

ID	感染症(PT)	出典	概要
1	インフルエンザ	CDCホームページ. <a href="https://www.cdc.gov/media/releases/2024/p0401-avian-flu.html">https://www.cdc.gov/media/releases/2024/p0401-avian-flu.html</a>	米国においてヒト1例が検査で高病原性トリインフルエンザ(HPAI)A(H5N1)ウイルス陽性であったことが、Texasから報告され、米国疾病予防管理センター(CDC)により確認された。本例はTexasにおいてHPAI A(H5N1)ウイルスに感染したと推定された乳牛に接触した。 本例は、米国において検査でインフルエンザA(H5N1)ウイルス陽性と報告された2例目のヒト症例である。過去のヒト症例1例は2022年にColoradoで発生した。CDCは、2021年後半にアウトブレイクが米国の野鳥及び家禽において初めて検出されて以降、H5ウイルスに感染した複数のトリに接触した複数のヒトの疾患を監視してきた。 複数の乳牛におけるHPAIは、2024年3月25日に米国農務省(USDA)によりTexas及びKansasで初めて報告された。Kansasの2つの酪農場及びTexasの1つの酪農場から採取された罹患したウシからの低温殺菌処理されていない牛乳と、Texasの別の酪農場においてウシ1例から採取された咽頭スワブが、検査で遺伝的クレード2.3.4.4bのHPAI A(H5)ウイルス陽性であり、これは、世界中のトリにおいて蔓延しているクレードと同一である。 2024年3月29日、USDAのNational Veterinary Services Laboratoriesは、最近Texasから複数のウシを受け入れたMichiganの乳牛群においてHPAIを確認したことなどについて記載。
2	インフルエンザ	J Med Virol. 94(2022)2855-2859	インフルエンザDウイルスは、2011年に米国で呼吸器疾患の症状を呈するブタから初めて分離された。ヒトにおける、さらに獣医師などの特定のターゲットグループにおける血清有病率については、ほとんど知られていない。本研究では、2004年に採取されたイタリアの獣医師集団の血清サンプルを用いて、赤血球凝集抑制(HI)アッセイで検査を行った。獣医師は、ブタ及び養豚場の密度が最も高い地域である北イタリア及び中央イタリアに勤務していた。検査の結果、4検体がinfluenza D/bovine/Oklahoma/660/2013株(D660株)に対してHI陽性を示し、そのうち2検体はinfluenza D/swine/Italy/199724/2015株(DOK株)に対しても陽性を示した。本研究により、遅くとも2004年の時点で、イタリアにD型インフルエンザウイルスが循環及び導入されていた可能性が示唆された。
3	インフルエンザ	USDA APHIS. <a href="https://www.aphis.usda.gov/news/agency-announcements/federal-state-veterinary-public-health-agencies-share-update-hpai">https://www.aphis.usda.gov/news/agency-announcements/federal-state-veterinary-public-health-agencies-share-update-hpai</a>	USDA、米FDA、CDC、州の獣医師、公衆衛生当局は、Texas、Kansas、New Mexicoの主に高齢の乳牛における疾患を調査している。2024年3月25日時点で、Kansas(2農場)とTexas(1農場)の酪農場から採取された、罹患したウシの低温殺菌されていない乳の臨床サンプルと、Texasの別の酪農場から採取された口腔咽頭スワブが、HPAIの検査に陽性を示した。これらの農場も同敷地内で死亡した野鳥を見つけたと報告したため、追加検査が2024年3月22日と同週末にかけて開始された。Texasの検査結果によると、これらの検出は、野鳥から持ち込まれたと考えられたことなどについて記載。
4	インフルエンザ	Zoonoses Public Health. 71(2024)281-293	米国では、人獣共通感染症の新型インフルエンザAウイルス(IAV)伝播事例の大部分は、農業フェアでのブタへの接触に関連して発生している。本研究では、2013~2015年に展示用のブタから採取した272のIAV分離株及びヒト宿主から採取した23のA(H3N2)vウイルスの全ゲノム配列を用いて系統解析を実施し、展示用のブタにおけるIAVの疫学とその後のヒトへの伝播を調査した。67件のフェア(24.2%)で少なくとも1頭のブタがIAV陽性となり、全体の推定有病率は8.9%(95%CI: 8.3~9.6、Clopper-Pearson法)であった。同時期に、ブタのIAV調査とは別に、Illinois州、Indiana州、Iowa州、Michigan州、Ohio州、New Jersey州及びMinnesota州でA(H3N2)vウイルスに感染したヒト症例が報告された。25例のA(H3)変異例のうち、10例(40%)はブタの調査を実施した4件の農業フェアで報告された。そのうちの3件では少なくとも1頭のブタが陽性であり、ブタが陽性であった3件のフェアのうち2件ではブタとヒトで同じ遺伝子型であった。3年間を通じて、ほとんどのフェアでブタから分離されたA(H3)遺伝子型は、ヒトにおける変異型IAV症例も引き起こした。Spearmanの相関係数によると、特定の遺伝子型が見つかったフェアの数と、同じ遺伝子型のヒト症例数との間に正の相関関係があることが示された( $\rho=0.67$ ; $p=0.0023$ )。A(H3N2)v分離株の塩基配列と、同じ年のフェアの展示ブタから分離されたIAV塩基配列の系統解析では、緊密なクラスタリングが示された。すべてのA(H3N2)vウイルス分離株のHAセグメントは、3.1990.4.1及び3.1990.4.2系統(クラスターIV A及びBサブクラスター)に含まれた。各年のA(H3N2)vウイルス分離株は、それぞれの年の展示ブタのIAV分離株と非常に高い遺伝的類似性を示した。これらのデータは、ブタ由来のIAVの複数の遺伝子型がヒトに感染していること、並びに特定の年に展示用のブタで広く蔓延しているIAV遺伝子型が変異型IAVのヒト症例で最も頻りに検出される株でもあることを示している。
5	ウイルス性脳炎	Vector Borne and Zoonotic Diseases. 22(2022)391-396	中国における仮性狂犬病ウイルス(PRV)脳炎に関する、症例報告とシステムティックレビュー。 【症例報告】43歳の男性が発熱、気分異常があり、入院。入院36日前から発熱と四肢の震え、入院35日前にはのたうつような手足の動き、眼球偏位、尿失禁、意識喪失を呈した。病原体検出により、脳脊髄液にPRV感染が認められ、てんかん重積状態のウイルス性脳炎と診断された。患者が飼育していたブタの大部分は、患者が発症する30日前に死亡しており、死亡は1~2日の間であった。また、ブタ発症前には多数のアヒルが死んでいた。 【システムティックレビュー】選択基準を満たした12人のPRV脳炎患者(本症例を含む)は、ブタと密接に関連した職業に従事していた。豚肉の最大の生産国及び消費国である中国において、養豚業界は徐々にPRV感染の脅威にさらされている。

ID	感染症(PT)	出典	概要
6	ウイルス感染	Viruses. 16(2024)80	<p>アストロウイルスは多数の宿主に感染可能な、種間伝播を特徴とする低分子RNAウイルスで、ヒト、コウモリ、ペット動物(イヌ、ネコ)、家畜(ブタ、ニワトリ、ウシ)、イノシシやラットなどの野生動物を含む80種以上の宿主から検出されている。感染は無症状の場合から全身性疾患を引き起こす場合までであるが、ヒトアストロウイルスは高齢者や免疫不全患者における下痢や胃腸症状との関連が最も多く、幼児における胃腸炎の原因としてはロタウイルスに次いで2番目に多い。</p> <p>アストロウイルスは臨床的にも農業的にも重要で公衆衛生上の懸念の可能性があるにもかかわらず、最も研究されていない腸管系RNAウイルスである。本研究ではポーランドの野生動物、ペット動物(イヌ、ネコ)、家畜(ブタ)における感染を調査した。野生動物、ペット動物166匹から腸試料を採取し、脾臓、リンパ節、腎臓をプールした組織試料を野生動物352匹、ペット動物(ネコ、イヌ)31匹、ブタ52頭から得た。腸試料、組織試料ホモジネート中のアストロウイルスRNA検出、サンガー配列決定、RdRp遺伝子のヌクレオチド配列に基づく系統発生解析が行われた。</p> <p>アストロウイルスRNAは、腸試料ではアカギツネ(n=9、陽性率13.6%)、ラット(n=2、22.2%)、ネコ(n=1、3.6%)から検出され、組織試料ではブタ(n=8、15.4%)、イノシシ(n=2、2.8%)、アカギツネ(n=6、4.4%)、ラット(n=3、33.3%)から検出された。本研究のアストロウイルスと参照株のヌクレオチド配列の同一性の割合はブタ、アカギツネ、ラット株で75.9~93.6%の範囲であった。これはアストロウイルスのようなRNAウイルスの進化の歴史は宿主の進化の歴史に従うという一般的な記述を確認し、種間伝播事象がよくあることではなく例外的であることを示している。しかし種間伝播事象は複数回立証されているので、除外することはできない。</p> <p>本研究ではポーランドの野生動物、ペット動物、ブタ集団からアストロウイルスが初めて検出されたことを報告し、アストロウイルスが野外の動物で頻りに循環する病原体であることを確認した。</p>
7	ウイルス感染	WHO ホームページ. <a href="https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON504">https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON504</a>	<p>2024年1月27日、中国のNational Health Commissionは、ヒトのインフルエンザA(H10N5)ウイルスと季節性インフルエンザA(H3N2)の同時感染の確定例1例を世界保健機関(WHO)に通知した。世界でヒトの鳥インフルエンザA(H10N5)感染が報告されたのは、この症例が初めてである。</p> <p>本症例は、2023年11月30日に咳嗽などの症状を呈したAnhui Province、Xuancheng Prefecture出身の60歳超の女性の農業従事者において発生した。女性は2023年12月16日に死亡した。</p> <p>Zhejiang Provinceの保健当局は、地元の治療施設が実施した核酸検査、ウイルス培養、遺伝子シーケンシングを受け、2024年1月22日に患者のサンプルから季節性インフルエンザA(H3N2)サブタイプと鳥インフルエンザA(H10N5)サブタイプウイルスを分離した。</p> <p>この患者は、2023年11月26日にアヒル1羽を購入する際に、生きた家禽に接触していた。冷蔵庫に保管されていたアヒルの肉からの7つのサンプルがH10N5の検査に陽性を示し、2つのサンプルがN5に陽性を示した(赤血球凝集素の結果は無し)。この患者にはブタやその他の哺乳類との接触歴は無かったことなどについて記載。</p> <p>当局による調査と検査では、ヒトの感染が疑われる新たな感染者は検出されていない。現在入手可能な疫学情報は、鳥インフルエンザA(H10Nx)ウイルスがヒトの間で持続的に感染する能力を獲得していないことを示唆している。したがって、ヒトからヒトへの感染の可能性は低いと考えられる。(2024年2月13日付け)</p>
8	エボラ出血熱	Transbound Emerg Dis. 2024(2024)5350769	<p>エボラウイルス属6種のうち4種は、ヒトの致死性の疾患を引き起こし得る人獣共通感染症病原体である。そのうちの1種であるブンディブギョウイルス(BDBV)は、2007年にウガンダ西部の致死性出血性疾患アウトブレイクで発見された。BDBVヒト症例はこれまでに211例確認され、致死率は33.6%である。コウモリはエボラウイルスの保有宿主である可能性が常に示唆されているが、ほぼすべてのアウトブレイクで初発症例の感染源は不明である。ブタは非病原性のレストンエボラウイルスに自然感染し、実験ではヒト病原性であるエボラウイルスに感染しやすいことが示されている。他のエボラウイルス属に対するブタの感受性や、公衆衛生リスクにおける役割等は不明である。これらの理由から、家畜のブタのBDBVに対する感受性を明らかにすることを目的とした研究を実施した。</p> <p>研究はカナダの関係機関が提示する方針に従い、封じ込めレベル4施設で実施された。6週齢ブタ計14頭を研究に用いた。2つのコホートで1頭ずつ、対照として感染前にサンプリングと剖検を行った。コホート1の6頭、コホート2の5頭の遠位咽頭にカテーテルを用いてBDBV接種材料を配置して感染させ、コホート2の1頭は培地を偽接種し伝播対照個体とした。ブタは安楽死(コホート1は感染後4、6、8日目、コホート2は10、21、28日目にそれぞれ2頭ずつ安楽死)まで直腸・口腔・鼻腔スワブ試料、鼻腔洗浄液試料、血液試料の採取、直腸温度測定、室内に吊るしたローブによるコホートごとの唾液試料採取が行われた。L遺伝子を標的とする各試料のrRT-PCRで、血液以外の全ての試料からBDBV RNAが検出された。体温上昇を呈した2頭以外に臨床症状は認められず、剖検では肺とリンパ節に肉眼的病変が認められた。剖検で採取された多様な呼吸器試料、リンパ節試料で感染性ウイルスが分離された。脾臓、嗅球、大脳からの低レベルのウイルス検出もそれぞれ1頭ずつ認められた。</p> <p>本研究は、家畜のブタがBDBVに感受性であることを示す最初の実験的感染研究である。結果は、粘膜曝露後の無症状のブタにおいて増殖性感染の発生、組織播種、感染性ウイルス排出が起こり得ること、上気道と下気道にウイルス量が多く呼吸器粘膜が重要であることを示した。エボラウイルスの中間宿主・増幅宿主としてのブタの役割は、ヒトの公衆衛生と食料安全保障の両方にとって懸念事項である。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
9	クロイツフェルト・ヤコブ病	JAMA Neurol. 81(2024)195-197	<p>クロイツフェルト・ヤコブ病(CJD)は急速に進行し、普遍的に致死的なプリオン病である。米国における研究では、Holman等の報告によるとCJDの発生率は1979年から2006年にかけては安定していたとされるが、近年の傾向については記述されていない。CJDのうち、孤発性CJDは最も一般的な型であり、高齢患者での罹患率が高い。我々は、CJDの最近の米国での傾向をよりよく理解するために、2007年から2020年までの死亡診断書データを調査した。</p> <p>【方法】このcross-sectional studyはthe Wide-Ranging Online Data for Epidemiologic Research multiple cause of death databaseのデータを使用して行った。2007年から2020年までのICD-10コードA81.0の死亡診断書を調査し、CJD罹患率と年齢・性別分布を調べた。死亡率サーベイランスデータベースの制限により、患者レベルの人口統計学的情報は収集できなかった。JoinpointRegression Program, version 4.9.1.0(National Cancer Institute)を用いて、inflection pointsと平均年間変化率(AAPC)を使用し特徴を明らかにした。Stata, version 18.0(Stata Corp LLC)を用いて、調査期間中のコホートの変化について検定を行い、両側検定<math>P &lt; 0.05</math>を有意とした。</p> <p>【結果】2007～2020年にかけてCJDの罹患率は上昇していた。(総計5882例;女性3009[51.2%]、男性[48.8%])。男性では2007年において100万人中死亡155例、罹患率1.05(95%CI:0.88～1.21)であったが、2020年では100万人当たり死亡238例、罹患率1.47(95%CI:1.28～1.65)であった(<math>P=0.001</math>)。女性では増加率がより大きく、2007年において100万人中死亡162例、罹患率1.06(95%CI:0.89～1.22)から、2020年では100万人当たり死亡264例、罹患率1.58(95%CI:1.39～1.77)であった(<math>P=0.001</math>)。年齢調整後、罹患率の増加は男性では有意ではなかった(100万人当たり1.06[95%CI:0.89～1.23]から1.19[95%CI:1.04～1.35];<math>P=0.25</math>)。一方、女性では有意であった(100万人当たり0.92[95%CI:0.78～1.06]から1.12[95%CI:0.99～1.26];<math>P=0.045</math>)。個々の年齢群では、罹患率が最も増加したのは75～84歳であったが、この所見は男性では有意ではなかった(100万人当たり3.50[95%CI:2.65～4.55]から7.48[95%CI:5.62～9.75];<math>P=0.18</math>)。また、女性においても有意ではなかった(100万人当たり3.38[95%CI:2.21～4.95]から5.20[95%CI:3.84～6.90];<math>P=0.07</math>)。Joinpoint解析では、男性(AAPC:2.9[95%CI:2.3～3.6];<math>P &lt; 0.001</math>)及び女性(AAPC:3.5[95%CI:2.2～4.7];<math>P &lt; 0.001</math>)の粗発生率が有意に増加した。粗発生率は年齢調整後に減少したが、男女とも有意なままであった(AAPC:男性0.8[95%CI:0.1～1.5];<math>P=0.02</math>、女性1.9[95%CI:0.6～3.2];<math>P=0.005</math>)。男性で有意な増加がみられたのは55～64歳の年齢層のみであったが、女性では全ての年齢層で有意な増加がみられた。</p> <p>【考察】今回の調査結果から、CJDの発症率は大幅に上昇しており、高齢者と女性に偏って発症していることがわかった。これらの傾向は日本のデータと一致しており、人口動態の変化が影響している可能性がある。しかし、今回の知見は、磁気共鳴画像やreal-time quaking-induced conversion法といった新しい診断ツールによるCJD発見の改善を反映している可能性もある。この研究は、CJD発症率の推定を死亡診断書データに依存しているため、限界がある。Davanipour等の研究はこの方法を支持しているが、このようなデータはコーディングの誤りや誤診の可能性もある。神経病理学的検査と遺伝子検査の両方から得られた結果は、死亡診断書データを補充し、サーベイランスを強化する可能性がある。この調査結果は、CJDの様相の変化を強調するものであり、高齢化する米国人口のモニタリングの必要性を示唆するものである。</p>
10	ジフテリア	ProMED-mail 20231008.8712514	<p>問題点:ジフテリアを引き起こす可能性がある新種の <i>Corynebacteria</i> 属菌によるヒト感染が確認された。</p> <p>【概要】新たにヒトにおいて感染することが認められた感染症に関する報告。パストゥール研究所のチームがジフテリアを引き起こす可能性のある <i>Corynebacterium</i> 科の新種の細菌について報告した。ジフテリアは細菌である <i>Corynebacterium diphtheriae</i> によって引き起こされることが最も多いが、パストゥール研究所の研究者らは本疾患を引き起こす可能性のある新しい細菌種を同定し、<i>Corynebacterium ramonii</i> と名付けた。本細菌種は以前、同じくジフテリアを引き起こす別の細菌である <i>Corynebacterium ulcerans</i> と混同されていた。本研究所のジフテリアに関するBiodiversity and epidemiology of pathogenic bacteria及び国立リファレンスセンターの責任者は、「本細菌種は新興種ではなく、新たに特徴付けられた種であり <i>C. ulcerans</i> とは遺伝的に異なるが、1950年に遡ると本細菌種による感染記録がある。」と述べる。細菌種の分類学を特定することでより良い監視が可能となる。「本細菌種は動物から伝染する <i>C. ulcerans</i> とは異なり、ヒトからヒトに感染する可能性が疑われ、混同される種である。」と本新種の解析の主導者は説明する。本細菌の発生は稀であるが、潜在的な出現を防ぐために同定可能にすることが重要である。「<i>C. ramonii</i> が生成するジフテリア毒素はジフテリアワクチンが目的とするものに非常に近く、ジフテリア毒素の保護により <i>C. ramonii</i> にも効果がある。同一の理由により、科学者が <i>C. ramonii</i> 感染が通常のジフテリアと異なる症状を引き起こすと考える理由はほとんどなく、抗生物質に対する耐性を示さないようである。」と研究者らは述べる。<i>C. diphtheriae</i> 種複合体は <i>C. ulcerans</i>、複数の動物種由来の人畜共通病原体を含む7種の細菌種からなる。本研究では2系統の <i>C. ulcerans</i> に属する表現型及び遺伝子型分離株を特徴づけている。in silico DNA-DNAハイブリダイゼーション及びMALDI-TOFスペクトルによる系統解析の結果は、<i>C. ulcerans</i> 系統2を系統1から区別し、その明確な流行動態(おそらくヒト-ヒト対動物-ヒト)とともに系統2が個別の <i>Corynebacterium</i> 種であることを示している。</p>
11	テニア症	Acta tropica. 227(2022)106297	<p>インドネシア・バリ島における無鉤条虫防除対策の実施における調査結果と歴史的概要についての内容。2019年にクブ州で糞便検体検査を介してスクリーニングした108人のうち、3例の <i>Taenia solium</i> (<i>T. solium</i>) taeniasis(2.8%)が同定された。2011～2016年に実施された調査結果と比較して、条虫症有病率に統計的有意差はみとめられなかった。2019年にクブ州で血清学的検査を行ったヒト110人及びブタ140頭のうち、糞虫症の症例は確認されなかった。これは、2011～2016年のヒトの血清有病率が4.1%、2011～2013年のブタの血清有病率が13.1%であったこととは対照的である。直近の過去10年間にわたり、小学生を対象とした健康教育に加えて、食前と排便後の手洗いに重点を置くなど、改善された飲料水と衛生システムが採用されている。広範囲にわたる健康教育プログラムにもかかわらず、所見から、流行地域では食品調理や食習慣にほとんど変化がなく、ブタからヒトへの <i>T. solium</i> の伝播はコントロール前のレベルのまま継続していることが示されている。</p>
12	テニア症	PLoS Negl Trop Dis. 15(2021)e0009234	<p>通常、<i>T. solium</i> cysticercosisは、中間宿主としてブタ、最終宿主としてヒトが関与しており、十分に加熱調理をされていない感染したブタを摂取することにより、<i>T. solium</i> 感染が引き起こされる。本研究では、ブルキナファソにおいて、豚肉の調理不足による <i>T. solium</i> 曝露に関連したヒト感染率と、環境中の <i>T. solium</i> の虫卵への曝露に関連したヒト感染率を比較するための事後分布が得られた。ブルキナファソでは豚肉調理への介入や衛生プログラムにより、ヒト、ブタの <i>T. solium</i> の虫卵の曝露及び豚肉の加熱調理不足が減少し、ヒトにおける <i>T. solium</i> 有病率の低下がみられた。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
13	テニア症	PLoS One. 17(2022)e0275247	豚条虫である有鉤条虫 ( <i>T.solium</i> ) は、ブタとヒトの両方に影響を及ぼす、予防可能な人獣共通感染症である囊虫症の原因となっている。発展途上国の多くの農村地域では、 <i>T.solium</i> の継続的な風土感染がてんかんやその他の神経疾患の主な原因となっており、重大な経済的損失の原因となっている。WHOは、流行国で <i>T.solium</i> の制御戦略を実施する必要性を強調している。シミュレーションモデリングは、寄生虫の感染を制御したり排除したりするための戦略の設計と評価に重要な役割を果たす。そのため、我々はペルーにおけるローカスケールの <i>T.solium</i> 感染を表現したエージェントベースモデル (ABM) である CystiAgent を開発したが、WHO の目標を満たす信頼性の高いモデルを実現するためには、課題が残されている。本文献では、ローカスケールの <i>T.solium</i> 感染の新しい ABM と、いくつかの流行地域で同時に観測されたヒトの条虫症とブタの囊虫症の有病率にモデルの出力を適合させるためのモデルキャリブレーションへの新しい、地域を限定しないアプローチを示す。本モデルにより、ブタとヒトの感染プロセス、ヒトとブタの集団の空間分布、ヒトの消費豚肉の生産及びペルー北西部の流行地域におけるブタと人の移動を含む、 <i>T.solium</i> 感染に関連する全ての側面が説明される。CystiAgent の新バージョンでは、ブタの感染とブタの汚染状態は個々の囊虫の蓄積に基づいている。ブタに感染している囊虫の数によって <i>T.solium</i> 感染の重症度が決まり、これらの囊虫は屠殺されたブタから豚肉に移行するため、ブタの環境汚染レベルへの曝露と、豚肉を食べたヒトが曝露する囊虫の数との間に直接的な関連性がある。囊虫数を導入することで、まだモデルに含まれていない <i>T.solium</i> の伝播の側面を直接表現できるようになり、ABM の柔軟性が高まる。 <i>T.solium</i> に関連する疫学データの経験的測定には高いレベルの不確実性があるにも関わらず、地域を限定せずに較正されたモデルのパラメータ化により、観測された有病率が許容可能な精度で再現される。較正されたパラメータ化を含むモデルが、流行地域内でうまく移行できることを示している。これにより、将来の研究では、限られた量の経験的データによって較正が妨げられる可能性のある村での <i>T.solium</i> 制御介入策の設計と最適化について情報を得ることができ、これまでのモデルと比較して、より広範な設定への応用の可能性が広がる。
14	テニア症	Zoonoses Public Health. 68(2021)937-946	<i>T.solium</i> taeniasis は、開発途上国の大部分の人々に影響を及ぼす顧みられない人畜共通感染症である。本疾患はインドのパンジャブ州における風土病であり、それを制御することは公衆衛生上の課題である。最近の研究では、州内で飼育されたブタにおける <i>T.solium</i> taeniasis の真の有病率は 3.69%、州内の輸入されたブタでは 8.77% と推定された。これと一致して、以前の研究でも、同州における推定有病率 4.23% のブタの囊虫症の風土病性が確認されている。ヒトの神経囊虫症の症例も同州から報告されており、2005年1月から2006年1月にかけて、パンジャブの三次医療病院で 109 症例が記録された。そこで、今回の研究では、パンジャブで生産された豚肉からの <i>T.solium</i> 曝露のリスクを、利用可能なパンジャブのデータを用いてパラメータ化した定量的リスク評価を用いて判定することを目的とした。食物連鎖に侵入する感染肉の量を減らすことは、本疾患を制御するために最も重要であるが、 <i>T.solium</i> taeniasis は、これまで十分な低温で数日間凍結処理されていなかった生又は加熱が不十分な豚肉の摂取後にヒトに発生することが知られている。今回のモデルは、パンジャブ州の豚肉消費者が <i>T.solium</i> の生存シストを摂取するリスクは低いことを示しているが、無視できる確率ではない。インドの人々における神経囊虫症の個体への影響だけでなく、集団への負担を考えると、本研究は、ブタの囊虫症対策がヒトの健康という観点から <i>T.solium</i> のライフサイクルにおいて重要であることを示している。
15	ニパウイルス感染	Infectious disorders drug targets. 22(2022)e170122200296	1998年9月、マレーシアの Ipoh において、ブタに接する農家の間で初めてニパウイルス (NiV) が検出され、1999年2月初めまで発生し続けた。1998年12月末までに Negri Sembilan で 2 回目のアウトブレイクが発生し、Bukit Pelandok では 3 回目のアウトブレイクも報告された。当初、これらのアウトブレイクは日本脳炎ウイルス (JEV) と考えられ、JEV のワクチン接種や蚊への対策が行われたが、ウイルスが拡大し続け多くのブタが死亡したため、JEV 感染は除外された。1999年3月には、科学者により NiV の存在が確認された。一方、マレーシアからの汚染されたブタの輸入により 1999年2月末に NiV 感染がシンガポールに拡大し、マレーシアでは 1999年5月まで、ブタの殺処分、ブタの輸送禁止、監視活動など、アウトブレイク抑制のため、複数の措置が講じられた。
16	ニパウイルス感染	Methods in molecular biology. 2610(2023)17-29	NiV における酵素結合免疫吸着検定法 (ELISA) やウイルス中和試験 (VNT) などの血清学的アッセイの方法に関する報告。NiV は、マレーシアのヒト脳炎発生時に初めて発見され、コウモリが保菌者であることが特定された。1990年代後半にマレーシアとシンガポールで NiV の発生が最初に報告されたとき、ブタが中間宿主としてヒトに感染した。その後、コウモリからヒト、ヒトからヒトへの直接感染のみが報告されているが、この病気の疫学においては依然としてブタがウイルス蔓延の潜在的な感染源であると考えられている。ブタにおける NiV を適切に特定するため、ELISA や VNT などの血清学的アッセイの方法・手順を示している。
17	バランチジウム症	Acta Tropica. 223(2021)106069	システマティックレビューとメタアナリシスに基づいて <i>Balantioides coli</i> ( <i>B.coli</i> ) の疫学的、臨床的及び検査室の特徴を分析した。1910年から2020年までの合計 103 件の論文が対象となり、これらのうち、75 件は臨床症例報告、28 件は疫学研究であった。997 人が <i>B.coli</i> に感染している可能性を示しており、エチオピアでは高い感染者数 (47.5%) が観察された。16% を超える感染者がブタ又はその排泄物の近くにいたため、ブタへの近接性と <i>B.coli</i> 陽性との間に有意な関連性 ( $p < 0.05$ ) が確認された。主な症状は赤痢であり、大腸への選択性が示唆された。腸管外感染は 27 人であり、泌尿生殖管への定着も考えられた。最も一般的な治療法は、テトラサイクリン系薬剤とニトロイミダゾール誘導体との併用であった。分析に使用された疫学的論文は不均一性を示していたが、このレビューによって、 <i>B.coli</i> の症例に関連すると思われる要因を説明することができた。
18	バランチジウム症	Research in veterinary science. 135(2021)424-431	<i>B.coli</i> はヒトに寄生する繊毛虫であり、ブタが主な保有宿主である。主な疫学的因子には、ブタとの接触、基本的な衛生設備 (給水、排水処理) や保健衛生の欠如などがある。ニューギニアでの研究にて、ブタがヒトの居住地あるいはその付近に保護されている場合、ヒトにおいて高い <i>B.coli</i> 有病率が認められたと報告されている。

ID	感染症(PT)	出典	概要
19	ヒトアナプラズマ症	Parasitol Int. 97(2023)102790	ダニ媒介性アナプラズマ属の出現は、世界中のヒトと動物に重大な脅威を与えている。血液塗抹の検査に基づく従来の調査では、出現しつつある病原体の存在を見落としている。本研究は、多様な地域の家畜種におけるアナプラズマ属を分子ツールでスクリーニングすることを目的とした。2021年6月から2022年3月にかけて、Jhenaidah県、Bogura県、Sirajganj県、Bandarban県、Naikhongchari郡において、ウシ( <i>Bos indicus</i> )、ガヤル( <i>Bos frontalis</i> )、ヤギ( <i>Capra hircus</i> )から276の血液検体を採取した。その後、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)による分子スクリーニングを行い、PCRの結果を確認するために塩基配列を決定した。PCRはgroEL ( <i>Anaplasma marginale</i> )と16S rRNA ( <i>A.phagocytophilum</i> と <i>A.bovis</i> )の解析に基づいて行われた。本研究で検出されたアナプラズマ属菌は、 <i>A. marginale</i> (10.51%)、 <i>A. phagocytophilum</i> (0.72%)、 <i>A. bovis</i> (63.77%)であった。しかし、 <i>A. platys</i> は本研究では検出されなかった。スクリーニングされた病原体のうち、 <i>A. bovis</i> (82.86%)の検出率はBandarban県で有意に高く、 <i>A. marginale</i> は同県のウシからのみ検出された。動物種別では、 <i>A. bovis</i> の発生はウシで有意に高かった。さらに、 <i>A. marginale</i> の検出率は成牛(2歳以上)で有意に高かった。系統解析の結果、 <i>A. marginale</i> のgroEL配列と <i>A. bovis</i> 及び <i>A. phagocytophilum</i> の16S rRNA配列は、各系統樹において単一クレードに含まれ、バングラデシュではそれぞれ単一の遺伝子型が循環していることを示した。本研究により、バングラデシュにおける <i>A. phagocytophilum</i> の存在が初めて報告された。
20	プラストシステス感染	Microbiol Spectr. 9(2021)e0036221	本研究では、タイ東部の農業地域の人々を対象に、プラストシステスの潜在的な感染源について検討した。その結果、プラストシステス感染は開放型養豚場システムと関連していることが判明した。遺伝学的解析の結果、タイ東部の地域社会では、少なくとも5つの亜型が分布しており、住民の間でプラストシステス属菌ST1が人獣共通感染症として伝播していることが示された。2018年1月、902人の参加者が本研究に登録され、745の便サンプルが採取された。プラストシステス感染の全有病率は15.7%(745人中117人)であった。プラストシステス感染の有病率は、年齢層(P<0.01)、職業(P<0.01)、学歴(P=0.03)、及び異なる村に居住する参加者間(P=0.01)で有意に異なっていた。本コミュニティにおけるプラストシステス感染のリスク関連性を単変量解析した結果、40~49歳の中年層(オッズ比[OR]、2.9; 95%信頼区間[CI]、1.4~6.0)、Non Sa Ard又はTun Geang村在住(OR、2.5; 95%CI、1.6~3.8)、畜産業従事者(OR、3.9; 95%CI、2.4~6.2)、ブタの飼育・繁殖及び養豚(OR、6.6; 95%CI、4.3~10.2)はプラストシステス感染症のリスクが高かったが、農業に従事していない者(OR、0.5; 95%CI、0.3~0.8)及び排便後の手洗い(OR、0.5; 95%CI、0.3~0.7)は感染リスクが低かった。多変量解析の結果、Non Sa Ard村(Moo 11)又はTun Geang村(Moo 18)に居住する参加者は、そうでない参加者に比べ、プラストシステス感染症のリスクが1.9倍(95%CI、1.2~2.9)高く、家畜としてブタを飼育・繁殖している参加者は、そうでない参加者に比べ、プラストシステス感染症のリスクが5.4倍(95%CI、3.4~8.5)高かった。結論として、混合感染と非制限的の分布が一般的であったタイ東部の持続的再感染コミュニティにおいて、プラストシステスの人獣共通感染源となる可能性が示された。ST1は依然として主要な感染原因のひとつであり、人獣共通感染症のリスク因子であるブタの糞便と関連していたが、その他の主要なST3及び軽微なST5、ST6、ST7の感染源は不明であった。ST1のプラストシステスの遺伝的背景がヒトと動物、及び開放農場で飼育・繁殖されたブタの間で密接に同一であることから、人獣共通感染症の可能性が強く示唆された。ブタの糞が有機肥料として地域社会に流通していることについては、植物栽培のための農作業中の接触が、地域社会の人々の間でST1の再感染を引き起こす重要な要因のひとつである可能性がある。したがって、このエビデンスは、特に有機肥料が動物の糞便副産物に依存している場合、農業地域の人々の腸内プラストシステス感染の罹患率を持続的に減少させるために、標準的な生産と保護接触を用いて動物の糞便副産物の有機肥料を適切に処理することに注意を喚起するものである。
21	ヘリコバクター感染	Veterinary research. 53(2022)42	non- <i>Helicobacter</i> ( <i>H.</i> ) <i>pylori Helicobacter</i> species (NHPH)である <i>H. suis</i> 、 <i>H. felis</i> 、 <i>H. bizzozeronii</i> 、 <i>H. salomonis</i> 及び <i>H. heilmannii</i> sensu strictoは人獣共通感染である可能性があり、またヒトにおいて臨床的に重要である可能性があることが示されている。NHPHのヒトへの感染は、イヌ、ネコ又はブタとの直接的又は間接的な接触、及び汚染された水の摂取を介して起こることが一般的に示唆されており、 <i>H. suis</i> については、別の感染経路として、汚染された豚肉が含まれる可能性がある。これらの直接的及び間接的感染は、ヒト及び上述の動物宿主に存在するNHPH株の遺伝的類似性を証明する分子解析の報告により、立証されている。
22	ヘルペスウイルス感染	Journal of NeuroVirology. 26(2020)442-448	脳脊髄液中のPRV配列の次世代シーケンスによって診断されたPRV感染によるヒト脳炎の症例報告。豚肉販売者の男性は、発熱とけいれん発作を起こし、昏睡状態となった。PRV配列の次世代シーケンスの結果、患者の脳脊髄液及び血液中にPRV配列が示され、サンガー配列決定法の結果、PRV抗体が陽性であることが示された。また、MRIの結果、両側半球に複数の炎症性病変が明らかとなり、これらの検査結果より患者はPRV脳炎と診断された。IDSAガイドラインと以前に報告されたPRV脳炎の症例の治療計画に基づき、アシクロビルとデキサメタゾンを用いて治療を行った。治療1カ月後、患者の意識は徐々に回復し、治療2カ月後、人工呼吸器を外し、退院した。本患者は、日常的に豚肉や豚肉製品に触れ、頻りに指を切っていたことにより、生の豚肉から皮膚の損傷を通じてPRVに感染したと考えられる。ブタのPRV陽性率が高い地域では、感染リスクの高い職業に就いている人々のPRV予防に対する意識を高める必要がある。
23	ヘルペスウイルス感染	Ocular immunology and inflammation. 29(2021)922-925	PRVは、オーエスキー病ウイルス又はSuidヘルペスウイルス1とも呼ばれ、ヘルペスウイルス科内のアルファヘルペスウイルス亜科の一つである。PRVは主にブタに感染し、新生子豚に致死性脳炎、成豚に呼吸障害を引き起こす。ヒトはPRVの中間宿主ではないにもかかわらず、近年、PRVによるヒト脳炎が報告されている。中国安比省のブタの屠殺業者であった49歳男性が、PRVによるウイルス性脳炎後に両側壊死性網膜炎を発症した。患者が接触した動物が患者の発病前に健康であったか、また、患者が触れた肉がPRVに汚染されていたかは不明である。次世代シーケンシング及びポリメラーゼ連鎖反応により、脳脊髄液及び末梢血中のPRVの存在が確認され、免疫学的検査により末梢血中のPRVの存在がさらに検証された。結論として、PRVは、ブタと密接に接触した者の間で、ウイルス性脳炎に続く両側性壊死性網膜炎を引き起こす可能性があることと示唆された。

ID	感染症(PT)	出典	概要
24	ヘルペスウイルス感染	Viruses. 14(2022)1003	PRV変異株の発生とゲノム進化の特徴、ワクチン開発の進歩、異なる動物種間での病原性と伝染、人獣共通感染症の可能性に関する報告。PRV変異株の発生とゲノム進化の特徴について、2011年に中国の多くの養豚場で発生した重篤な病気の原因が、PRV変異株であること、ゲノム進化に組換えが重要な役割を果たしていることが判明した。ワクチン開発の進歩について、Bartha K61ワクチンがPRV変異株を攻撃し、ブタを保護できることを示した。異なる動物種間での病原性と伝染について、様々な動物がPRV変異株の感染により死亡しており、特にマウス、ネコ、イヌは他の動物を感染させる可能性があり、ブタの製品や内臓などは他の動物から隔離しておく必要がある。人獣共通感染症の可能性について、ヒトにおけるPRV感染患者のうち、ほとんどがブタ関連の職業に就いているか、他の感染動物と濃厚接触している。また、指などを負傷していた患者もいた。感染した全ての患者は回復し、死者はいなかった。しかし、臨床的な症状は1カ月から数カ月続くことがある。ヒトの症例数が増加しているが、動物からヒトへの感染の正確なメカニズムは不明である。結論として、PRV変異株は、中国の養豚産業に経済的損失をもたらす、公衆衛生に対する脅威であるため、感染のメカニズムを解明し、ワクチンや抗ウイルス薬を開発する必要がある。また、種間感染に注意し、特にブタ関連の職業に就いている患者のスクリーニングをする必要がある。
25	ヘルペスウイルス感染	Viruses. 14(2022)1463	PRVはほとんどの哺乳類に感染し、養豚業に多大な経済的損失をもたらすことでよく知られており、本レビューでは、仮性狂犬病のより良い理解、予防、治療のために、PRVに関する最新の疫学情報を提供している。中国では2017年以降、ヒトへのPRV感染症例が増加している。PRVは主に異なる遺伝子型間又はクレード内で観察される頻繁な組換えによって進化した。組換えにより、2011年に中国でブタに仮性狂犬病が集団発生した変異株など、新たな変異株の発生が促進されている。中国では2017年以降、ヒトへのPRV感染例が25例報告されており、PRV変異株による感染と考えられた。これらの患者25名全員にブタ又は豚肉との接触歴があり、PRVのヒトへの感染における感染ブタの重要性が示された。
26	マイコプラズマ感染	ProMED-mail 20231220.8713827	問題点: デンマーク、ノルウェー及びスウェーデンにおいて新種の <i>Mycoplasma</i> 属菌 <i>Mycoplasma phocimorsus</i> によるヒト感染例が確認された。 【概要】新たにヒトにおいて感染することが認められた感染症に関する報告。猟師や漁師の間では、まれにアザラシを扱うことで seal finger として知られる非常に痛い手の感染症につながることがよく知られている。Seal finger は以前に <i>Mycoplasma phocacerebrale</i> と関連があった。2000年から2014年まで、デンマークの Statens Serum Institut (SSI) において、6つの独立した新規 <i>Mycoplasma</i> 種の系統が seal finger (M5725T、M6447、M6620、M6642及びM6879) 又は化膿性関節炎 (M6921) を有するスカンジナビア地域の患者から分離された。感染の発症前、すべての患者が不特定のアザラシとの接触を報告していた。6株のゲノムを配列決定し、既知の全ての <i>Mycoplasma</i> 種との関連性を推定した。16S rRNA 遺伝子配列とコアゲノム塩基多型を用いた系統発生解析は、分離株同士が非常に類似し、 <i>Mycoplasma</i> 属内の他の全ての種と系統発生的に異なることを示した。SSIの研究者らは、本感染症がこれまで知られていなかった特有な <i>Mycoplasma</i> 属菌によって引き起こされることを発見した。研究者らはこの新規細菌種を特徴付け、アザラシ咬傷による <i>Mycoplasma</i> にちなんで <i>Mycoplasma phocimorsus</i> (phoca: アザラシと morsus: 咬傷より) と命名した。研究者らはまた、本細菌がペニシリン系以外の抗生物質に感受性があることを示し、これにより、標的を絞った治療が可能となり、手や腕の可動性の低下等の合併症リスクが低下する。本発見は、SSIが数年間にわたってデンマーク、ノルウェー及びスウェーデンの患者からサンプルを受け取り、未知の <i>Mycoplasma</i> 属菌の分離に成功した際に発見された。標準的な細菌培養培地で増殖せず、以前に特徴付けられたヒト又は動物由来の <i>Mycoplasma</i> 種のいずれにも似ていない。
27	リステリア症	Food Microbiology. 89(2020)103433	リステリア症は食物由来の疾患で、罹患率は比較的低いものの、臨床症状の重症度と致死率が高いため、疾病負担が大きいことが特徴である。欧州では、2000年代以降、リステリア症の報告の増加がみとめられている。しかし、散発的なヒトリステリア菌の感染源は特定できないことが多いため、この増加の理由はほとんどわかっていない。本研究では、北イタリア(ピエモンテ州とロンバルディア州)のリステリア菌患者由来のリステリア・モノサイトゲネス株の複数の推定感染源の相対的な寄与を、確立された感染源帰属モデル(すなわち「Dutch」と「STRUCTURE」)を用いて比較して推測した。牛肉、乳製品、魚、狩猟肉、混合食品、混合肉、豚肉、家禽から収集した菌株の多座位配列タイピングと多毒性座位配列タイピングを比較した。2005年から2016年にかけて、合計634のリステリア・モノサイトゲネス分離株が収集された。感染源帰属分析の結果、ヒトリステリア菌感染者の50%(95% CI: 44~55%)は乳製品に起因する可能性があり、次いで鶏肉と豚肉(各15%)、混合食品(15%)が続いた。乳製品、鶏肉、豚肉製品の汚染は一次生産と密接に関連しているため、現在すぐに食べられる製品に限定されている措置を保菌動物レベルまで拡大することは、消費者レベルでの相互汚染のリスクを軽減するのに役立つ可能性がある。
28	レプトスピラ症	PLoS Negl Trop Dis. 14(2020)e0008662	新興の人獣共通感染症であるレプトスピラ症は、 <i>Leptospira</i> 属のスピロヘータによって引き起こされる。ラットは無症候性保菌動物であり、主な保有宿主となるが、 <i>Leptospira</i> 属は、野生及び家畜の多種多様な哺乳類の尿細管にコロニーを形成し、菌は感染動物の尿中に排泄され、淡水中で存続する。新しい宿主への伝播は通常、この汚染された水への曝露後に起こる。感染は低資源、熱帯、亜熱帯の場所で多くみられ、雨量の増加や洪水を伴うハリケーンなどの自然災害の後に発生することが多い。フランス領ポリネシア(FP)のレプトスピラ症も豪雨と関連しており、主に高地諸島で発生する。本研究では、2011年から2019年にかけて、FPにおいてレプトスピラ症と診断された患者から血液検体を採取し、分離された <i>Leptospira</i> DNA サンプルを解析した。解析の結果、4種の系統(lineage 1~4)に群を成す20種の遺伝子型(genotype 1~20)に分類された。lineage 4のうち、genotype 9はヒト、ラット、イヌ、ブタで共有されており、血清群 Icterohaemorrhagiae と関連していた。lineage 3である genotype 8はブタ、患者から分離され、血清群 Pomona、血清群 Canicola と関連していた。ブタは lineage 3の潜在的な感染源であることが判明した。血清群 Pomona、血清群 Canicola は同じ secY 配列を有しているため、区別がつかないが、血清群 Pomona は世界中のブタから分離された最も一般的な血清群であり、FPのブタに感染する株は血清群 Pomona と関連していることが示唆される。感染源として、げっ歯類のみならずブタも制御するための適切な公衆衛生介入の必要性が強調された。

ID	感染症(PT)	出典	概要
29	ロタウイルス感染	Infection, Genetics and Evolution. 115(2023)105507	従来とは異なるG3P[6]遺伝子型を有するヒトロタウイルス株は、世界各地の下痢症患者から散発的に検出されている。しかし、全ゲノムの塩基配列が決定され、特徴が明らかにされているアジア諸国(中国、インドネシア、ベトナム)由来のヒトG3P[6]株は3株のみであることから、アジアにおけるG3P[6]株の正確な起源と進化は未だ解明されていない。本報告では、日本(千葉)において、2020年12月に急性胃腸炎で入院した3カ月齢の男児の便検体から検出されたG3P[6]株(RVA/Human-wt/JPN/SO1199/2020/G3P[6])の全ゲノムの配列を決定し、特徴付けを行った。完全ゲノム解析で、SO1199株は独特のWa様遺伝子群配列: G3-P[6]-I5-R1-C1-M1-A8-N1-T1-E1-H1を有することが明らかになった。VP6遺伝子型I5及びNSP1遺伝子型A8は、ブタロタウイルス株において一般的に認められる。さらに、系統解析により、SO1199株の11遺伝子はすべて、ブタ又はブタ様ヒトロタウイルスの遺伝子と密接に関連しており、したがってブタ由来であることが示唆された。このように、SO1199株はブタ様遺伝子のバックボーンを保有していることが示されたことから、ブタロタウイルス株の種間伝播の結果である可能性が高い。SO1199株の全11遺伝子が、これまでに同定されたアジアを含む世界中のブタ様ヒトG3P[6]株とは異なるクラスター内に系統発生的に位置しており、ブタからヒトへの独立した人畜共通感染症の発生が示唆された。SO1199株がブタ由来であることは、ヒトとブタなどの家畜との間に近接することによる人獣共通感染症の発生を示唆している。実際、SO1199株が検出された千葉県はブタが多く、ブタとヒトが密接に接触している一大畜産地である。したがって、SO1199株が検出された男児は直接的あるいは間接的にブタと接触していた可能性がある。しかし、SO1199株の遺伝子について、ブタ株よりブタ様ヒト株の方が配列同一性が高く、SO1199株の進化経路はブタからの直接的な種間伝播よりも複雑かもしれず、ヒトと動物の両方でロタウイルス株を調査する必要がある。
30	ロタウイルス感染	Infection, Genetics and Evolution. 96(2021)105133	本研究では、ケニアの下痢患児(生後48カ月の女児)の便検体から検出されたG4P[6]株(RVA (Group A rotavirus)/Human-wt/KEN/KCH148/2019/G4P[6])の全ゲノムの特性を評価した。完全ゲノム解析により、KCH148株はWa様遺伝子群配列: G4-P[6]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T7-E1-H1を有することが判明した。NSP3遺伝子型T7は、ブタロタウイルス株において一般的に認められ、系統解析の結果、KCH148株の11遺伝子のうち10遺伝子がブタ由来であり、残りのNSP2遺伝子はヒト由来であることが示された。KCH148株はブタロタウイルスの骨格を有しており、ブタ由来である可能性が高いことが判明した。また、KCH148株がブタ由来であることは、ヒトと家畜が近接していることに起因する人獣共通感染も示唆しており、特にヒトとブタなどの密接な接触があるアフリカの発展途上国で顕著である。実際、KCH148株が発見されたKiambu郡は、ヒトと家畜が密接に接触している農村部を有する都市周辺の郡であり、KCH148株が検出された患児がブタと接触していた可能性がある。
31	ロタウイルス感染	Virus Genes. 57(2021)338-357	レオウイルス科に属するA群ロタウイルス(RVA)は、ヒト及び世界中の多くの動物種の双方において重度の胃腸炎の重要な病原体である。ほとんどのRVAは宿主に限定されているようであるが、再集合を伴う又は伴わないRVAの種間伝播が観察されている。ヒトRVAsに関しては、6G(G1~G4、G9、G12)と3P(P[4]、P[6]、P[8])が主要な遺伝子型と考えられているが、ブタRVAsはほとんどが5G(G3~G5、G9、G11)と2P(P[6]、P[7])の遺伝子型に割り当てられている。ヒトではG4は通常P[8]遺伝子型と関連しているが、ブタではP[6]と結合したG4が主に検出される。一方、世界各地の下痢症患者では従来とは異なるG4P[6]遺伝子型が散発的に検出されている。これらのG4P[6]株のいくつかの全ゲノムの塩基配列が決定され、特徴が明らかにされたことから、これらのヒト株の大部分がブタ由来であることを示す証拠が得られた。しかし、ヒトG4P[6]株の正確な進化パターンは、独特で菌株特異的な遺伝子型群を保有しているため、未だ解明されていない。本研究では、2014年と2015年に、タイの重症下痢症入院患者において、2つのG4P[6]株、DU2014-259とPK2015-1-0001を同定し、計514のRVA陽性糞便検体をG/P遺伝子型タイピングにより検査した。結果、2株ともG4-P[6]-I1-R1-C1-M1-A8-N1-T1-E1-H1という独特のWa様遺伝子型群を示した。NSP1遺伝子型A8はブタロタウイルス株で一般的に見られる遺伝子型である。さらに、系統解析の結果、DU2014-259株及びPK2015-1-0001株の11遺伝子はいずれもブタ由来と考えられた。一方、11遺伝子セグメントのうち9遺伝子セグメント(VP4、VP6、VP1~VP3、NSP2~NSP5)において一貫して異なるクラスターを形成しており、ブタからヒトへの独立した種間伝播が起こっていることが強く示唆された。この結果は、人獣共通感染症であるG4P[6]株の起源や、ブタとヒトのロタウイルス株の動的相互作用に関する重要な知見を提供する。
32	原虫感染、ヒトアナプラズマ症、バベシア症、トリパノソーマ症	Parasitol Int. 97(2023)102791.	ウシの生産はキルギスの国民経済に大きく貢献している。キルギスのウシのほとんどは、広域システムで管理され、共同牧草地で放牧されている。その結果、外部寄生虫が蔓延しており、ウシに媒介される様々な伝染病が多発している可能性がある。しかし、ウシに感染する媒介性病原体(VBP)の疫学が依然として不明なため、キルギスではそのような感染症を防除する方法を利用できない。そこで本研究では、キルギスのウシのVBPを調査することを目的とした。キルギスのウシ319頭から血液DNAサンプルを調製し、 <i>Babesia bovis</i> 、 <i>Babesia bigemina</i> 、 <i>Babesia naoakii</i> 、 <i>Theileria annulata</i> 、 <i>Theileria orientalis</i> 、 <i>Trypanosoma evansi</i> 、 <i>Trypanosoma theileri</i> 、 <i>Anaplasma marginale</i> 感染を検出するための特異的PCRアッセイでスクリーニングした。その結果、調査対象のウシは8つの病原体のうち6つに感染しており、 <i>B. naoakii</i> と <i>Try. evansi</i> は除外された。最も多かった病原体は <i>T. orientalis</i> (84.3%)で、次いで <i>B. bigemina</i> (47.6%)、 <i>T. annulata</i> (16.6%)、 <i>A. marginale</i> (11.6%)、 <i>Try. theileri</i> (7.2%)、 <i>B. bovis</i> (2.5%)であった。 <i>Babesia</i> 属特異的18S rRNA PCRを用いた <i>B. bovis</i> 及び <i>B. bigemina</i> 陰性検体の追加スクリーニングにより2検体で陽性が特定され、塩基配列解析からそれぞれ <i>Babesia major</i> 又は <i>Babesia occultans</i> に感染していることが確認された。我々の知る限り、これはキルギスのウシにおける <i>B. bovis</i> 、 <i>B. bigemina</i> 、 <i>B. occultans</i> 、 <i>Try. theileri</i> 及び <i>A. marginale</i> 感染の最初の報告である。この結果よりキルギスのウシはVBPによる感染症のリスクが高いことが示唆された。

ID	感染症(PT)	出典	概要
33	大腸菌感染	Microbiol Spectr. 11(2023)e0294722	オランダの養豚場にて、ブタ、ヒト(農家とその家族、従業員)の糞便サンプルを採取したところ、39カ所中18カ所の養豚場のブタ、146人中17人のヒトにおいてExtended-spectrum beta-lactamase (ESBL)産生 <i>Escherichia coli</i> ( <i>E.coli</i> ) の感染が確認された。多様なサブタイプ及び <i>E.coli</i> の遺伝子型にもかかわらず、7つの農場でのヒト由来及びブタ由来の株において、ESBL遺伝子、サブタイプ、及び遺伝子型における遺伝子類似性が観察され、潜在的なクローン間感染を示唆された。また、4つの農場では同一のESBL遺伝子とサブタイプが観察され、水平感染の可能性を強調している。ヒトのESBL産生 <i>E.coli</i> 感染は、ブタにおけるESBL産生 <i>E.coli</i> 感染及び週に養豚場で働く時間と関連しており、一方で長期間のヒトでの感染は偶発的にしか観察されなかった。さらに、ESBL産生 <i>E.coli</i> 感染ブタを飼育する養豚場の数は時間経過とともに減少したことに伴い、養豚場で生活し働くヒトの間でESBL産生 <i>E.coli</i> 感染は減少傾向を示したが、これはブタを介しての曝露が減少したためと考えられる。
34	旋毛虫症	Transbound Emerg Dis. 2024(2024)7550006	旋毛虫症は生肉や調理が不完全な肉、特に豚肉の摂取によって感染する肉媒介性疾患で、 <i>Trichinella</i> 種線虫(旋毛虫)によって引き起こされる。旋毛虫症は食肉検査と食品安全対策の厳格な遵守によって容易に予防できるが、インドでは旋毛虫症リスクが無視されており、限られた研究でしか症例が報告されていない。北インドのUttaranchalで頻発するヒトの散発的アウトブレイクにおける豚肉の役割、ブタ集団における旋毛虫のエビデンスの不足、Punjabにおける養豚需要の増大、豚肉消費に関連する旋毛虫症の公衆衛生上の重要性、流行している旋毛虫種を特定する研究がないこと等を考慮し、本研究では北インドの屠殺されたブタにおける旋毛虫種の存在について調査した。2017~2020年に北インドのPunjabとUttaranchalのさまざまな屠殺場/店舗から合計1,194点のブタの舌試料を収集し、239のプールバッチ(1プールに試料5点)として二重分離漏斗法で旋毛虫スクリーニングを実施した。9バッチから旋毛虫幼虫が検出され、これらのバッチに使用した試料のうち計15点が旋毛虫幼虫陽性であった。陽性試料の舌筋を消化して幼虫を回収し、PCRと配列決定によって分子的に種を同定した結果、 <i>T. britovi</i> と <i>T. nelsoni</i> であることが確認された。 <i>T. spiralis</i> はヒトにおける人畜共通旋毛虫症の典型的な原因と考えられているが、最近 <i>T. nelsoni</i> と <i>T. britovi</i> によるヒト旋毛虫症のエビデンスが増加している。 <i>T. nelsoni</i> と <i>T. britovi</i> はいずれも主に野生動物発症性で、主にアフリカ諸国と温帯地域の野生生物で伝播されており、インドと中国からの報告はない。 <i>T. britovi</i> へのヒト感染は放し飼いのブタの消費に関連している。一方、 <i>T. nelsoni</i> は家畜のブタからは検出されておらず、アカカワイノシシとイボイノシシで報告されている。これまでにインドの家畜と野生動物で循環している旋毛虫種に関する情報は得られておらず、さらに、散発的なヒト旋毛虫症症例における診断は <i>Trichinella</i> 属の同定に限定されている。本研究はインドにおいて種レベルまで旋毛虫を同定し、インドのブタにおける <i>T. nelsoni</i> と <i>T. britovi</i> の存在を実証した最初の研究である。インド国内ではこの寄生虫に対する食肉検査が義務付けられていないことから食品安全上の懸念もあり、旋毛虫の疫学的分布と伝播に関する広範な研究が必要である。
35	梅毒	Transfusion. 64(2024)325-333	2020年から2022年までの米国献血者における梅毒血清有病率と発症率 【背景】HIV、HBV、HCV感染は、米国の血液供給の約60%を占めており、Transfusion Transmissible Infections Monitoring Systemによってモニタリングされており、2020年には梅毒が追加された。 【研究デザインと方法】データは2020年10月から2022年9月まで集計された。梅毒有病率は、コンセンサス・ポジティブ(CP)であった同種ドナー及び指向性ドナー、及び活動性感染(AI)が確認されたドナーのサブセットについて推定した。有病率と発症率は、2020年10月1日からの2年間で1年間ずつ及び両年の合計について、人口統計学的に層別化した。発症率はリピータードナーについて推定した。梅毒陽性との感染症との関連を評価した。 【結果】1,475万件の検体において、梅毒有病率は28.4/10万件であり、1年目と比較して2年目は有意に高かった。2年間の梅毒有病率は全体で10.8/10万人年であった。CP感染の調整オッズは、1年目と比較して2年目に1.18倍(95%CI: 1.11~1.26)高く、AIでは2年目に1.22倍(95%CI: 1.10~1.35)高かった。男性、初回、黒人、若年(18~39歳)、米国南部国勢調査地域のドナーで高率であった。梅毒CPドナーはHIV CPである可能性が64倍(95%CI: 46~89)、AIドナーはHIV CPである可能性が77倍(95%CI: 52~114)であった(交絡因子をコントロールした場合)。 【結論】梅毒の有病率は、CDCが報告した全米の傾向を反映して調査期間中に増加し、HIV CPと有意に関連していた。
36	炭疽	PLoS One. 16(2021)e0260299	炭疽は世界的な人獣共通感染症である。炭疽はモンゴルにおいて長年にわたり公衆衛生及び社会経済問題となっている。現時点では、モンゴルにおける将来の炭疽発生の潜在的危険性及び炭疽発生に関連する可能性のある危険因子としての死骸埋葬場所に関する空間情報は存在しない。今回我々は、モンゴル国内で最も炭疽発生率が高かったフスグル県における家畜炭疽の歴史的時空間パターンを記述するために、家畜の死骸の処分場に関する遡及データ(1986年から2015年)を分析した。空間平均及び標準偏差楕円の結果から、家畜における炭疽の空間分布は研究期間を通じて変化せず、局所的な曝露源を示していることがわかった。multi-distance spatial cluster analysisにより、調査地域に分布する死骸の場所がクラスター化されていることがわかった。死骸の場所についてカーネル密度推定を行い、南部地域と北部地域周囲の低平地に炭疽のホットスポットが2つあることを特定した。この研究は30年間の研究期間のうちの最後の10年間に出現した北部の新しいホットスポットを明らかにした。最も高い症例の割合がウシで記録されており、その地域当たりの有病率が6つの地区(Murun, Chandmani-Uundur, Khatgal, Ikh-Uul, Tosontsengel, Tsagaan-Uul)で最も高かったことから、ワクチン接種はこれらの地区のウシを優先すべきであることが示唆された。さらに、発生規模はフスグル県の夏の平均気温の影響を受けており、これはおそらく永久凍土の凍結融解活動に影響を及ぼしていると考えられる。

ID	感染症(PT)	出典	概要
37	皮膚糸状菌症	Acta veterinaria Scandinavica. 65(2023)32	<i>Trichophyton mentagrophytes</i> 複合体によって引き起こされる皮膚糸状菌症(白癬)は、ブタではほとんど診断されないが、ヒトではますます一般的な感染症として認識されるようになってきた。さらに、抗真菌薬に対する耐性がアジア及び欧州で報告されている。北欧諸国において、屋外生産を行う有機肥育農場で飼育されたブタに円形の皮膚病変が発生し、検査室での分析の結果、 <i>T. mentagrophytes</i> 複合体による皮膚糸状菌症と診断された。感染は衛生状態の悪さ、高湿度、適度な外気温に加え、ブタの飼育密度が高いことと関連していた。罹患したブタと密接に接触した農場労働者が円形の皮膚病変を発症していたことから、皮膚糸状菌症の人獣共通感染症の側面が浮き彫りになった。皮膚糸状菌は、同様の病変がブタに発生した供給群から発生した可能性がある。さらに、同じ供給群から受け入れた別の有機肥育群のブタも皮膚糸状菌症を発症した。病変は、飼育条件が改善されるにつれて、治療せずに治癒した。罹患したブタを隔離することで、他のブタへの感染を防ぐことができた。また、スタッフはブタを扱うときは手袋を着用し、ブタの飼育施設で働いた後は手を洗うことを勧められた。 <i>T. mentagrophytes</i> 複合体はブタに白癬を引き起こす可能性がある。この真菌はおそらく毛皮内に存在し、環境条件が菌糸の成長を促進した場合、明白な疾患を引き起こす可能性がある。
38	細菌感染	Microbiol Spectr. 12:2(2024)e05141-22	メタン生成菌はヒトの腸内細菌叢に常在している。メタン生成菌 <i>Methanosphaera stadtmanae</i> はヒト腸内細菌叢から検出されている唯一の <i>Methanosphaera</i> 種で、消化器疾患・呼吸器疾患と関連しているが、ヒトに関連する <i>Methanosphaera</i> 種の実際の多様性は不明である。本研究はフランス、マルセイユで2021年8~9月に実施した。メタン生成菌に関するRT-PCRスクリーニングをヒト糞便試料で実施し、RT-PCR陽性試料を水素と二酸化炭素を含有しないGG培地で培養することで、 <i>Candidatus Methanosphaera massiliense</i> ( <i>Ca. M. massiliense</i> ) sp. nov. と命名した新規 <i>Methanosphaera</i> 種メタン生成菌が分離された。形態、抗生物質感受性、pH感受性等が分析され、全ゲノム配列決定、系統解析が行われた。pH6~7.3という狭い範囲の中性でしか生存しなかったことから、胃酸が少ないヒトや大量の <i>Ca. M. massiliense</i> 移植片に曝露したヒトは腸への <i>Ca. M. massiliense</i> 定着に好ましい可能性が示唆された。また <i>Ca. M. massiliense</i> は、ヒトで唯一分離されていた <i>M. stadtmanae</i> よりも、ヒト以外の哺乳類を宿主とする <i>Methanosphaera</i> 種の方が近縁であった。さらに、フランスの4つの県で収集されたヒト150例、動物313例(イヌ52例、ヒツジ20例、ウマ75例、ウシ52例、アカカンガルー50例、ブタ64例)の糞便試料でメタン生成菌に関するRT-PCRスクリーニングを実施した結果、ヒト1例、ブタ14例、アカカンガルー6例が陽性であった。屠殺場に送られるブタの <i>Ca. M. massiliense</i> 保有が観察されたことから人獣共通感染源の可能性が示唆され、 <i>Ca. M. massiliense</i> が宿主特異的系統を示さなかったことから食物摂取や動物との接触がヒト腸内細菌叢への伝播経路となる可能性が示唆された。本研究では、ヒトでは2番目となる <i>Methanosphaera</i> 種の分離に成功した。本研究で得られた知見は、人獣共通感染源の可能性、ヒトの健康に及ぼし得る結果についての疑問を提起する。
39	肉胞子虫感染	Parasitol Res. 123(2024)142	<i>Sarcocystis</i> はアピコンプレクサ属原虫であり、捕食者を終宿主、被食者を中間宿主とする二次性の生活環を有する。家畜及び野生のブタは <i>Sarcocystis</i> の中間宿主であり、筋肉内に肉包囊を形成する。一方、ヒトと非ヒト霊長類は最終宿主となる。 <i>Sarcocystis</i> に感染した豚肉を生や加熱調理不十分な状態で摂取すると、ヒトでは食欲不振、悪心、嘔吐、下痢などの胃腸炎の症状が現れることがある。本研究ではナイジェリアのブタにおける肉眼で見える囊胞の発生と、病原体に関する分子学的分析について報告する。ナイジェリアのBenue州Makurdiの屠殺場で食用に屠殺された家畜のブタ ( <i>Sus scrofa domestica</i> ) の骨格筋から、白色、楕円形、直径約3~8mmの肉眼で見える肉包囊を発見した。採取した肉包囊をホモジネートしたものからゲノムDNAを抽出した。肉包囊DNAを鋳型とするほぼ全長の18S rRNA遺伝子と、チトクロームcオキシダーゼサブユニット1( <i>cox-1</i> ) 遺伝子をPCRで増幅した。アンプリコンの配列を決定し、利用可能な <i>Sarcocystis</i> 種の配列を用いて系統樹を構築した。18S rRNA配列によるBLASTn検索ではイタリアのイノシシ由来 <i>S. suihominis</i> 分離株の配列で最も同一性が高く、 <i>cox-1</i> によるBLASTn検索では中国の家畜のブタ由来 <i>S. suihominis</i> 分離株で最も同一性が高かった。いずれの場合も <i>S. suihominis</i> が強く支持され、この肉眼的肉包囊形成寄生虫の種の同一性が確認された。これはナイジェリア及びアフリカ大陸における初めての <i>S. suihominis</i> 分子的同定である。Makurdiに非ヒト霊長類がないことから、この寄生虫がブタとヒト宿主の間でのみ循環していることが示唆された。ナイジェリアの養豚場ではブタとヒトの距離が近く、衛生状態が悪いことから、この人獣共通寄生虫が蔓延しやすく、公衆衛生上の脅威となっている。
40	鳥インフルエンザ	BMJ. 385(2024) q797	米国テキサス州にて、鳥インフルエンザ(H5N1ウイルス)の乳牛を介した初めてのヒト感染例が報告され、H5N1ウイルスの変異による新たな感染拡大が懸念されている。テキサス州保健局によると、患者の症状は鳥インフルエンザによくみられる結膜炎のみであり、抗ウイルス薬のオセルタミビル(タミフル)による治療を受けている。また、USDAによると、一般市民への感染リスクは低いとされている。感染したウシの牛乳はすべて処分するよう指示されており、低温殺菌法によってウイルスを死滅させることで食品チェーンへの侵入を防止できるとされている。著者は、ウイルスのウシ間での伝播を懸念し、モニタリング及びワクチン等の予防策の重要性を強調している。
41	鳥インフルエンザ	CDC FluView. 2024/03/30	2023年~2024年インフルエンザシーズン第13週(2024年3月30日まで)のトピックとして新型インフルエンザAウイルスについて報告された。ヒトのHPAI A(H5N1)ウイルス感染1例が、Texas Department of State Health Servicesから報告され、2024年3月30日にCDCにより確認された。テキサス州では最近、乳牛、家禽、野鳥においてHPAI A(H5N1)ウイルスが検出されている。この症例は、米国で2例目のHPAI A(H5N1)検査陽性者である。

ID	感染症(PT)	出典	概要
42	鳥インフルエンザ	CDC ホームページ <a href="https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/avian-situation-update.html">https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/avian-situation-update.html</a>	米国での乳牛のH5N1鳥インフルエンザ感染に係る追加情報。米国内9つの州の34の乳牛群でウシのA(H5N1)ウイルス感染を確認した。2024年4月1日にテキサス州の感染したと推定される乳牛に接触したヒトでの感染が1例確認されている。乳牛での複数州にわたるHPAI A(H5N1)の発生は、2024年3月25日にUSDAによって初めて報告され、A(H5N1)ウイルスのウシでの検出は初めてであった。USDAはウシ群間のウシの移動で感染が広がったと報告した。USDAは家畜の健康を守るために「家畜におけるHPAIの検査と報告を求める連邦命令」を発出し、州間移動の前に、乳牛のインフルエンザAウイルスの陰性検査を受けることを義務付け、監視を強化した。CDCは一般市民に対するA(H5N1)感染の現在のリスクは低いと考えているが、感染したトリ、ウシ、その他の動物、低温殺菌されていない牛乳又はこれらで汚染された環境に近距離で、長時間又は無防備に曝露したヒトの感染リスクは高いとしている。(2024年4月26日、CDC発表)
43	鳥インフルエンザ	CDC ホームページ <a href="https://emergency.cdc.gov/han/2024/han00506.asp">https://emergency.cdc.gov/han/2024/han00506.asp</a>	CDCは、感染した乳牛に接触したヒトへのHPAI A(H5N1)ウイルスの感染について、臨床医、州保健局及び公衆に通知するために、Health Alert Network Health Advisoryを発行している。本症例は、3月27日、結膜炎を訴え、商用酪農場での勤務中、A型インフルエンザウイルス(H5N1)に感染していると推定される乳牛(ウシ)への接触歴があったことが報告された。解析の結果、A型インフルエンザ(H5)ウイルス推定陽性と判断された。ウイルスのゲノム配列では、ヒト感染への増加に関わる新たな変異は認められなかった。本症例は抗ウイルス治療(オセルタミビル)を受けた。本症例は結膜炎以外の症状を認めず、入院せず軽快した。本症例の家族は、CDCの勧告に従って曝露後予防のためにオセルタミビルを投与されたが、発症は確認されていない。本症例は米国内で確認された2例目のHPAI A(H5N1)ヒト感染例である。A(H5N1)が感染哺乳動物との接触からヒトに感染したのは本症例が初めてと考えられている。A型インフルエンザウイルス感染は、ウシ種では稀であるが、3月25日、USDAはテキサス州とカンザス州の4箇所の乳牛群において、乳牛と未殺菌乳の標本からHPAI A(H5N1)ウイルスが初めて検出されたことを報告し、更に現在までに6州15農場からも当該ウイルスが検出されたことを発表している。USDAはテキサス州で最近検出された米国の野鳥、家禽、野生哺乳動物、ウシ由来のHPAI A(H5N1)ウイルスの遺伝子配列を公表しており、これらのウイルスは現在世界中のトリの間で循環する最も一般的なHPAI A(H5N1)ウイルスであった。CDCもテキサス州の本症例から同定されたウイルスのゲノムを公表しており、遺伝子配列は、動物由来のウイルスと比較して僅かな変化のみであった。
44	鳥インフルエンザ	CDC ホームページ <a href="https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/h5n1-analysis-texas.html?CDC_AA_refVal=https%3A%2F%2Fwww.cdc.gov%2Fflu%2Favianflu%2Fspotlights%2F2023-2024%2Fh5n1-analysis-texas.htm">https://www.cdc.gov/bird-flu/spotlights/h5n1-analysis-texas.html?CDC_AA_refVal=https%3A%2F%2Fwww.cdc.gov%2Fflu%2Favianflu%2Fspotlights%2F2023-2024%2Fh5n1-analysis-texas.htm</a>	米国テキサス州でのHPAI A(H5N1)ウイルスの感染拡大に関連し、CDCは、H5N1ウイルスのゲノム解析結果を報告した。テキサス州の患者から検出されたウイルス株の遺伝子配列は、畜牛、野鳥、家禽で検出されたウイルス株と比較され、テキサス州の感染したウシから検出されたウイルス株と近似しており、哺乳動物へ感染適応する変異は認められないことが確認された。また抗ウイルス薬に対する耐性マーカーも検出されなかった。したがって、CDCは、一般人への感染リスクは現時点では低いと判断している。
45	鳥インフルエンザ	CDC ホームページ <a href="https://www.cdc.gov/media/releases/2024/s0522-human-case-h5.html">https://www.cdc.gov/media/releases/2024/s0522-human-case-h5.html</a>	米国での乳牛からヒトへのH5N1鳥インフルエンザ感染の報告。ミシガン州にてヒトでの鳥インフルエンザ(H5)感染1例が確認された。ノイラミニダーゼサブタイプは解析中である。4月1日に報告されたテキサス州での1例に続き2例目であった。本患者は、テキサス州の場合と同様に、乳牛でのH5N1鳥インフルエンザ感染が確認された酪農場の労働者であった。患者は眼感染による眼症状が認められた。CDCは一般市民に対するH5N1鳥インフルエンザのヒトの健康に対するリスクは低いが、感染したトリや家畜を含む他の動物又は感染したトリや他の動物によって汚染された環境に近接又は長期間、無防備に曝露した人の感染リスクは高いとしている。(2024年5月22日、CDC発表)
46	鳥インフルエンザ	CDC ホームページ <a href="https://www.cdc.gov/nceid/whats-new/human-infection-H5N1-bird-flu.html">https://www.cdc.gov/nceid/whats-new/human-infection-H5N1-bird-flu.html</a>	米国テキサス州におけるHPAI A(H5N1)ウイルスによるヒト感染(更新情報): 2024年4月1日、テキサス州はCDCによる確認後、HPAI A(H5N1)ウイルス(H5N1鳥インフルエンザ)へのヒト感染1例について報告した。本ウイルスがウシ1例から発見されたのはこれが初めてであり、当該ヒト症例は米国で報告されたH5N1鳥インフルエンザの2例目である。この新規症例は、米国の複数の乳牛におけるH5N1鳥インフルエンザの複数の州の獣医学的アウトブレイクとも関連している。
47	鳥インフルエンザ	CDCホームページ <a href="https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2022-2023/avian-influenza-outbreaks-increased-globally.htm">https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2022-2023/avian-influenza-outbreaks-increased-globally.htm</a>	鳥インフルエンザの報告は、2013年~2022年にかけて世界的に増加している。CDCの新たな研究は、動物における鳥インフルエンザのアウトブレイクの報告数とヒトへの感染が世界中で増加していることを示している。現在H5鳥インフルエンザのアウトブレイクは世界的に発生し、米国でも商業家禽、裏庭の家禽及び野鳥の間で進行しており、一部の哺乳類でも散発的に発生しており、米国ではヒト症例が1例報告され、その他の症例も国際的に報告されている。2013年1月から2022年6月までに、世界中で21,000件以上の動物における鳥インフルエンザのアウトブレイクと2,000例以上のヒトへの鳥インフルエンザウイルスの感染において、34種の鳥インフルエンザウイルスのサブタイプの報告があった。HPAI H5ウイルスの4つのサブタイプ(H5N1、H5N8、H5N2、H5N6)が動物で報告されたアウトブレイクの約90%を占めていた。2023年8月9日時点で、米国では5,870万例以上の家禽と7,100例以上の野鳥が被害を受けている。

ID	感染症(PT)	出典	概要
48	鳥インフルエンザ	CDCホームページ. <a href="https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2023-2024/h5n1-analysis-texas.htm">https://www.cdc.gov/flu/avianflu/spotlights/2023-2024/h5n1-analysis-texas.htm</a>	問題点: 米国において、ウシからヒトへの初めての鳥インフルエンザA(H5N1)感染が確認された。 【概要】ウシからヒトへの感染が新たに判明した感染症に関する報告。2024年4月2日、CDCは、HPAI A(H5N1)ウイルスに感染したことが確認されたテキサス州の患者1例から採取した検体において同定されたインフルエンザウイルスのゲノムの配列決定を実施し、これらをウシ、野鳥及び家禽のHPAI A(H5N1)配列と比較した。患者は呼吸器症状及び他の症状を伴わない結膜炎のみを報告したことから、鼻咽頭検体で検出されたウイルスRNA濃度が低下した可能性があり、患者に呼吸器感染がないことが示唆された。患者検体由来のウイルス配列はHAクレード2.3.4.4b HPAI A(H5N1)であり、個々の遺伝子断片はテキサス州の乳牛から検出されたウイルスと密接に関連していることが判明した。遺伝子型はB3.13に分類され、テキサス州のウシで検出されたウイルスに対して米国農務省が特徴付けた同一の遺伝子型と一致した。2023年11月以降、米国では本遺伝子型を有するその他のウイルスが野鳥、家禽及び1例のスカンクから散発的に検出されている。ヒト分離株のゲノムにおいて、哺乳類の宿主へのウイルス適応に関連することが知られている1つの変化(PB2 E627K)が認められた。この変化は、HPAI A(H5N1)ウイルス及び他の鳥インフルエンザ亜型(例: H7N9)に感染したヒト並びに他の哺乳類で以前にも検出されているが、ヒトへの伝播の証拠はない。ウイルスは感染後に複製される際に宿主内で変化する可能性がある。
49	鳥インフルエンザ	JAMA. 331(2024)1615	米国で鳥インフルエンザ(H5N1ウイルス)が鳥類・哺乳類で広まっており、テキサス州において、乳牛と接触した農場労働者1名が感染した。感染者は結膜炎を発症し、抗インフルエンザウイルス薬による治療を受けた。CDCは、一般市民での感染リスクは低いと見られるが、結膜炎や急性呼吸器症状を示し、発症の前にトリや家畜などと接触した可能性がある場合、H5N1への感染を考慮すべきであると呼びかけている。
50	鳥インフルエンザ	Nature. 628(2024)484-485	米国8州の農場で鳥インフルエンザ(H5N1ウイルス)のウシ感染とヒト1名での感染が報告され、ウシからヒトへの感染拡大が懸念されている。保健当局は、一般市民への感染リスクは現時点では低いと見られるが、状況変化によりリスクが高まることを警戒しており、ワクチンや抗ウイルス薬、診断キットの開発、感染経路に関する研究等が行われている。CDCによると、テキサス州における感染者(酪農従事者)1例は現在回復中であり、眼の炎症が見受けられる一方、鼻におけるウイルスレベルは低く、呼吸器感染症には感染していないことが示唆された。本ウイルスは鼻や口の内側を覆う細胞には容易に侵入できないこともあり、現在ヒトでは広く蔓延していないが、ウイルスの変異によるヒトへの感染拡大が懸念されている。著者は、ウシ間でのウイルス伝播方法やワクチン等の感染拡大の制御方法を解明する重要性を強調し、継続的なモニタリングと研究が必要であると述べている。
51	鳥インフルエンザ	Nature. 629(2024)515-516	H5N1鳥インフルエンザ(H5N1ウイルス)がトリとウシの間で広がっており、感染したウシはヒトへの感染源となる恐れがある。感染したウシの症状は軽く、重症化したり死亡したりすることはないため、感染を検出するのは困難である。また、ウシは多数存在し、ヒトとの接触も多いため、最悪の宿主になりうる。ウイルスの拡散経路や最善の対策は未だ不明であり、感染したウシの検査とワクチン接種、農場労働者やその家族への検査の重要性が強調されている。今後、H5N1ウイルスが複数の生物種において蔓延し、パンデミックを引き起こすことを防ぐためには、早期のウイルス検出と対策が必要である。
52	鳥インフルエンザ	ProMED-mail 20240201.8714594	問題点: 中国において鳥インフルエンザA(H10N5)ウイルスによる初めてのヒト感染例が確認された。 【概要】新たにヒトにおいて感染することが認められた感染症に関する報告。2024年1月31日、保険省のCentre for Health Protection(CHP)は、中国本土浙江省において鳥インフルエンザA(H10N5)及びインフルエンザA(H3N2)に重複感染したヒトの症例を注意深くモニタリングしており、現地並びに旅行中の双方において個人、食品及び環境の衛生を厳格に維持するよう国民に再度呼びかけた。症例は基礎疾患を有する63歳女性であり、2023年11月30日に症状が発現し、2023年12月2日に治療のため入院した。2023年12月16日に患者は死亡した。患者の濃厚接触者は医学的監視期間中に異常を示さなかった。国家疾病予防管理局の情報によると、遺伝子解析の結果、H10N5ウイルスの遺伝子はトリ由来であることが判明した。一方、H10N5ウイルスのヒトへの感染リスクは低く、ヒトからヒトへの感染は確認されていない。「H10N5を含むすべての新型インフルエンザA感染症は、香港では届出対象の感染症である」とCHPの広報担当者は述べた。中国本土や他の感染地域への渡航者は湿った市場、生きた家禽の市場又は農場への訪問を避けなければならない。親戚や友人を訪問する際には、裏庭の家禽の存在に注意する必要がある。また、生きた家禽又は屠殺されたばかりの家禽を購入することを避け、家禽、トリ又はその糞に触れることも避ける必要がある。生きた家禽がいる場所を訪れる際には、個人衛生及び手指衛生を厳守すべきである。感染地域から帰国した渡航者は症状が発現した際には速やかに医師の診察を受けるべきであり、潜在的疾患の迅速な診断及び治療のために、渡航歴を医師に報告すべきである。渡航中の生きた家禽への接触歴(これは汚染された環境への曝露の可能性を意味する)の有無を医師に報告することが不可欠である。これにより、医師は鳥インフルエンザの可能性を評価し、必要な検査及び適切な治療を適時に手配することが可能である。現地での監視、予防及び管理措置が実施されている間、CHPは引き続き警戒を怠らず、WHO及び関連保健当局と緊密に協力して最新の動向を監視する。

ID	感染症(PT)	出典	概要
53	鳥インフルエンザ	ProMED-mail 20240215.8714865	WHOは本日(2024年2月13日)、H3N2季節性インフルエンザとH10N5鳥インフルエンザの重複感染後に死亡した女性に関する中国の最近の報告に、さらなる詳細を追加した。この症例は、H10N5が関与した初めてのヒト疾患という特色があった。60歳代の女性は、安徽省で農業を営んでおり、基礎疾患を有していた。2023年11月30日に呼吸器疾患の症状が始まり、2023年12月2日に入院した。病状が悪化したため、2023年12月7日に浙江省の施設に移送され、2023年12月16日に死亡した。2024年1月22日、浙江省当局は女性の呼吸器サンプルからH3N2ウイルスとH10N5ウイルスを分離し、これは2024年1月26日に中国疾病管理予防センターによって確認された。調査官は、女性が季節性インフルエンザの予防接種を受けていなかったことを発見した。症状が出る数日前、女性はアヒルを購入した際に生きた家禽に接触した。女性の冷蔵庫のアヒル肉を検査したところ、7例のサンプルからH10N5が検出された。女性はブタやその他の哺乳類と接触していなかった。女性の自宅から採取した環境試料は陰性だった。2つの省で女性との接触をモニタリングしたが、関連する症例は見つからなかった。農業当局はアヒルの追跡調査を行い、トリを処分し、感染地域を消毒した。WHOによると、H10N5株は世界各地の野鳥、家禽、哺乳類から時折検出されるという。報告を必要としない低病原性ウイルスであるため、感染率は不明である。H10N5は中国湖北省でブタから分離されたことがある。動物集団におけるH10N5の疫学を評価するにはさらなる研究が必要である、とWHOは述べ、これまでのところ、鳥H10ウイルスはヒトからヒトへ伝播する能力を獲得していない、と補足した。
54	鳥インフルエンザ	ProMED-mail 20240401.8715735	問題点: 米国において、ウシからヒトへの初めての鳥インフルエンザA(H5N1)ウイルス感染が確認された。 【概要】ウシからヒトへの感染が新たに判明した感染経路に関する報告。テキサス州保健局は、テキサス州における鳥インフルエンザA(H5N1)ウイルスのヒト症例1例を報告している。本症例は、目の炎症を呈し、鳥インフルエンザに感染したと推定される乳牛に直接接触したヒトにおいて確認された。CDCによると、本例は米国における2例目のH5N1インフルエンザのヒト症例であり、ウシへの接触に関連した1例目の症例である。2024年3月、Texas Animal Health Commissionはテキサス州の乳牛における1例目の鳥インフルエンザA(H5N1)症例を発表した。鳥インフルエンザA(H5N1)はインフルエンザウイルスの一種であり、通常は野鳥に感染し、家禽や他の動物に蔓延する可能性がある。ヒトに感染することもあるが、ヒトからヒトへ感染することは非常に稀である。初期検査では、ウイルスがヒトの間でより蔓延する可能性のある変化はしていないことが示された。現時点では、ウシの感染による市販の牛乳供給の安全性に懸念はない。酪農家は感染したウシの牛乳を廃棄又は転用することが義務付けられており、さらに、低温殺菌により鳥インフルエンザウイルスを死滅させることが可能である。本感染によって、CDCが米国の一般市民に対するH5N1鳥インフルエンザのヒト健康リスク評価は低いと考えていることに変更はない。しかし、感染したトリやその他の動物(家畜を含む)又は感染したトリやその他の動物によって汚染された環境に無防備に接近又は長期間にわたって曝露したヒトは感染リスクが高くなる。CDCはHPAI A(H5N1)ウイルスの予防、モニタリング及び公衆衛生調査に関する暫定的な勧告を行っている。テキサス州保健局は影響を受けた酪農業者に対して、従業員の曝露を最小限に抑える方法や、感染したウシのインフルエンザ様症状を監視し検査を受ける方法についてのガイダンスを提供している。H5N1インフルエンザに感染したヒトの症状は軽度(眼感染、上気道症状等)から重度(肺炎、死亡等)まで多岐にわたる。テキサス州保健局は影響を受けた酪農場周辺の医療提供者に対し、ヒトへの感染の可能性を警戒するよう求める健康警報を発令し、検査及び治療を推奨している。
55	鳥インフルエンザ	ProMED-mail 20240523.8716664	テキサス州での報告に続き、米国ミシガン州の農場労働者に、H5N1ウイルス感染が確認された。この労働者は感染したウシとの接触経験があり、軽度の眼の症状があった。眼から採取した検体は陽性だったため、眼からの感染が疑われた。畜産関係者の感染リスクは一般人よりやや高いものの、ヒトからの感染や重症な呼吸器疾患の報告はなく、食品安全や一般の人への感染リスクについては心配する必要はない旨が掲載されている。
56	鳥インフルエンザ	Science. 384(2024)370-371	米国テキサス州の農場において、乳牛、鳥、猫及び労働者1名へのHPAI(H5N1ウイルス)の感染が確認された。感染経路や影響への情報が不足しており、感染拡大への懸念が広がっている。感染した酪農従事者1名は、唯一の症状として結膜炎を生じており、CDCは州や地方の保健局、獣医師と連携して、感染者の健康をモニタリングするとのことである。著者は、本ウイルスの感染経路やウイルスの増殖メカニズムについての詳細な研究と情報公開が必要と考え、農場の安全対策や牛乳の殺菌法についても疑問視している。また、政府と業界は公共の安全と生産性のバランスを取りつつ、迅速かつ包括的な対策をとる必要がある、と主張している。
57	鳥インフルエンザ	Travel Medicine and Infectious Disease. 59(2024)102721	米国で乳牛にHPAI(H5N1ウイルス)が検出され、異例の感染拡大が懸念される。本ウイルスに感染した乳牛は、乳量の減少、乳汁の硬さの変化、食欲の減退などの症状を示すことが分かっており、ウシの移動制限や生乳の安全確保が必要である。また、テキサス州ではヒトへの感染例が確認され、ヒトにおける本ウイルスの伝播のリスクは低いものの、監視及び対応強化が求められている。著者は、農場では、飼育動物における疾患徴候の有無の綿密なモニタリングや、感染したウシの牛乳の安全な廃棄といった、厳格なバイオセキュリティ措置が必須であると述べ、畜産業の回復と公衆の健康を守るために緊密な協力が求められると主張している。
58	鳥インフルエンザ	USDA ホームページ <a href="https://www.aphis.usda.gov/news/agency-announcements/federal-state-veterinary-public-health-agencies-share-update-hpai">https://www.aphis.usda.gov/news/agency-announcements/federal-state-veterinary-public-health-agencies-share-update-hpai</a>	USDA、米FDA、CDC、州の獣医及び公衆衛生当局は、テキサス州、カンザス州、ニューメキシコ州の主に高齢の乳牛での泌乳量の減少、食欲不振、その他の症状である疾患を調査した。3月25日の時点で、カンザス州の2つの酪農場とテキサス州の1つの酪農場から採取された疾患のウシの未殺菌乳試料、テキサス州の別の酪農場の牛口腔咽頭スワブ試料を検査したところ、HPAIの陽性反応が検出された。農場内で死んだ野鳥も発見され、検査(3月22日)の結果、感染した野鳥がウシの感染源と考えられた。また、ウイルスがヒトに感染しやすくなる変化は認められなかった。現段階で、商業用牛乳供給の安全性や、消費者の健康に対するリスクについて懸念はない。酪農家は、健康な動物の牛乳のみを人間の消費用に加工するよう義務付けられている。感染した動物の牛乳は、食品供給に入らないように転用又は破棄されている。さらに、州間取引に流通する牛乳は細菌やウイルスの不活性化のため低温殺菌が義務付けられている。さらに、農家や獣医にウシの病気を迅速に報告するよう促すことで、潜在的な追加事例を監視する。情報は入手可能になり次第、引き続き最新情報を共有する。(2024年3月25日、USDA発表)

ID	感染症(PT)	出典	概要
59	鳥インフルエンザ	WHO ホームページ. <a href="https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON512">https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON512</a>	WHOは2024年4月1日、米国の国際保健規則(IHR)の国家連絡窓口より、HPAI A(H5N1)ウイルスによるヒト感染の確定症例について通知を受けた。本症例は3月27日に症状を発症し、インフルエンザA(H5N1)ウイルスに感染していると推定される乳牛への接触歴があった。本症例は感染したウシとの接触によって感染したA(H5N1)の1例目のヒト感染であり、同国で検出されたインフルエンザA(H5N1)の2例目のヒト確定症例である。
60	鳥インフルエンザ	WHOホームページ. <a href="https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON520">https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON520</a>	2024年5月23日、メキシコのIHRの国家連絡窓口は、メキシコシティにて入院していたメキシコ州在住の患者が、鳥インフルエンザA(H5N2)ウイルス感染症と確定診断されたことをPan American Health Organization (PAHO)及びWHOに報告した。これは、インフルエンザA(H5N2)ウイルスのヒト感染例としては世界で初めての症例であり、なおかつ初めてのメキシコにおけるH5亜型ウイルスによるヒト感染例である。患者がどのようにウイルスに曝露されたかは、現在のところ不明だが、メキシコでは家禽等でのインフルエンザA(H5N2)ウイルス感染が報告されている。IHR(2005年)によれば、新型のインフルエンザAウイルス亜型によるヒトへの感染は、公衆衛生に大きな影響を与える可能性のある事象であり、全例がWHOに報告される必要がある。現時点で分かっている情報に基づき、WHOはこのウイルスが一般住民にもたらすリスクは現段階では低いと評価している。
61	鳥インフルエンザ	WHOホームページ. <a href="https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON524">https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON524</a>	2024年5月23日にメキシコのIHRの国家連絡窓口はPAHO及びWHOに対し、鳥インフルエンザに感染したヒトの確定症例を報告した。インフルエンザA(H5N2)ウイルスに感染し、基礎疾患を有する患者が死亡した。これは、世界的に報告されたインフルエンザA(H5N2)ウイルスのヒト感染例で、メキシコで報告された初の鳥インフルエンザA(H5)ウイルス感染例である。この症例のウイルスへの曝露源は現在のところ不明であるが、メキシコでは家禽類からA(H5N2)ウイルスが報告されている。最新情報ではメキシコ当局はWHOに対し、6月6日、国の専門家グループが、患者は合併症に関連した合併症のために死亡したと判断したこと、メキシコ当局が実施した遺伝子解析の結果、このウイルスは2024年にメキシコのテスココ州の鳥類で得られた株と99%の類似性があることが確認されたことを報告した。入手可能な情報に基づき、WHOのリスクアセスメントに変更はない。今後、疫学的あるいはウイルス学的な情報が得られた場合には、リスク評価を見直す予定である。
62	E型肝炎	Food Safety News. <a href="https://www.foodsafetynews.com/2024/03/meat-recalled-as-finland-deals-with-hepatitis-e-rise/">https://www.foodsafetynews.com/2024/03/meat-recalled-as-finland-deals-with-hepatitis-e-rise/</a>	フィンランド当局は、E型肝炎ウイルス陽性の肉製品と国内の感染者数増加との関連性を調査している。1月及び2月に、フィンランド各地から81例のE型肝炎症例が感染症レジストリへ報告された。これらの半数は入院治療を必要とした。毎年20~60例のE型肝炎が感染症レジストリへ報告されている。2023年の報告数は30例であった。2023年1月にレジストリへ報告されたE型肝炎感染は1例のみであった。フィンランド食品局(Ruokavirasto)による検査で、国内の製造業者により製造された製品からE型肝炎ウイルスが検出された。これらの製品はリコールされ、現在は販売されていない。Kotivara社は2023年11月初旬以降に販売店や流通業者で販売された6製品を回収した。ほとんどの製品は賞味期限が切れていたが、2製品は2024年3月19日までの期限であった。国立保健福祉研究所(THL)による聞き取り調査を受けた30例中27例が罹患する前に様々なブランドのメットヴルスト(生の豚挽肉を使用した食品)やサラミを摂取していたと報告した。しかし、肉製品は一般的に消費される食品であるため、この知見の重要性を明らかにする必要があった。これが、フィンランド食品庁がTHLの報告書に記録されたブランドに基づいて様々な食品サンプルの検査を行った理由である。感染者44例の平均年齢は64歳で、70%が男性であった。THLは患者からのサンプルで検出されたE型肝炎ウイルスの遺伝子型を特定し、リコールされた陽性製品と比較を行っている。Ruokavirasto、THL及び地域の食品管理当局は、E型肝炎の感染源を調査している。調査には、リコールされた製品により何例の感染を引き起こした可能性があるのか、その他に汚染された製品がないかを判断することが含まれている。THLは13例のサンプルで検出されたE型肝炎ウイルスの遺伝子型を決定した。最も一般的な遺伝子型はHEV-3fであり、3つのクラスターを形成していた。HEV-3fは2019年にフィンランドで最後に検出された。2019年~2022年の間、HEV-3eとHEV-3cが患者サンプルで最も一般的な遺伝子型であった。より広範なEUの問題として、2月に欧州疾病予防管理センターは一部の国でE型肝炎感染症の急増が報告されたことを受け、状況を監視していると述べた。通常よりも多い患者が1月にベルギーとチェコで観測された。ドイツで350例超、チェコで63例、ベルギーで36例が記録されている。2024年1月、10カ国で520例のE型肝炎ウイルス感染が確認された。これら全ての症例間での関連性は確立されていない。ベルギーでは、遺伝子型3cが入手可能な情報を有する患者で最も頻繁に同定された。ウイルスの遺伝子型解析はスペインで進行中である。E型肝炎感染はE型肝炎ウイルス(HEV)により引き起こされる肝疾患である。感染を避けるためのアドバイスには、食べる前に全ての肉(特に豚肉)を十分に加熱すること、未調理の肉や肉製品へ触れた後は手を洗うことが含まれる。HEVの平均潜伏期間は5~6週間(幅:2~9週)であり、1~4週持続する場合がある。症状には倦怠感、食欲喪失、腹痛、悪心、黄疸が含まれる。しかし、一部の人は、特に幼児では症状が発現しない。