系統，2022/23シーズン以降検出されているG2c系統，および2025/26シーズンに欧州で流行したウイルスに近縁な系統（以下，欧州系統：EUR系統）の3系統に分類された。このほか，2023/24シーズンに野鳥から分離されたG2a系統のH5N5亜型ウイルス[3)]に近縁なウイルスが，北海道で回収されたカラスから分離された。

G2d系統は，2025年10月15日に北海道で回収されたオオタカおよび同月22日の家禽初発事例から検出され，シーズンを通してウイルスが分離された（図1，図2）。G2c系統は，同年11月3日に鹿児島県で採取された環境水から検出され，家禽では12月2日に鳥取県の肉用鶏農場で初めて確認された（図1，図2）。EUR系統は，2026年2月3日に大分県で回収されたマガモから初めて検出され，同年4月22日に青森県の採卵鶏農場からも分離された（図1，図2）。

8分節の組み合わせに基づく遺伝子型を解析した結果，G2d系統ではG2d-0のみが認められ，2025/26シーズンの家禽24事例中15事例を占めた。また，遺伝子型を同定できた死亡野鳥由来135株中130株がG2d-0であった。一方，G2c系統では新たに4種類の遺伝子型を同定し，G2c-18（環境水のみから検出），G2c-19，G2c-20およびG2c-21と命名した。G2c-19およびG2c-20は国内では家禽由来株のみで確認されたが，韓国ではそれぞれ捕獲されたコガモおよび死亡したクロハゲワシから同じ遺伝子型が分離されている[4,5)]。G2c-21は国内の家禽由来株および富山県で回収されたフクロウ由来株で確認された。

EUR系統の大分県のマガモ由来株と青森県の家禽由来株は，異なる遺伝子型であった。両株のPB1，PA，NAおよびNS遺伝子は同シーズンに欧州で流行した

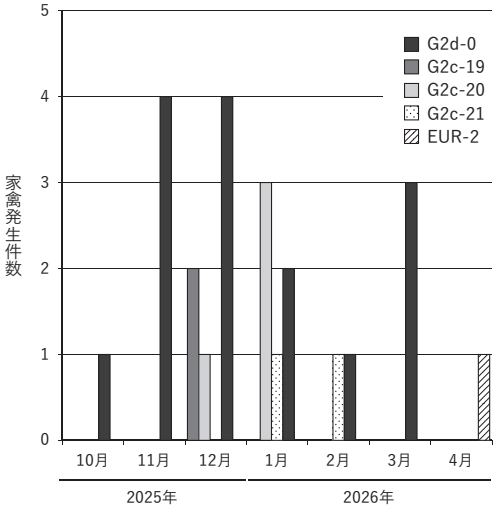


図1. 家禽における高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の発生動向

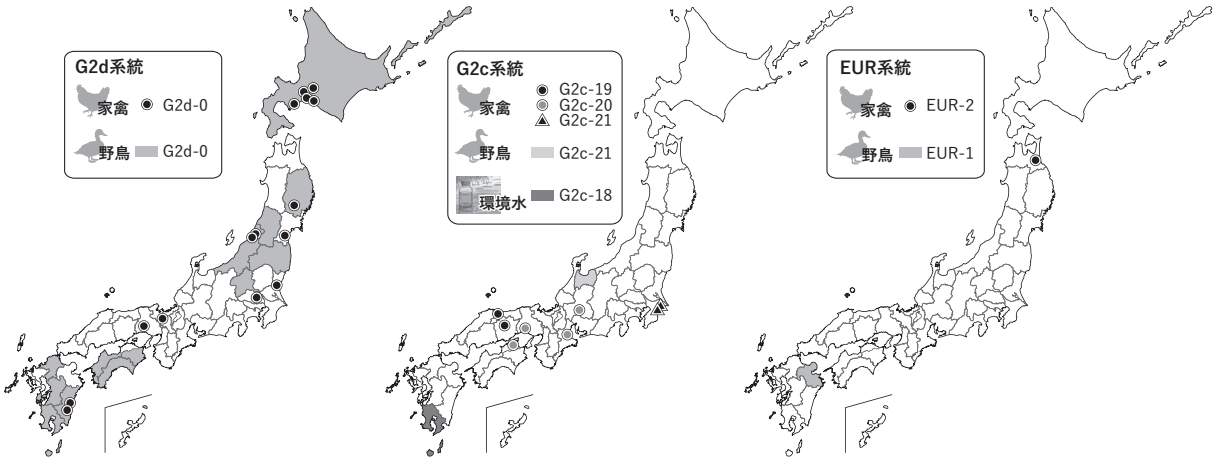


図2. 2025/26シーズンに同定されたH5亜型HPAIウイルスの遺伝子型の分布

HPAIウイルスに近縁であった。青森県の家禽由来株（EUR-2）はG2c-19に近縁なPB2遺伝子を保有し，大分県のマガモ由来株（EUR-1）はG2c-21に近縁なPB2およびNP遺伝子を保有していた。また，2026年1月15日に北海道で回収されたハシボソガラス由来のG2a系統ウイルスは，2023/24シーズンに北海道のカラスから分離されたH5N5亜型ウイルスと同じG2a-2に分類された。

G2d-0による家禽での発生は，2025年10月22日の初発事例から2026年3月26日の宮城県における国内23例目まで，全国各地で継続した（前ページ図2）。死亡野鳥からのG2d-0の分離も，2025年10月15日～2026年5月22日まで，北海道から九州の広い地域で確認された（前ページ図2）。G2d-0が5シーズン連続して検出されたことから，本遺伝子型は繁殖地においても渡り鳥集団内で維持されている可能性がある。また，HA遺伝子がアラスカ州，カリフォルニア州，ワシントン州等の北米西海岸で分離されたHPAIウイルスと近縁であったことから，極東ロシアやアラスカを含むベーリンジア地域を利用する渡り鳥によって国内へ持ち込まれた可能性が考えられた。野生哺乳類で感染が確認されたことも，G2d-0の特徴であった。

これに対し，G2c系統は家禽で8事例確認された一方，死亡野鳥からの分離は富山県のフクロウ由来G2c-21の2株のみであった（前ページ図2）。また，鹿児島県の環境水からG2c-18が分離されている（前ページ図2）。これらの知見から，G2c系統に感染した渡り鳥は重度の症状を呈することなくウイルスを排出し，死亡野鳥を対象としたサーベイランスでは捉えにくい可能性が考えられた。G2c系統による家禽での発生は，主にシーズン前半～中盤に関東以南で確認され，G2d-0と比較して検出時期および地域が限定される傾向を示した。また，国内と韓国で同じ遺伝子型のウイルスが検出されたことから，中国東北部，モンゴルまたは中央シベリアを繁殖地とする渡り鳥によって国内へ持ち込まれた可能性が考えられた。一方，EUR系統のウイルスはG2c系統に近縁な内部遺伝子を保有していたことから，渡り鳥を介して国内へ侵入した可能性が示唆されたが，その侵入経路については現時点で明らかではなく，今後のデータ蓄積と解析が必要と考えられた。

2026年には，オーストラリアおよびニュージーランドでもH5亜型HPAIウイルスに感染した野鳥が確認され，H5亜型HPAIウイルスの分布域はさらに拡大した[6, 7]。また，欧州では2025年夏季にも野鳥および家禽からH5亜型HPAIウイルスが継続して検出された[8]。今後は，従来の渡りの時期に限らず，年間を通じて国内侵入の動向を注視する必要がある。

本稿で紹介した内容は，農林水産省の「安全な畜産物安定供給のための包括的なレギュラトリーサイエンス研究事業（新たな感染症の出現に対してレジリエントな畜産業を実現するための家畜感染症対策技術の開発）」（JPJ008617.23812859）によるものである。

参考文献

1）農林水産省，2025年～2026年シーズンにおける高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書，2026年7月7日（アクセス日：2026年9月18日）
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/attach/pdf/r7_hpai_kokunai-239.pdf
2）環境省，高病原性鳥インフルエンザに関する情報（アクセス日：2026年9月18日）
https://www.env.go.jp/nature/dobutsu/bird_flu/index.html
3）Hew YL, *et al.*, Emerg Infect Dis 30: 1912–1917, 2024
4）Si Y-J, *et al.*, Front Cell Infect Microbiol 16: 1755375, 2026
5）Jeong C-G, *et al.*, Transbound Emerg Dis 2026: e2623621, 2026
6）Neave MJ, *et al.*, bioRxiv, 2026
DOI: 10.64898/2026.08.08.743700
7）Ministry for Primary Industries（New Zealand），Avian influenza, HPAI, bird flu, risk to NZ（アクセス日：2026年9月18日）
https://www.mpi.govt.nz/biosecurity/pest-and-disease-threats-to-new-zealand/animal-disease-threats-to-new-zealand/h5-bird-flu/about-bird-flu-and-the-risk-to-nz
8）Alexakis L, *et al.*, EFSA J 23: e9702, 2025

農研機構動物衛生研究部門
ウイルス感染症研究領域
宮澤光太郎　西浦　颯　佐久間咲希
内田裕子

＜特集関連情報＞

2025～2026年シーズンに北海道内で認められた野生哺乳動物における高病原性鳥インフルエンザウイルス感染について

はじめに

2020～2021年の冬シーズン以降，日本では6シーズン連続で高病原性鳥インフルエンザウイルス（HPAIV）の感染事例が相次いでいる。2025～2026年シーズンは，2025年10月15日の北海道苫小牧市におけるオオタカの事例から始まり，翌2026年5月22日の北海道札幌市におけるハシブトガラスの事例まで，約7カ月にわたるシーズンであった[1]。その間にホンドテン，タヌキ，アライグマ，キタキツネの4種の野生食肉目哺乳動物で6例の哺乳動物感染例を認めた（次ページ図）。北海道大学では，そのうち5例について診断を実施した。本稿では，診断に至った経緯について紹介したい。

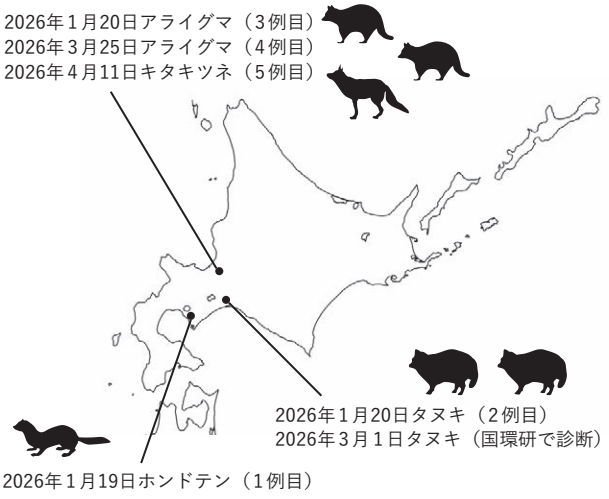


図. 2025〜2026年シーズンに認められた野生哺乳動物における高病原性鳥インフルエンザウイルス感染例

【１例目】ホンドテン

本症例は，2026年１月19日に北海道胆振振興局によって回収され，翌１月20日に北海道大学へ輸送された。１月23日に北海道大学のBSL3施設にて解剖を実施し，１月28日にH5亜型HPAIVの検出を報告した。当初，行政からは「ミンク」として通報を受けたが，回収後に振興局より「テン」である旨の訂正がなされた。北海道には，石狩低地帯を境界として本州から導入された国内外来種であるホンドテン（*Martes melampus melampus*）と，北海道在来種であるエゾクロテン（*Martes zibellina brachyura*）の２種が分布している[2)]。これら２種は外部形態による鑑別が極めて困難であったため，宿主遺伝子のシーケンス解析を実施した結果，本個体をホンドテンと同定した。ホンドテンにおけるHPAIV感染の確認は本症例が世界初の報告となる。

【２例目】タヌキ

本症例は，2026年１月20日に北海道胆振振興局により回収され，１月23日に北海道大学へ輸送された。１月26日にBSL3施設にて解剖を行い，１月28日にH5亜型HPAIVの検出を報告した。本個体には，疥癬による著しい角質増殖・鱗屑・脱毛が観察された。なお，当方で詳細解析を実施していない別個体〔2026年３月１日に回収，国立環境研究所（国環研）にてスワブ検体を用いて確定診断されたタヌキ〕においても，外観上，同様の疥癬罹患が認められている。これら２頭のタヌキは地理的に比較的近い場所で発見されたものであるが，疥癬による免疫機能の低下とHPAIV感染感受性・重症化との関連性については，今後のさらなる研究が必要である。

【３例目】アライグマ

2026年１月20日，北海道大学構内において大学職員により発見・回収され，１月23日に当方へ連絡が入った。１月25日の大雪の影響により遺体受け取りが遅延したものの，１月28日に検体を受領し，１月30日にBSL3施設にて解剖を実施した。２月４日，H5亜型HPAIVの検出を一度「タヌキ」として報告したが，その後の解明を経て２月17日に動物種を「アライグマ」へと修正訂正した。本症例は，発見時に他動物による食害を受けており，身体の大部分，およびアライグマに特徴的である尾部が欠損していた。また，発見場所において過去にアライグマの確認例がなかったことから，当初はタヌキと誤認して報告するに至った。しかし，前肢の解剖学的形状からアライグマである可能性が浮上し，宿主遺伝子のシーケンス解析を実施した結果，アライグマと同定されるに至った。なお，重度の食害にともない，本個体では全身組織における系統的なウイルス遺伝子検出は実施していない。

【４例目】アライグマ

2026年３月24日，札幌市の公園にて市民および公園の管理者から神経症状を呈するアライグマの目撃通報が寄せられた。北海道石狩振興局との連携のもと，翌３月25日朝に特定外来生物として安楽死駆除が実施された。直ちにスワブ検体が国環研へ，死体本体が北海道大学へとそれぞれ搬送され，同日にBSL3施設にて解剖を実施した。診断にあたっては，４月７日までに国環研が実施したスワブ検体による遺伝子検査においてウイルス遺伝子は検出されなかったとの情報から，北海道大学において臓器乳剤を用いた検査を実施し，H5亜型HPAIV遺伝子を検出したため，これを確定診断結果として報告した。本症例では動物の発見時に頭部の振戦が認められ，また病理組織学的にも髄膜脳炎が認められており，臨床所見と病理所見がよく一致している。

【５例目】キタキツネ

2026年４月11日，札幌市内において死亡しているキタキツネを市民が発見・回収し，当方へ連絡がなされた。４月17日に検体を受領したが，北海道内の野外キツネ個体であるためエキノコックス多包条虫感染のリスクを排除できないと判断し，虫卵の不活化を目的として，４月25日まで−80℃ディープフリーザーにて処理を施した。その後，解凍処理を経て，４月27日にBSL3施設にて解剖を実施した。検査・解析を進めた結果，５月７日にH5亜型HPAIVの検出を正式に報告した。死後経過時間が長く，死後変化が著しい個体であったため，病理組織学的解析において高病原性鳥インフルエンザ感染動物に典型的な病理所見は得られなかった。いずれにせよ市民との連携によって見出した事例であり，日頃の普及啓発運動やコミュニケーションの重要性がうかがえる。

終わりに

当該シーズン中，北海道大学で診断を実施した５例が検査に至った背景はそれぞれ異なるものの，どの事例においても死体発見者が「高病原性鳥インフルエンザウイルス感染の可能性」を考え，行政が我々のもと

まで連絡を繋いでくれたことが，最終的な確定診断につながったといえる。北海道内においては，2025年の春に起きた海鳥の大量死と海生哺乳動物におけるHPAIV感染例[3]の記憶が新しく，「もしかすると」と思い当たりやすい状況にあったのかもしれない。一方で，これまで野生哺乳動物におけるHPAIV感染例は，高病原性鳥インフルエンザ発生養鶏場内で見つかったネズミ類の事例を除いて，そのすべてが北海道に集中しており，今後は北海道の事例を参考に適切なモニタリング網を構築することで，日本全国におけるHPAIVの哺乳動物感染の実態を明らかにしていく必要がある。

参考文献

1）環境省，令和7（2025）年～令和8（2026）年シーズン 国内での野鳥における鳥インフルエンザ発生状況（アクセス日：2026年9月18日）
https://www.env.go.jp/nature/dobutsu/bird_flu/wildbird_past2025.html
2）平川浩文ら，哺乳類科学 55: 155–166, 2015
3）日尾野隆大ら，IASR 46: 230–231, 2025

北海道大学One Healthリサーチセンター
日尾野隆大　市川世識　直　亨則

＜特集関連情報＞

豪州の鳥類および哺乳類における鳥インフルエンザA（H5N1）事例，豪州当局の公衆衛生対応およびヒトへのリスク評価（2026年9月8日時点）

2026年6月20日，豪州本土において，高病原性鳥インフルエンザA（H5N1）ウイルスの感染が野鳥で初確認され，以後，野鳥および海生／陸生哺乳類における感染の確認が続いている。本稿では，豪州における鳥インフルエンザA（H5N1）事例の概要，豪州当局の公衆衛生対応およびヒトへのリスク評価について述べる。

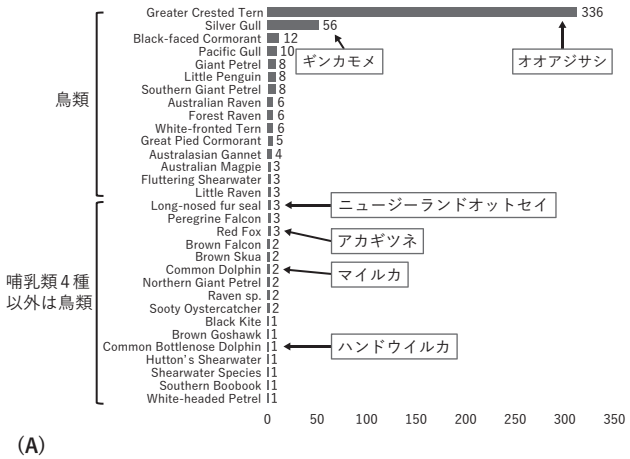
鳥類における感染事例

2026年6月20日，西オーストラリア州において，衰弱した渡り鳥1羽から，クレード2.3.4.4bの高病原性鳥インフルエンザA（H5N1）ウイルスが検出され，豪州本土の野鳥における高病原性鳥インフルエンザA/H5ウイルスの初の検出事例となった[1]。その後，7月末までに，南オーストラリア州，ニューサウスウェールズ州，クイーンズランド州およびビクトリア州においても渡り鳥および在来種の野鳥における高病原性鳥インフルエンザA（H5N1）ウイルスの感染が確認された。8月初めには，南オーストラリア州において80羽以上のオオアジサシの衰弱や死亡が確認され，豪州での高病原性鳥インフルエンザA/H5ウイルスによる初の野鳥における大量死事例となった。さらに，タスマニア州においても野鳥の感染が確認され[2]，9月8日現在，野鳥における高病原性鳥インフルエンザA/H5ウイルス感染事例は6州で493事例が確認されている。家禽の感染はまだ確認されていない[3]。

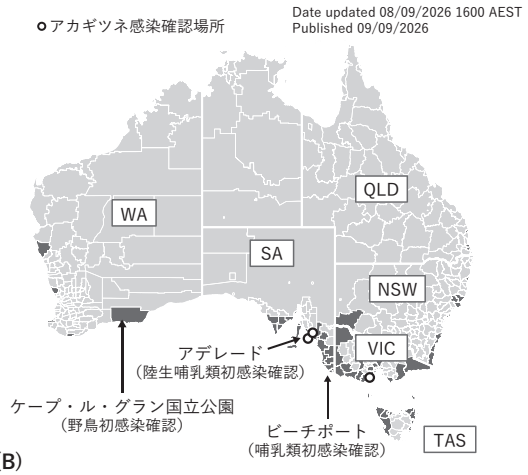
哺乳類における感染事例

2026年8月23日に，南オーストラリア州ビーチポートでニュージーランドオットセイの高病原性鳥インフルエンザA/H5ウイルス感染が確認され，これが豪州本土の哺乳類における初の感染事例となった。その後，マイルカおよびハンドウイルカでも感染が確認され，9月8日現在，海生哺乳類では6事例の感染が確認されている。

また，8月28日には，南オーストラリア州アデレードでアカギツネにおける感染が確認され，陸生哺乳類での初事例となった。その後も，南オーストラリア州とビクトリア州でアカギツネの感染が1事例ずつ確認されている。



（A）
H5陽性が確認された野生動物の事例数（2026年9月8日時点）



（B）
H5陽性野生動物の確認された地方行政区（2026年9月8日時点）（各州の■部分）
QLD：クイーンズランド州、NSW：ニューサウスウェールズ州、
VIC：ビクトリア州、TAS：タスマニア州、SA：南オーストラリア州、
WA：西オーストラリア州

図は以下より引用し、一部加筆
DAFF, Bird flu (avian influenza), Latest data, https://www.agriculture.gov.au/campaigns/birdflu/latest-data#h1_bird_flu

図．豪州の野生動物における鳥インフルエンザ（H5）の確認状況

9月8日現在，家畜を含む他の陸生哺乳類における感染および哺乳類間の伝播は確認されていない[2]（前ページ図）。

豪州当局の公衆衛生対応およびヒトへのリスク評価

動物において衰弱・死亡個体を複数発見した場合の通報ホットライン[2]のほか，ヒトにおける感染を早期探知するための各種サーベイランスシステムが運用されており，インフルエンザ様症状や検査結果等についてオンラインで任意報告を行うことができるFluTracking，診療所におけるヒトのインフルエンザ様疾患（ILI）の発生率推移の把握，救急部門における受診・入院を対象とした異常な疾患の発生監視，潜在的な感染者の早期探知を目的とした下水サーベイランス等が行われている[4]。また，予防措置として，6か月齢以上のすべての人を対象とした季節性インフルエンザワクチン接種が推奨されており，特に曝露リスクの高い人では，曝露する可能性のある業務等の2週間前に接種することが推奨されている[5]。

現時点ではヒトへの感染は報告されていない。豪州疾病対策センター（CDC）は，ヒトへの感染伝播に関する公衆衛生上のリスク評価を6月および7月に実施しているが，いずれも低いと評価している。その理由として，高病原性鳥インフルエンザA/H5ウイルスの伝播には密接な接触が必要で，動物からヒトへの感染や，ヒトからヒトへの感染は極めて稀であり，ヒトへの感染性の増加を示す証拠は確認されていないことを挙げている。同国内ではヒト感染例が確認されていないため，この遺伝子型のウイルスがヒトに感染した場合の重症度については不確実性が残るとしている[6]。

参考文献

1）WOAH, World Animal Health Information System, Immediate notification（アクセス日：2026年9月9日）
https://wahis.woah.org/#/in-review/7649?reportId=184007&fromPage=event-dashboard-url
2）Australian Government, Department of Agriculture, Fisheries and Forestry, H5 bird flu updates（アクセス日：2026年9月9日）
https://www.agriculture.gov.au/about/news/H5-bird-flu-updates
3）Australian Government, Department of Agriculture, Fisheries and Forestry, H5 bird flu events in wildlife（アクセス日：2026年9月9日）
https://www.agriculture.gov.au/campaigns/birdflu/latest-data#h1_bird_flu
4）Australian Centre for Disease Control, National plan for the surveillance of avian influenza for human health, June 2026（アクセス日：2026年9月9日）
https://www.cdc.gov.au/sites/default/files/2026-06/national_plan_for_the_surveillance_of_avian_influenza_for_human_health_new_styles.pdf
5）Australian Centre for Disease Control, Avian Influenza in Humans, CDNA National Guidelines for Public Health Units Version 2.0, August 2024（アクセス日：2026年9月9日）
https://www.cdc.gov.au/sites/default/files/2026-08/for_publication_avian-influenza-in-humans-cdna-national-guidelines-for-public-health-units_0.pdf
6）Australian Centre for Disease Control, H5 bird flu has been detected in other species but the risk to people in Australia remains low, 31 August 2026（アクセス日：2026年9月9日）
https://www.cdc.gov.au/newsroom/news-and-articles/h5-bird-flu-has-been-detected-other-species-risk-people-australia-remains-low

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
清水友美子　山本真意　富山幸一郎
藤井英里　田才愛子
応用疫学研究センター
加藤博史　砂川富正

＜特集関連情報＞

ヒトからブタへ繰り返されるA（H1N1）pdm09ウイルスの侵入

はじめに

ブタはブタインフルエンザウイルス（IAV-S）のみならず，鳥およびヒト由来のインフルエンザウイルスにも感受性を有する。そのため，異なる宿主由来のウイルスがブタ体内で共感染した場合には，遺伝子再集合によって新たな性質を有するウイルスが生じる可能性がある[1]。このような特徴から，ブタはインフルエンザウイルスの進化において重要な役割を果たす宿主として認識されている。

日本のブタでは，H1N1，H1N2およびH3N2亜型のIAV-Sが検出されており，それらのHA遺伝子は1970年頃以降，国内で独自の進化を遂げている1A.1 classical swine系統のH1 HA遺伝子，2009年のパンデミックウイルス〔A（H1N1）pdm09〕由来H1 HA遺伝子および1990年代後半にヒトからブタへ伝播したと考えられるH3 HA遺伝子に大別される[2]。

2009年パンデミックがブタに与えた影響

2009年のパンデミックは，ヒトのみならず世界のブタ集団に対しても大きな影響を及ぼした。A（H1N1）pdm09ウイルスは，北米のトリプルリアソータントウイルスと欧州の鳥型H1亜型IAV-Sとの遺伝子再集合により誕生したウイルスである[3]。

ヒト社会で世界的な流行を引き起こした後，本ウイルスはヒトからブタへ再侵入（reverse zoonosis）し，世界各地のブタ集団で検出されるようになった。さらに，侵入したA(H1N1)pdm09ウイルスは各地域に存在する在来のIAV-Sと遺伝子再集合を起こし，多様な遺伝子組成を持つウイルスを生み出している[2)]。現在では，A(H1N1)pdm09由来遺伝子は世界各地のIAV-S集団に広く取り込まれており，IAV-Sの遺伝的多様性を形成する主要な要素の１つとなっている。

国内養豚場での事例

農業・食品産業技術総合研究機構動物衛生研究部門では，2010年代から継続的にブタインフルエンザサーベイランスを実施している。同サーベイランスで検出されるウイルスの多くは，1A.1 classical swine系統のH1 HA遺伝子を有するH1亜型IAV-Sである。一方で，A(H1N1)pdm09由来のH1 HA遺伝子を有するH1亜型IAV-Sも継続的に確認されている。また，1A.1 classical swine系統のH1 HA遺伝子を有するH1亜型IAV-Sであっても，現在流行している株の内部遺伝子のほとんどがA(H1N1)pdm09由来の遺伝子に置き換わっている。

表には，サーベイランス開始以降に検出されたA(H1N1)pdm09由来H1 HA遺伝子を有するIAV-Sの事例を示した。これらのウイルスは特定地域に限定されることなく全国各地の養豚場で検出されており，多くの事例では系統解析上ヒト集団における流行直後の検体採取時にブタへの侵入が確認されている。

これらの事例の多くは単発的な検出にとどまり，次回以降の調査で継続して検出されることは少なかった。一方で，鹿児島県および島根県で確認された事例では，同一農場内において２年以上にわたり継続して検出された。これらのウイルスは農場内で維持されながら遺伝的変化を蓄積しており，ブタ集団内で一定期間循環していたことが示唆された。

表．A（H1N1）pdm09由来のH1 HA遺伝子を有するブタインフルエンザウイルス（IAV-S）の検出事例

検出場所	検出開始時期	最終検出時期	検出回数	近縁ヒト株の検出シーズン
愛知県	2014年２月		1	2013～2014年
北海道	2015年10月	2016年９月	2	2009～2010年
群馬県	2015年12月		1	2013～2014年
愛知県	2016年10月		1	2015～2016年
鳥取県	2018年10月		1	2014～2015年
群馬県	2018年11月		1	2017～2018年
鹿児島県	2020年１月	2022年５月	5	2019～2020年
熊本県	2023年１月		1	2019～2020年
島根県	2023年12月	2025年11月	5	2019～2020年
宮崎県	2024年11月		1	2017～2018年
熊本県	2025年１月	2025年９月	2	2024～2025年
栃木県	2025年９月		1	2024～2025年
群馬県	2025年９月		1	2024～2025年

考　察

本サーベイランスの結果から，ヒト由来A(H1N1)pdm09ウイルスのブタへの侵入は比較的高頻度に発生していることが示された。一方で，大部分の事例では継続的な検出が認められなかったことから，侵入したウイルスの多くはブタ集団への適応が十分ではなく，短期間のうちに農場内から消失したものと考えられる。

しかし，一部の事例ではブタへの順化に関与する特徴的なアミノ酸置換などの明確な適応変化をともなうことなく，長期間にわたる農場内での維持が確認された。このことは，競合するIAV-Sや衛生管理の条件次第で，ヒトから侵入したウイルスが比較的容易にブタ集団へ定着し得ることを示している。さらに，農場内で維持されたヒト由来ウイルスは，既存のIAV-Sとの遺伝子再集合やブタ宿主への適応を通じて，新たな遺伝的多様性を生み出す可能性がある。

今後のサーベイランスでは，動物からヒトへの伝播のみならず，ヒトから動物への伝播を含めた双方向の感染動態を把握する視点が重要であり，農場の衛生管理も含めたIAV-Sの継続的な検出の原因を追究することが必要である。ヒトと動物の間を往来するインフルエンザウイルスの進化を理解するためには，継続的な監視と分子疫学的解析が不可欠である。

謝辞：本稿で紹介した成果は，日本中央競馬会畜産振興事業「養豚における豚インフルエンザ対策強化事業」の支援のもと実施している。ブタ鼻腔ぬぐい液検体を送っていただいた各都道府県の皆様のご協力に深く感謝申し上げる。

参考文献

1）Ito T, *et al.*, J Virol 72: 7367–7373, 1998
2）Mine J, *et al.*, J Virol 94: e02169–19, 2020
3）Garten RJ, *et al.*, Science 325: 197–201, 2009

農業・食品産業技術総合研究機構
動物衛生研究部門
峯　淳貴

＜特集関連情報＞

入国時感染症ゲノムサーベイランス事業（令和５年度から７年度までの結果）

目　的

入国時感染症ゲノムサーベイランス事業（以下，本事業）は，令和５（2023）年５月８日から開始し，海外から流入が懸念される感染症の病原体の検出状況や変異株の動向を把握するとともに，検査および解析後の残余検体を感染症臨床研究ネットワーク【Infectious disease Clinical Research netwOrk With National repository】[1)]（以下，iCROWN）へ提供することで，感染症の重症化因子の解明や医薬品開発等に資することを目的として実施している。

実施内容

5空港（成田，羽田，中部，関西，福岡）の検疫所で，入国時に発熱，咳等の症状を有し，本事業への協力について同意を得た者を対象に鼻腔ぬぐい液の採取を行っている。採取した検体は，民間検査会社で主な呼吸器感染症の病原体15項目を対象とした網羅的PCR検査を行い，当該検査で新型コロナウイルス（以下，SARS-CoV-2）またはインフルエンザウイルスが検出された検体について次世代シーケンス解析をした後，国立健康危機管理研究機構で詳細解析を行っている。検査・解析後の残余検体はiCROWNに提供し，感染症研究への利活用を可能としている。

本事業の結果は月次で集計し，厚生労働省webサイトで公表している[2)]。

結　果

(1) 協力者

協力者は，令和5年度は884人，令和6（2024）年度は1,994人，令和7（2025）年度は1,840人であった。令和5年度は月平均100人に満たなかったが，令和6年度および7年度は月平均150人を超えた。また，検疫時に確認した有症者のうち14.2%から本事業への協力を得た。

(2) 網羅的PCR検査

網羅的PCR検査の結果，令和5年度はSARS-CoV-2，令和6年度および7年度はインフルエンザウイルスの検出率が最も高く，各年度ともSARS-CoV-2およびインフルエンザウイルスで全体の半数以上を占めた（図1）。

(3) インフルエンザウイルスの型別検出状況

インフルエンザウイルスの型別検出状況は，各年度で異なった（図2）。A/H1pdm09は令和6年度が最多で，12月から1月にかけてピークを示した。A/H3は令和7年度が最多で，8月以降に増加傾向を示し，11月にピークを示した。B型は令和7年度が最多で，1月以降に増加傾向を示し，2月にピークを示した。これら型別の推移は，国内の感染症発生動向調査の報告数[3)]と類似した傾向を示した。

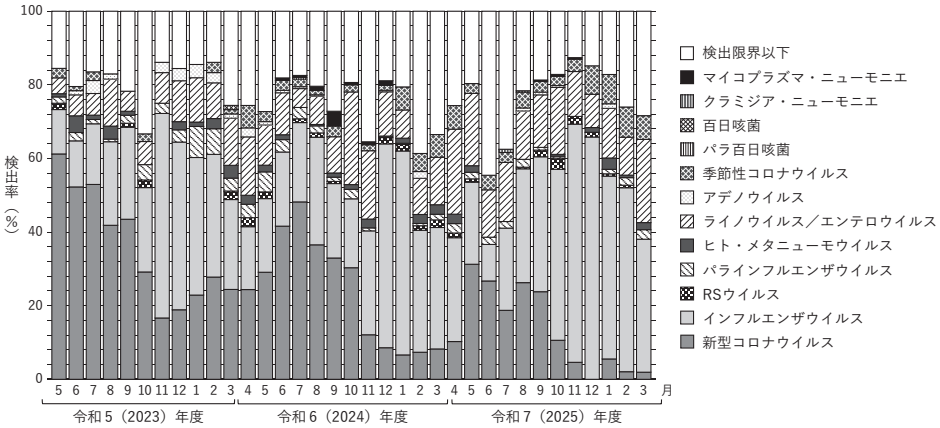
また，令和7年夏以降，国内外でA/H3N2の変異株「サブクレードK」が確認された。本事業では，7月から翌年3月までに採取された検体で，A/H3が521件検出され，うち431件がサブクレードKであった。

さらに，これまでに本事業において，動物由来インフルエンザウイルスは検出されていない。

最後に

インフルエンザウイルスの詳細解析で得たデータおよびその付帯情報は，世界保健機関（WHO）によるワクチン推奨株の選定および国内における次期シーズンのワクチン製造株決定に活用されている。令和7年度に本事業で分離されたB/Tokyo/EIS13-175/2025株がWHOのワクチン推奨株に選定されるとともに，国内で使用されるワクチン製造株にも採用された。

また，本事業のデータを国内のサーベイランスデータと統合することで，海外から国内への流入，国内流行に至るまでのプロセスを包括的に評価するうえで一定の意義があったと考える。一方で，本事業への協力



注）網羅的PCR検査において，検査できる項目は以下15項目
1新型コロナウイルス，2インフルエンザウイルスA，3インフルエンザウイルスA/H1pdm09，4インフルエンザウイルスA/H3，5インフルエンザウイルスB，6RSウイルス，7パラインフルエンザウイルス，8ヒト・メタニューモウイルス，9ライノウイルス／エンテロウイルス，10アデノウイルス，11季節性コロナウイルス，12パラ百日咳菌，13百日咳菌，14クラミジア・ニューモニエ，15マイコプラズマ・ニューモニエ

図1. 網羅的PCR検査による各呼吸器感染症の月別検出率，令和5（2023）年5月～令和8（2026）年3月

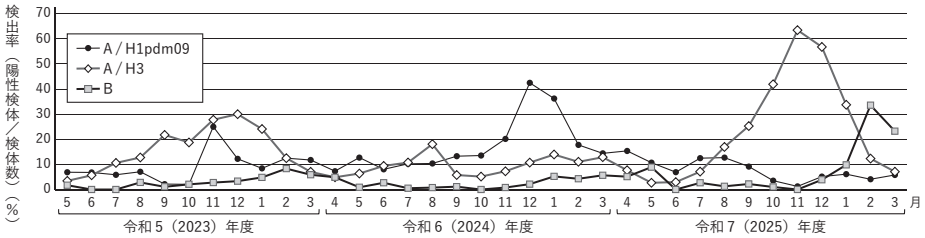


図2. 網羅的PCR検査によるインフルエンザウイルス型別の月別検出率の推移，令和5（2023）年5月～令和8（2026）年3月

者の割合は14.2%であった。本事業の成果を着実に還元するためにも，今後は協力者の確保・拡大を図ることが必要である。

参考文献

1）感染症臨床研究ネットワーク事業
https://icrown.jihs.go.jp/
2）厚生労働省，入国時感染症ゲノムサーベイランス
https://www.mhlw.go.jp/stf/newpage_54515.html
3）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，週別インフルエンザウイルス分離・検出報告数，2022/23〜2026/27シーズン（病原微生物検出情報：2026年9月14日作成）
https://kansen-levelmap.mhlw.go.jp/Byogentai/Pdf/data2j.pdf

厚生労働省
健康・生活衛生局感染症対策部
企画・検疫課
助廣那由
国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
インフルエンザ研究センター
藤崎誠一朗　三浦秀佳　秋元未来
渡邉真治　長谷川秀樹
検査診断技術研究部
影山　努

＜特集関連情報＞

パンデミックに備えたプレパンデミックワクチン株の選定と評価

はじめに

わが国では，新型インフルエンザ発生時の初動対策として，プレパンデミックワクチンを備蓄している。備蓄に用いるワクチン株は毎年，国内外の鳥インフルエンザの発生状況や抗原性，製造可能性，等を踏まえて見直されている。2023年度の備蓄ワクチンは，前年までのH7N9亜型からH5N8亜型のA/Astrakhan/3212/2020（IDCDC-RG71A）株に変更となった。また2024年度はH5N1亜型のA/Ezo red fox/Hokkaido/1/2022（NIID-002）株に変更となった。その後の2025年度および2026年度は引き続きNIID-002株が備蓄用のワクチン株に選定された。一方，これまでに備蓄ワクチンについては，動物を用いた有効性評価ならびに治験による免疫原性および安全性の評価も行われている。本稿では2025年度以降の株選定の背景，ならびに国内におけるパンデミックワクチンの承認プロセスとプレパンデミックワクチンの位置づけについて解説し，あわせて現在進めている有効性評価の概要について紹介する。

2025年度以降の備蓄用ワクチン株選定について

既報のIASRにおいて[1]，2023年度の備蓄ワクチンにクレード2.3.4.4bのH5亜型のIDCDC-RG71Aが選定された経緯，ならびに2024年度のNIID-002が選定された経緯について解説した。その際，当該クレードは多くの国で，鳥類だけでなく哺乳動物にも感染が認められていたことについて報告した。その発生状況はその後も続いており，2025年2月の世界保健機関（WHO）の報告では，2024年9月24日〜2025年2月24日までに報告されたH5亜型のヒト感染例は60例であり，クレード2.3.2.1eが1例，2.3.4.4bが58例，クレード不明が1例であった。また，動物におけるH5亜型の発生では，クレード2.3.4.4bが世界各地の家禽および野鳥から広く検出されるとともに，複数の哺乳動物への感染も認められ，米国では乳牛での持続的な流行が報告されていた[2]。2025年9月のWHOの報告では，2025年2月25日〜9月22日までに報告されたH5亜型のヒト感染例は24例であり，クレード2.3.2.1aが4例，2.3.2.1eが13例，2.3.4.4bが2例，クレード不明が5例で，2.3.2.1eの感染例が最も多かった。一方，動物においては，クレード2.3.4.4bがアフリカ，北米，南米，南極，アジアおよび欧州の鳥類から広く検出され，複数の国で哺乳動物への感染も認められ，米国では乳牛での発生が継続していた。なお，当該期間中に検出されたクレード2.3.4.4bの鳥類・哺乳類由来株では，HAにアミノ酸置換を有する株が散見されたものの，多くは既存のクレード2.3.4.4bのワクチン推奨株（candidate vaccine virus: CVV）に対するフェレット感染血清と良好に反応していた[3]。続く2026年2月のWHOの報告では，2025年9月23日〜2026年2月23日までに報告されたH5亜型のヒト感染例は6例であり，クレード2.3.2.1aが1例，2.3.2.1eが3例，2.3.4.4bが2例で，前期間に引き続き2.3.2.1eの感染例が最も多かった。2.3.2.1eのヒト感染例はいずれもカンボジアで報告されたものであった。一方，動物においては，クレード2.3.4.4bがアフリカ，南極，アジア，欧州，北米および南米の鳥類から広く検出され，複数の国で哺乳動物への感染も認められ，米国では乳牛での発生が継続していた。なお，クレード2.3.4.4bの鳥類・哺乳類由来株にはHAにアミノ酸置換を有する株が散見されたが，多くの株は既存のクレード2.3.4.4bのCVVに対するフェレット感染血清と良好に反応していた。これらの遺伝学的，抗原学的および疫学的状況から，新たなH5 CVVの追加は行われなかった[4]。これらの状況を踏まえ，2026年度の備蓄ワクチン株には引き続きNIID-002が選定された。

プレパンデミックワクチンおよびパンデミックワクチンの承認プロセスと有効性評価について

プレパンデミックワクチンはパンデミック発生前に製造・備蓄されるのに対し，パンデミックワクチンは実際にパンデミックが発生した際に，流行しているウイルスと同等の抗原性を有する株を用いて製造される。パンデミック発生後に通常のワクチンと同様の承認審

査を行った場合，供給までに長期間を要することから，わが国ではパンデミックワクチンを迅速に供給するため，プロトタイプワクチンを用いた承認制度が導入されている。すなわち，パンデミック発生前に，プロトタイプワクチンについて品質に関する評価ならびに非臨床試験および臨床試験を行い，免疫原性，安全性等を確認したうえで，あらかじめ製造販売承認を取得する。パンデミック発生時には，原則としてプロトタイプワクチンで承認された製造方法や品質管理方法等を変更せず，製造株を実際のパンデミックウイルスに対応した株に変更し，品質および非臨床試験成績に基づいて評価することで，パンデミックワクチンとして迅速に製造販売承認を取得する二段階の仕組みとなっている[5)]。

一方，プレパンデミックワクチンについては，備蓄したワクチンが実際に発生したパンデミックに使用される可能性に加え，その評価で得られたデータがパンデミックワクチンの迅速な評価・承認にも活用されることを想定し，平時から有効性および安全性に関する情報を蓄積しておくことが重要となる。このため，製造・備蓄されたワクチンについて，動物を用いた攻撃試験による評価を行うとともに，ヒトにおける免疫原性および安全性を評価し，さらに接種後血清を保存する取り組みが進められている[6)]。パンデミック発生時には，この保存血清と実際の流行株との交差反応性を速やかに調べ，その結果等を踏まえて備蓄ワクチンの使用の可否を判断し，必要な薬事上の手続きを経て接種することが想定されている。

これまでに備蓄されたワクチンについても，この考え方に基づく評価が進められている[7)]。2023年度に備蓄されたA/Astrakhan/3212/2020（IDCDC-RG71A）株ワクチンについては，動物を用いた攻撃試験が実施された。マウスを用いた試験では，ワクチン接種後にワクチン株の親株であるA/Astrakhan/3212/2020に加え，同じクレード2.3.4.4bに属するA/Ezo red fox/Hokkaido/1/2022を用いた攻撃試験が行われ，異なるウイルス株に対しても一定の防御効果を示すことが明らかとなった[8)]。なお，2024年度以降の備蓄ワクチンであるNIID-002株についても同様の攻撃試験が実施され，RG71A株と同様に一定の防御効果を示すことが明らかとなった[8)]。また，両備蓄ワクチンについてはヒトを対象とした治験も実施されており，免疫原性および安全性の評価とともに，パンデミック発生時に流行株との交差免疫性を評価するための接種後血清を保存することとしている[7)]。

おわりに

新型インフルエンザ対策では，発生するウイルスを事前に予測することは困難である。備蓄ワクチンが実際の流行株とどの程度適合するかも，発生時まで明らかではない。こうした不確実性の中で迅速にワクチンを供給するためには，平時から科学的データを蓄積しておくことが重要である。単に疫学的・ウイルス学的情報に基づいて株を選定し，ワクチンを備蓄するだけでなく，動物およびヒトで得られる知見を平時から蓄積し，発生時に速やかに評価できる体制を整えておく必要がある。備蓄ワクチンの継続的な評価は，その使用の可否を判断するためだけでなく，パンデミックワクチンの迅速な開発・承認を支える基盤としても重要な意義を有する。

参考文献

1）浅沼秀樹，IASR 45: 197−198, 2024
2）WHO, WER 100: 103−121, 2025
https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/92c4bee0-045a-423e-afe9-7dd03302e446/content
3）WHO, WER 100: 483−498, 2025
https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/af989289-7535-4a61-89b9-5db72aa5e829/content
4）WHO, Genetic and antigenic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness, February 2026
https://cdn.who.int/media/docs/default-source/vcm-northern-hemisphere-recommendation-2026-2027/c.-27-feb-2026_zoonotic_vaccinvirus-update.pdf?sfvrsn=8532151e_7
5）厚生労働省，パンデミックインフルエンザに備えたプロトタイプワクチンの開発等に関するガイドライン
https://www.mhlw.go.jp/content/10906000/000547050.pdf
6）第35回厚生科学審議会予防接種・ワクチン分科会研究開発及び生産・流通部会，予防接種（ワクチン）に関するガイドライン，2024（令和6）年9月2日
https://www.mhlw.go.jp/content/10906000/001298090.pdf
7）厚生労働省，2026年2月19日 第25回新型インフルエンザ対策に関する小委員会 議事録
https://www.mhlw.go.jp/stf/newpage_71752.html
8）第25回新型インフルエンザ対策に関する小委員会，備蓄ワクチン（Astrakhan株（A/H5N8）およびEzo red fox株（A/H5N1））の動物を用いた有効性に関する検討，2026（令和8）年2月19日
https://www.mhlw.go.jp/content/10906000/001658347.pdf

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
インフルエンザ研究センター
佐々木永太　浅沼秀樹

＜速報＞

2026年夏季におけるインフルエンザの流行入りとインフルエンザウイルスについて

（web版速報掲載日：2026年10月16日）

日本におけるインフルエンザの発生動向をみる際には，当該年の疫学週第36週（9月初旬）～翌年の第35週（8月下旬～9月初旬）までを1シーズンとしている。2009年以降では，2009年のA(H1N1)pdm09ウイルスによるパンデミック発生時を除き，新型コロナウイルス感染症（COVID-19）パンデミック以前は，第45週前後（10月下旬～12月初旬）に，「流行入り」を経験的に示す指標である定点当たり報告数が1を超えていた。しかし，COVID-19パンデミック後，インフルエンザの再流行が確認された2022/23シーズン以降の流行入りについては，COVID-19パンデミック以前とは異なっている。特に2025/26シーズンは，2025年の第39週（9月下旬）に，2026/27シーズンはさらに早まって2025/26シーズン終盤の2026年第34週（8月中旬）に定点当たり報告数が1を超えた。

病原体検出情報サブシステムの登録データをみると，2025/26シーズンの終盤以降はA(H1N1)pdm09亜型が最も多く検出されている。2026年第27～37週（6月29日～9月13日まで）に報告されたA(H1N1)pdm09亜型，A(H3N2)亜型およびB/Victoria系統の割合は，それぞれ94.5%（188株），5.5%（11株）および0%であった。2025/26シーズンにおいては，2025年第36週～2026年第26週までのA(H1N1)pdm09亜型の報告が2.3%（223株）であり，検出数や検出頻度を踏まえると2026年第27週以降のインフルエンザの流行は同亜型によるものである。

国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所では，地方衛生研究所（地衛研）・海外機関から分与されたウイルス，地衛研等から供与を受けた臨床検体から分離されたウイルス，ならびに入国時感染症ゲノムサーベイランスで収集された臨床検体中のウイルスおよびその中から選抜された検体から分離されたウイルスについて，ヘマグルチニン（HA）およびノイラミニダーゼ（NA）遺伝子の遺伝子系統樹解析，フェレット感染血清・ヒトワクチン接種後血清を用いた赤血球凝集阻止（HI）試験による詳細な抗原性解析を実施している（詳細は本号4ページ参照）。

検体採取日が2026年4月以降のA(H1N1)pdm09ウイルスについて解析したところ，ほぼすべてがサブクレードD.3.1.1に属していた（表1）。その中で，5月以降，HAの155番目のアミノ酸がグリシン（G）からグルタミン酸（E）に置換した（G155E）ウイルスが検出されるようになり，8月以降にその割合が大きく増えた（表2）。155番目のアミノ酸はH1亜型HAの抗原部位に位置しており，この変異は抗原性への影響が推察された。解析したウイルスでは，8月には約90%がG155E変異を持ち，9月の解析数は少ないが，すべてのウイルスがこの変異を持っていた（2026年10月1日時点）。サブクレードD.3.1.1の部分を拡大した系統樹からも，G155E変異を持つウイルスが多く検出されていることが確認できる（次ページ図1）。また，155番目の変異以外にも，いくつかのアミノ酸変異の組み合わせ(Q54H，V152IおよびA73Sや，V152IおよびN287Sなど）を持つウイルスが検出されている（次ページ図1）。

表1. A（H1N1）pdm09亜型ウイルスサブクレード別の検出数の推移，2026年

採取月	サブクレード	
	D.3.1	D.3.1.1
4	1	8
5	0	6
6	0	12
7	1	16
8	0	49
9	0	19

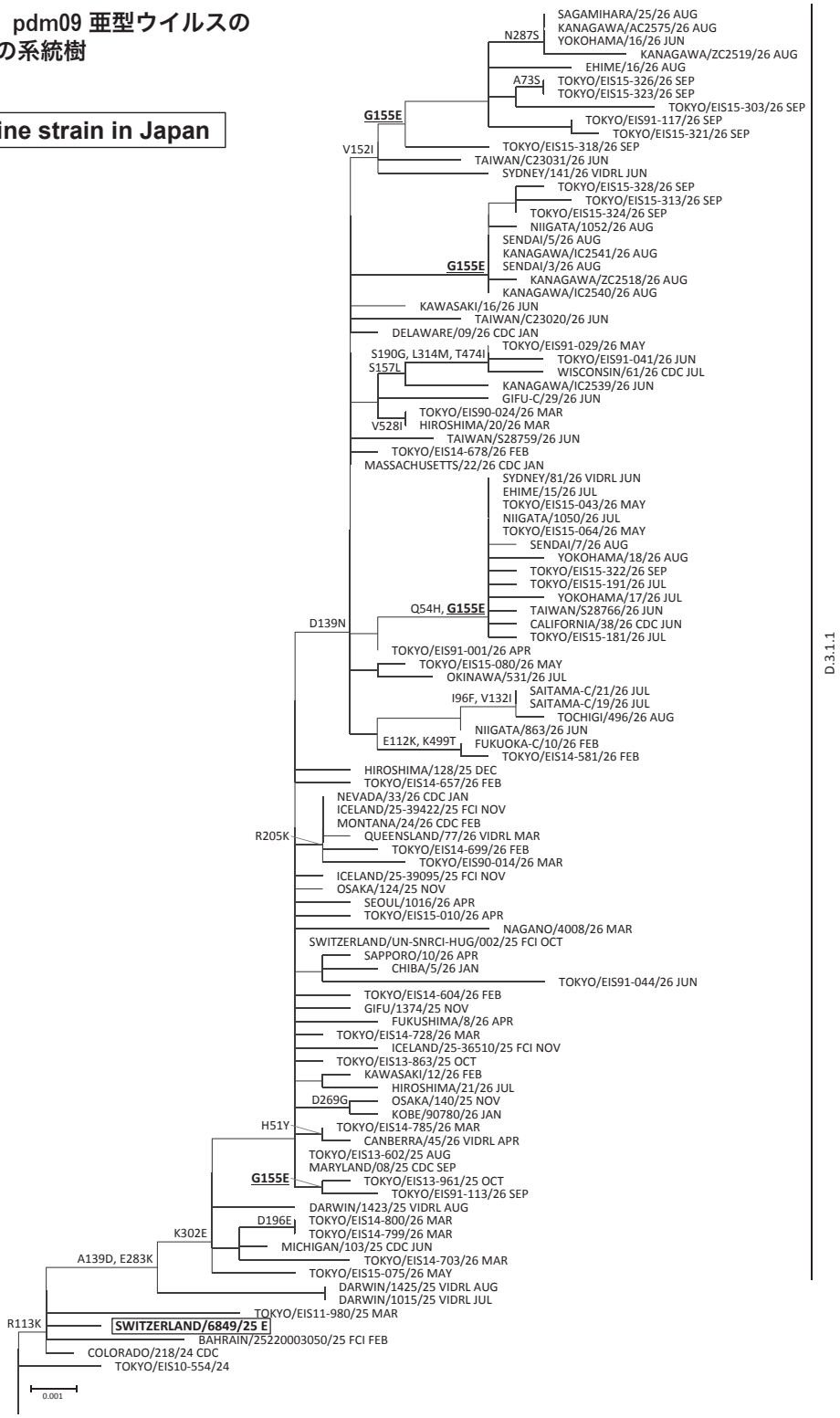
表2. G155E変異を持つウイルスの検出率の推移，2026年

採取月	G155E変異ウイルス数	H1pdm09解析総数	G155E検出率（%）
4	0	9	0.0
5	3	6	50.0
6	2	12	16.7
7	8	17	47.1
8	43	49	87.8
9	19	19	100.0

本号34ページ図2に，抗原性解析結果を系統樹に重ねて示した。系統樹上の点（○および□）は，検体採取月が2026年2月以降の各ウイルスを示している。各ウイルスの横には，各参照ウイルスに対するフェレット感染血清との反応性を示しており，系統樹上に点（○および□）で示していないウイルスについても，抗原性解析を実施したものについてはその結果を示している。各ウイルスに対するHI価を，各参照ウイルスに対するHI価と比較し，その低下の程度を凡例 , , , , で示している。同等～2倍の低下を ，それ以上の低下を , , , で示した（本号34ページ図2，HI価低下倍数）。抗原性解析の結果，G155E変異を持つウイルスは，参照ウイルスに対するフェレット感染血清との反応性の低下が認められた。特に，昨シーズン（2025/26シーズン）の鶏卵培養ワクチン推奨株であるA/Victoria/4897/2022に対するフェレット感染血清との反応性は8～16倍の低下を示した。

今夏のA(H1N1)pdm09ウイルスによる流行入りのタイミングが早くなった理由は複数の要因が考えられる。

図1. A（H1N1）pdm09 亜型ウイルスの HA遺伝子の系統樹



本亜型による前回の大きな流行は2シーズン前の2024/25シーズンであり，また上述のように2025/26シーズンではほとんど検出されなかったことや，2026/27シーズンのワクチン接種前であったことから，A(H1N1)pdm09亜型ウイルスに対する免疫が十分でない人が一定程度存在し，その状況がこの時期の流行に寄与した可能性は考えられる。さらに，抗原性に変化をともなう変異ウイルスが出現したことも，この時期の流行に影響した可能性が考えられる。

わが国のインフルエンザは冬季に大きく流行する季節性を明確に示しており，今夏の流行拡大の後にも，昨シーズンにみられたような二峰性の流行となる可能性もあり，今後A(H1N1)pdm09亜型ウイルスの流行が収まった後に，A(H3N2) 亜型ウイルスやB/Victoria系統ウイルスが増加する可能性もある。今後も急性呼吸器感染症サーベイランスを含む複数のサーベイランス

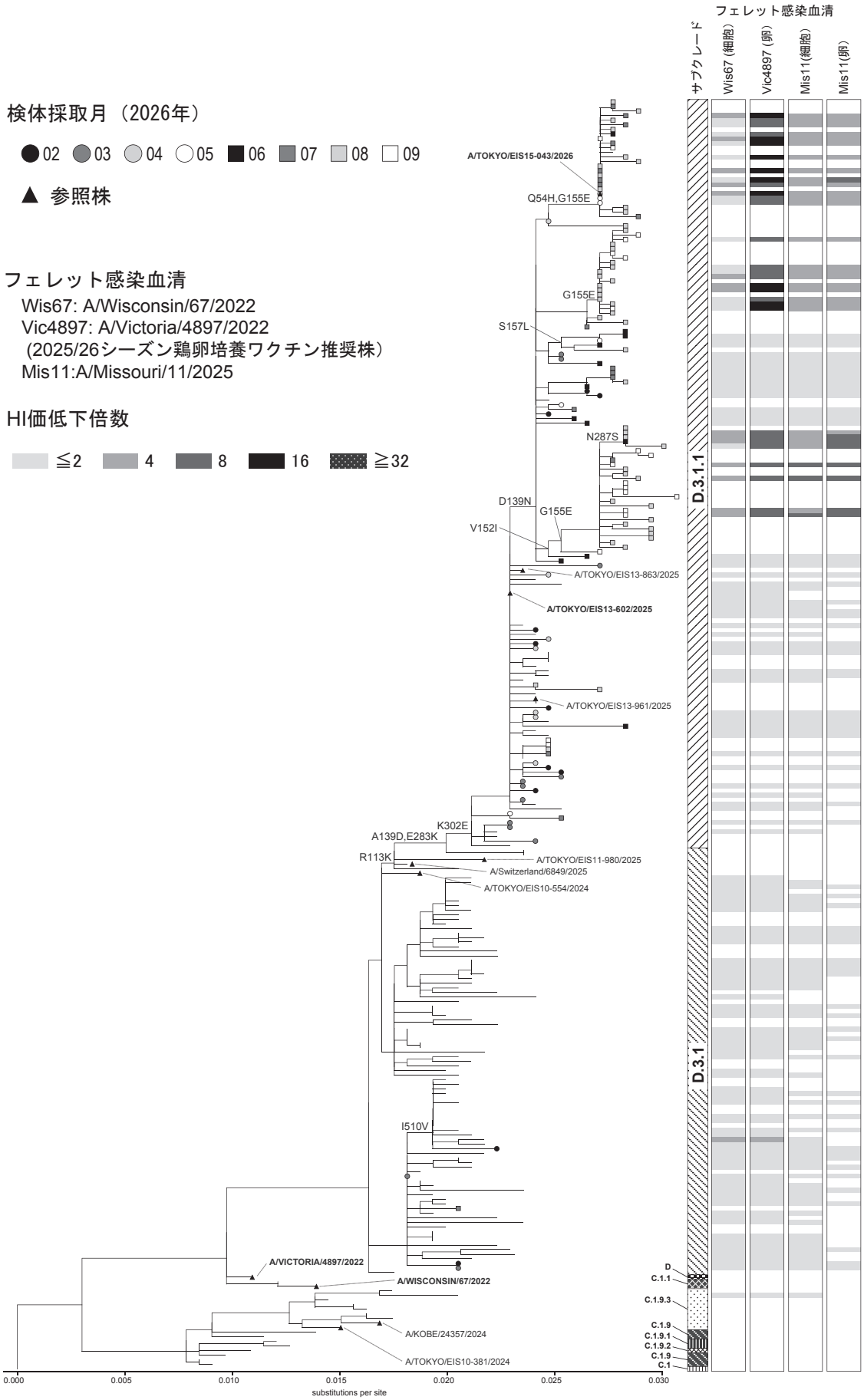


図2. 抗原性解析結果を組み込んだA（H1N1）pdm09亜型ウイルスのHA遺伝子系統樹

による国内のインフルエンザの発生動向を監視するとともに，国内外のインフルエンザウイルスの特徴を継続的に監視して，情報発信していくことが重要である。

国立健康危機管理研究機構
国立感染症研究所
インフルエンザ研究センター
渡邉真治　藤崎誠一郎　三浦秀佳
岸田典子　佐藤　彩　秋元未来
高下恵美　森田博子　永田志保
白倉雅之　中村一哉　菅原裕美
長谷川秀樹
感染症サーベイランス研究部
神垣太郎
感染症危機管理研究センター
齋藤智也

＜国内情報＞

大阪府内で2025年第1週～2026年第26週までに診断された麻疹症例発生状況

大阪府内では2025年に21例，2026年（第1～26週）は16例の麻疹症例が届出された。そのうち，国外渡航歴の記載があった症例（渡航例）は2025年が12例，2026年は5例であった（表）。2025年，2026年ともに，渡航例が継続的に報告された（図1）が，2026年の渡航例の割合（31%，5 /16）は2025年（57%，12/21）と比較し低かった。

渡航例の推定感染地域・国として，2025年は全国の傾向と同じくベトナムの記載が最も多かった。2026年は第26週時点で，全国ではインドネシアが最も多かった[1)]が，大阪府内では引き続きベトナムが最も多かった。大阪府内では2025年に，渡航例が発端となった国内感染例（国外渡航歴の記載のない症例）が複数発生した。それらの渡航例は，いずれもワクチン接種歴が“なし”または“不明”であった。一方，2026年は渡航例からの二次感染例の報告はなかった。国内感染例のうち，感染源不明例は2025年が9例中4例で，2026年は11例中9例と増加した。

2025年の国内感染例から検出されたウイルスのうち，判明している遺伝子型はすべてB3型で，nucleoproteinのN450領域に基づく系統樹解析では，2025年のこの時期にベトナムから多く報告されていた株と同じクレードに属した。また，2025年に大阪府内で届け出られた渡航例のうち，バングラデシュへの渡航歴のあった症例から検出されたウイルスも同じクレードに属していた〔次ページ図2（a）点線----枠内〕。一方，2026年第4～8週にかけて届出されたB3型の麻疹ウイルスは，系統樹解析で2025年とは異なるクレードにクラスターを形成しており〔次ページ図2（a）点線……枠内〕，新たに海外流行株が2026年に大阪府内へ侵入した可能性が示唆された。その時期（2026年第4～8週）に診断された国内感染例のうち感染源不明の7例について，症例間の疫学的関連性は認められなかった一方，検出されたウイルスは7例中6例がB3型であった。そのうちの4例については，N450配列が100%一致しており，その配列は2025年から麻疹流行のあった米国から報告されたものと一致していた〔次ページ図2（a）〕。また，それら4例は第5～6週と近い時期に診断されていることから，渡航例を起源とする同時期の国内感染伝播も想定される状況であったため，分子疫学的解析結果とともに保健所への情報共有を実施した。

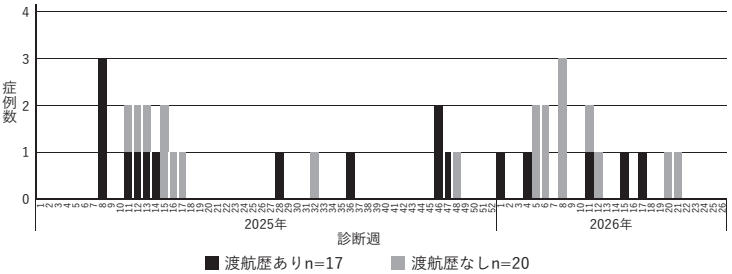
2025年および2026年に大阪府内で検出された遺伝子型D8型の麻疹症例7症例のうち4症例には国外渡航歴があり（表），2026年第8週以降に届出された3例で国外渡航歴がなかった。国外渡航歴がない3症例について，系統樹解析では同じクレードに属しており，同クレードにおいて海外からの報告も確認されたことから〔次ページ図2（b）〕，海外から侵入したウイルスが国内で伝播したものが探知されたと考えられた。

2025，2026年ともに，定期麻しん含有ワクチンの必要接種回数を満たさない渡航例が報告された（表）ことから，渡航前のワクチン接種の重要性について改めて伝えていくことが重要であると考えられた。加えて，定期麻しん含有ワクチン接種年齢に満たない（0歳児）渡航例が2025年2例，2026年（第1～26週）で2例報告されていた。このことから，定期接種年齢に満たない乳児をともな

表. 大阪府内で2025年第1週～2026年第26週までに診断された麻疹症例の内訳

診断年		2025年（n＝21）				2026年第1～26週（n＝16）			
区分[a)]		渡航例（n＝12）		国内感染例（n＝9）		渡航例（n＝5）		国内感染例（n＝11）	
ワクチン接種[b)]		あり	なし	あり	なし	あり	なし	あり	なし
症例数		**3**	**9**	**1**	**8**	**0**	**5**	**4**	**7**
年齢区分	1歳未満	0	2	0	0	0	2	0	0
	1～4歳	0	2	0	0	0	0	0	0
	5～10歳	0	0	0	1	0	0	0	0
	11～20歳	1	0	0	1	0	0	3	0
	21歳以上	2	5	1	6	0	3	1	7
遺伝子型	B3	9		8		4		7	
	D8	3		0		1		3	
	不明	0		1[c)]		0		1[d)]	

a) 渡航例：国外渡航歴の記載のあったもの
b) 5歳未満は1回以上、5歳以上は2回以上接種しているものを“あり”と集計している。接種歴不明は“なし”としている
c) IgM陽性で検査診断となった症例
d) 型別不能であった症例



＊渡航歴あり：国外渡航歴の記載のあったもの

図1. 大阪府内で2025年第1週～2026年第26週までに診断された麻疹症例の渡航歴＊別診断週別発生状況

い麻疹流行国への渡航を計画している者に対しても，可能な限りワクチン接種後の渡航を促し，感染を予防することが大切であると考えられた。大阪健康安全基盤研究所では大阪府内自治体と連携し，渡航を予定している大阪府民に対する注意喚起資材を作成する取り組みを行った[2-4]。また，2023年より麻疹症例の発生状況に関するレポートを大阪府内関係各所に共有することで，効果的な感染拡大防止策の実施につなげてもらう取り組みをしているところである[5]。

感染源不明例の割合が増加し，感染拡大リスクが高まる中，明らかな感染源が確認されなかった場合でも症例間に分子疫学的な関連が認められる場合があり，分子疫学解析結果が症例間の疫学リンクを探る手掛かりにつながる可能性が考えられた。このことから，大阪府内症例の分子疫学情報を解析するとともに，国内の他地域で検出されたウイルスとの関連を確認し，前述のレポート[5]に反映し，関係部署へタイムリーに還元していくことが重要であると考えられた。

謝辞：日頃より，感染症発生動向調査にご協力いただいている大阪府内の医療機関，保健所の皆様に感謝申し上げます。

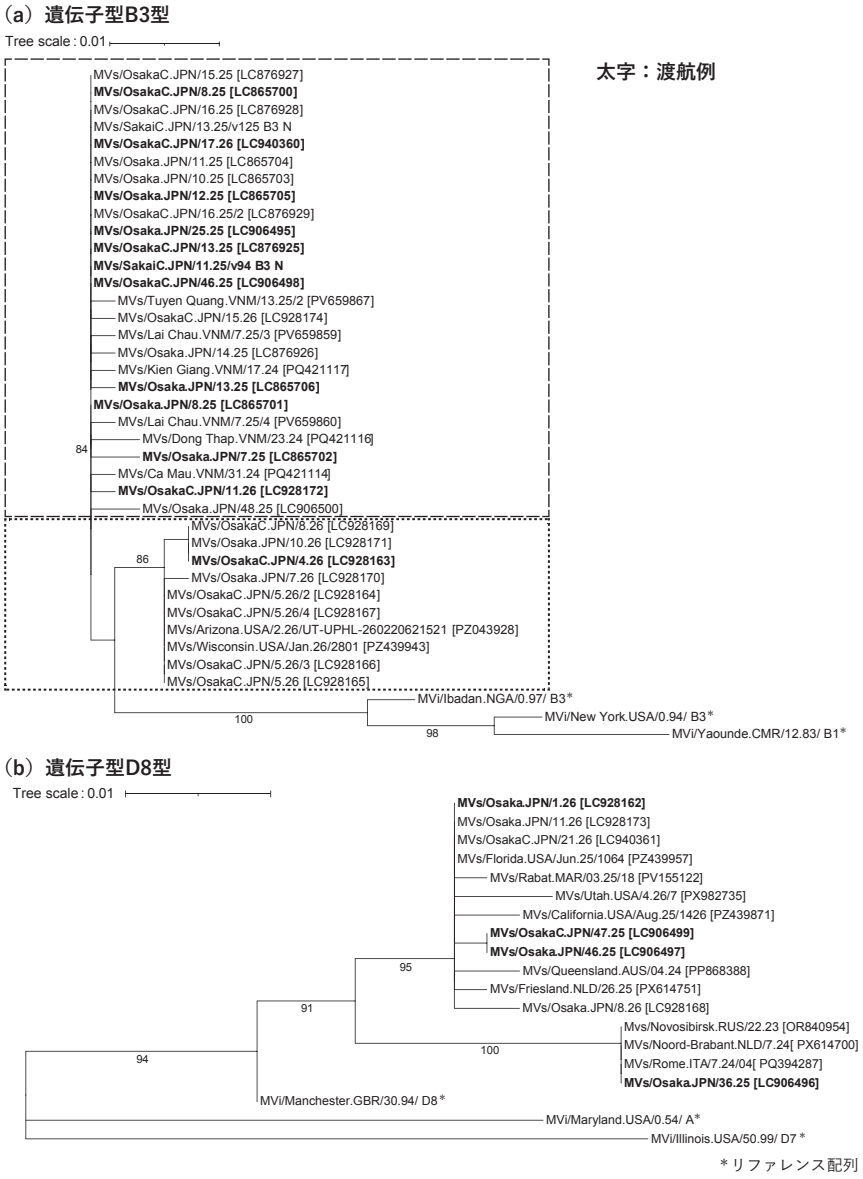


図2. 大阪府内で2025年第1週～2026年第26週までに診断された麻疹症例の麻疹ウイルスnucleoproteinのN450領域に基づく系統樹解析（ML法）

参考文献

1）国立健康危機管理研究機構感染症情報提供サイト，発生動向調査（IDWR），速報グラフ 2026年第26週，麻疹
https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/idwr/diseases/measles/graph/2026/meas26-26.pdf

2）大阪府，麻しん（はしか）
https://www.pref.osaka.lg.jp/o100030/iryo/osakakansensho/hasika.html

3）大阪市，麻しん（はしか）に注意しましょう
https://www.city.osaka.lg.jp/kenko/page/0000005758.html

4）大阪府感染症情報センター，大阪府内で麻しん（はしか）患者が報告されています！
https://www.iph.pref.osaka.jp/040/chuikanki/20250412081258.html

5）倉田貴子ら，IASR 44: 138-139, 2023

大阪健康安全基盤研究所
公衆衛生部
柿本健作　皐月由香　福住宗久
北島平太　関　雅之　山中靖貴
西田陽子　濱口重人　本村和嗣
微生物部ウイルス課
倉田貴子　上林大起
大阪府健康医療部保健医療室
医療・感染症対策課
高橋佑紀　正垣恭子　西野裕香
大阪市保健所感染症対策課
津田侑子　岡田めぐみ　中本成彦
堺市衛生研究所
三好龍也　小林仁美