

感染症定期報告感染症別文献一覧表(2021/12/1~2022/3/31)

令和4年6月22日
 令和4年度第1回
 医薬品等安全対策部会
 資料 4-1

ID	感染症(PT)	出典	概要
1	HIV感染、梅毒	ProMED-mail 20211016.8699087	情報源:Lakeland PBS、2021年10月14日。HIV及び梅毒アウトブレイク数の週報が2021年10月12日付で更新された。ミネソタ州では現在、Hennepin郡とRamsey郡、及びDuluth地域でヒト免疫不全ウイルスのアウトブレイクが発生している。Hennepin郡とRamsey郡では2018年12月に始まったHIVアウトブレイクを調査している。このアウトブレイクは、診断時の居住地がHennepin郡又はRamsey郡であった(又は住所不定や投獄された)注射薬物使用者の間で発生している。2021年10月12日現在、Hennepin郡では64例、Ramsey郡では17例の症例が発生している。
2	β 溶血性レンサ球菌感染	Microb Genom. 7(2021)000648	B群連鎖球菌(GBS: <i>Streptococcus agalactiae</i>)はヒトの重要な新生児・日和見細菌病原体であり、食料安全保障に重大な影響を及ぼす乳牛の乳房炎の重要な原因である。1950年代に乳房炎防除プログラムが導入された後GBSは北欧の酪農産業からほぼ根絶されたが、21世紀になって再び出現した。数十年成功し他国でも成功しているGBS管理が北欧で失敗した理由は分かっていない。本研究では60年間にわたってスウェーデンの牛乳から収集され、国立獣医学研究所に保存されていたウシGBSの過去の分離株(1953-1978年;n=45)と現代の分離株(1997-2012年;n=77)のロングリード・ショートリード配列決定、コアゲノム解析、アクセサリーゲノム含有量分析を実施した。中間期は牛乳からのGBS検出が非常に稀で、保存された分離株は使用できなかった。解析の結果、世界的に分布するウシ適応系統CC61とマイナー系統CC297は過去の分離株でのみ検出され、現代の分離株では検出されなかった。対照的に、他の2つの系統(CC1、CC103/314)は現代の分離株でのみ検出された。CC1株の90%とCC103/314株の39%はテトラサイクリン耐性(TcR)遺伝子tet(M)を保有しており、これは過去の分離株では検出されなかった。TcRはウシ分離株では稀であるがヒト分離株では非常によくみられ、実際、ヒトGBSではTcRの獲得後に拡大した少数のGBS系列が優勢となっている。新たに出てきたウシGBS系統におけるTcRの存在は、これらの系統がヒト起源であることを示すと解釈された。GBSのプラスミドはほとんど報告されていないが、本研究では3つのプラスミドを同定した。このうち2つは、ヒト中咽頭においてGBSと共存する <i>Streptococcus pyogenes</i> 、 <i>Streptococcus dysgalactiae</i> subsp. <i>equisimilis</i> 由来のプラスミドと98%以上の配列類似性を示し、3つ目のプラスミドは既知プラスミドと有意な類似性を示さなかった。ヒト中咽頭における共存はプラスミドやその他の移動性遺伝因子の交換を可能とする。ヒト病原性連鎖球菌由来のプラスミドと非常に高い遺伝的類似性を有する2つの異なるプラスミドの検出は、プラスミド獲得後のヒトからウシへのスピルオーバーという逆人畜共通感染の発生が2回以上起こったことを示唆する。研究結果は、乳房炎防除プログラムによってスウェーデンの牛乳における主要なウシ適応系統(CC61)が根絶された後、複数回のヒトからウシへの宿主ジャンプにより乳牛集団へGBSが導入されたことを支持し、逆人畜共通感染伝播が動物疾病防除キャンペーンの成功を消し去ることができることを証明した。GBSや他の多宿主病原体の制御には、宿主種間の病原体多様性の継続的なモニタリングと、選択圧の変化や新たな病原体株の出現に対応した適応管理が必要である。

ID	感染症(PT)	出典	概要
3	β溶血性レンサ球菌感染	Transbound Emerg Dis. (2021)doi:10.1111/tbed.14331	<p><i>Streptococcus equi subsp. zooepidemicus</i> (SEZ)はウマからしばしば分離される人畜共通病原体で、多様な動物の疾患とも関連している。SEZ配列型(ST)194株は中国、米国、カナダのブタで高い死亡率のアウトブレイクを引き起こしているが、このSTによるヒト感染は報告されていない。タイでは2011年にヒトにおいてSEZアウトブレイクが起こり、14人中6人が死亡した。本研究では、2011年のアウトブレイク由来の13株、2005-2020年に散発的に発生したヒト患者由来の5株、計18株のタイのヒト由来SEZの後向き分析を行った。7つのハウスキープング遺伝子を用いた多座配列タイピング分析は、全ての株がST194に割り当てられた同一の対立遺伝子プロファイルを有することを明らかにした。パルスフィールドゲル電気泳動は同一のパターンを示し、これはタイの全国各地のヒト患者における、同一のパルスタイプを有するST194のクローン性分布を明らかにした。抗菌薬感受性試験は、全ての株がペニシリン、アンピシリン、セフトキシム、エリスロマイシン、レボフロキサシン、クリンダマイシン、クロラムフェニコール、テトラサイクリン、バンコマイシンに感受性であることを明らかにした。病原性関連遺伝子(bifA, szM, szP, sdzD, spaZ, fszF)は試験した全ての株に存在した。ブタ由来SEZ ST194株ATCC35246で見出された4つの病原性島におけるいくつかの代表的遺伝子が、本研究のSEZ株で検出された。本研究の3株のSEZの全ゲノム配列解析を行い、抗微生物耐性遺伝子を獲得していないこと、同じ毒性因子を持つことが示された。一塩基多型系統樹は、本研究の株がブタST194株とクラスター化していることを示した。SEZの人への人獣共通感染は稀であり、大抵は生食品の摂取や、基礎疾患を有する人の動物との濃厚接触と関連する。いくつかの研究では、主な感染経路が低温殺菌されていない牛乳や新鮮なチーズの摂取、動物(特にウマ、イヌ、モルモット)との濃厚接触であることが明らかになっている。2011年のアウトブレイク時の患者の72.2%は生の豚肉製品の消費歴を有していたが、散発性症例ではそういったデータがなかった。過去の報告と同様に患者のほとんどは男性、高齢であった。主な臨床症状は敗血症(61.1%)と敗血症性ショック(22.2%)であった。SEZ感染による粗死亡率は約24%とする報告があるが、本研究では33.3%であった。まとめると、本研究はタイのヒト患者におけるSEZ ST194のクローン性分布を示唆した。系統解析と毒性関連遺伝子の存在により、本研究のST194株が中国、米国、カナダのブタで高い死亡率を引き起こした株と近縁であることが示された。大衆は、生の豚肉製品を食べるというタイの伝統的習慣に伴うリスクを認識すべきである。</p>
4	アルボウイルス感染	ProMED-mail 20211006.8698881	<p>新規ウイルスYezo virus (YEZV)が日本で発見された(2019年に記録された41歳の男性及び2020年に報告された1例)。journal Nature Communicationsで発表された研究において、この2例の血液サンプルの遺伝子分析を通じて本新規orthonairovirusを特定した。またダニ媒介性疾患の疑いのある248例の血液サンプルの検査が行われ、2014~2020年に7症例が存在したことが判明した。北海道のニホンジカ及びアライグマにおいてYEZVに対する抗体が発見されたことなどについて記載。(2021年10月6日付け)</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
5	アルボウイルス感染	ProMED-mail 20211113.8699641	<p>患者の血小板と白血球を減少させ、まるで Dengue 熱のように振る舞う「謎のウイルス性発熱」の症例がカラチで目撃されているが、Dengue 熱の検査では陰性であることが判明したと、臨床医と病理医が木曜日(2021年11月11日)にThe Newsに語った。「この数週間、血小板と白血球が減少し、他の臨床症状も Dengue 熱に類似しているウイルス性発熱の症例を診ている。しかし、これらの患者の NS1 抗原検査を実施すると、その検査結果は陰性になる。」と、ダウ健康科学大学の分子病理学部長の Saeed Khan 教授は述べた。カラチ市内の様々な病院の内科医や血液病理医など他の専門家も、Dengue ウイルス様の病原体がカラチに蔓延しており、Dengue 熱と同様の作用を示し同じ治療プロトコルを必要とする疾患を引き起こしているが、Dengue 熱ではないことを確認している。Dengue 熱の高い有病率と謎のウイルスにより、カラチ全土の病院や血液バンクは、血小板のメガユニットとランダムユニットの急激な不足に直面していることを臨床医らは述べ、Dengue 熱やマラリアのような節足動物媒介性疾患から身を守るための予防措置を自ら講じるよう勧告した。謎のウイルスについてのコメントで Khan 教授は、Dengue 熱のような疾患を引き起こす、アルボウイルス科の別のウイルスである可能性があること述べた。「Dengue ウイルスかどうかを調べるために PCR 検査までも実施したが、Dengue ウイルスではない。ジカウイルスは異なった振る舞いをするため、ジカウイルスでもない。このウイルスが Dengue ウイルスの未知の変異体である可能性もほとんどない。」と述べた。同氏は代表チームが新しいウイルスの研究を開始したと述べた。グラジャンイクバルの小児病院に所属する分子科学者の Muhammad Zohaib 博士は、Dengue 熱ではないが Dengue 熱様症状を呈したウイルス性発熱の症例が、同病院及びカラチ市内の他の数名の病理医によっても目撃されていることを確認した。「増え続ける Dengue 熱症例に加えて、この謎のウイルス性疾患により、血小板のメガユニットとランダムユニットが市内で極端に不足している。人々は自身の大切な人のため、血小板のメガユニットとランダムユニットを求めてあちこち移動している。」と同氏は述べた。ある公共機関健康施設に所属する上級血液病理医である Zeeshan Hussain 医師は、幸運なことに、Dengue 熱に類似する謎のウイルス性発熱では現在までは1例も死亡に至っていないと述べた。同医師は、このウイルスに感染した患者らを Dengue 熱に罹った患者と同様に治療していると付け加えた。「今のところこのウイルスは、出血を開始した患者において、血小板減少によって出血熱を来すことはない。この未知のウイルスに感染した患者のうち大多数は標準療法に反応している」と Hussain 医師は付け加えた。アーガー・ハーン大学病院の感染疾患専門医である Faisal Mehmood 医師はこの謎のウイルスについて質問され、カラチの環境で伝播し Dengue ウイルスのように振る舞うもう一つのウイルスが存在する可能性があること答えた。しかし、同医師は自身の臨床ではそのような症例を全く観察していないとも付け加えた。血液内科医の Saqib Ansari 医師は、しかし、Dengue 熱症状を呈するが検査では Dengue 陰性を示す人々の現象はカラチにおいては新しいものではないと述べた。同医師はそうした症例が2008年以降観察され続けていると主張し、何らかの結論に達する前にさらなる調査を求めた。「私は血小板数が落ちるとともに ALT も上昇する患者の症例を診てきたが、そうした患者は Dengue 熱の古典的症候群を呈するのに Dengue 熱検査では陰性となる。偽陰性結果が報告されている可能性があるため、この点についてさらに調査が必要である」と Ansari 医師は述べた。</p>
6	アルボウイルス感染	第53回日本小児感染症学会総会・学術集会 (2021/10/09- 2021/10/10)WS1-4	<p>北海道におけるマダニ媒介性感染症としてこれまでライム病、新興回歸熱、ダニ媒介性脳炎が報告されている。2019年、北海道でマダニと思われる虫刺咬後、発熱と下肢痛を発症した患者より新規オルソナイロウイルスであるエゾウイルス(YEZV)が検出された。コッホの原則を満たしてはいないものの、既知の病原体による感染症は否定され、エゾウイルスによる感染症と診断した。患者は高尿酸血症、高脂血症の既往歴がある40代男性。2019年5月中旬山林にて山菜採取を行い、翌日右側腹部の虫刺咬に気づき自己抜去した。刺咬後5日目39°C 台の発熱にて発症し、両下肢痛が出現し歩行困難となったため刺咬後9日目に入院となった。右下腹部に虫刺咬痕と思われる皮膚所見を認めた。入院時、白血球1,600 / μL、ヘモグロビン15.2 g/dL、血小板87,000 / μL、Dダイマー5.5 μg/mL、AST 3703 U/L、ALT 1783 U/L、LDH 4069 U/L、ALP 188 U/L、CK 5847 U/L、CRP 0.63 mg/dL、フェリチン55、200 ng/mL。尿検査にて潜血3+、赤血球1~4個/HPF、ミオグロビン尿を認めた。胸腹部骨盤造影CTにて明らかな感染源を認めなかった。入院5日目、著明な異型リンパ球増多(白血球8,200 / μL、A-Ly 76.0%)が出現した。精査にて既存の感染症の診断に至らなかったが、入院5日目より症状改善し後遺症なく入院15日目に自宅退院となった。入院日の患者血清をVero細胞に接種し、この培養上清を次世代シーケンサーで解析したところ、オルソナイロウイルスの遺伝子断片が検出された。3分節RNAの塩基配列を解読し本ウイルスをYEZVと呼称した。系統解析によりYEZVがTamyd血清群に近縁な新規ウイルスであることが明らかとなった。2020年、2例目となる患者の検体からYEZVの分離に成功した。YEZVは北海道に常在し、マダニ刺咬後の急性発熱性疾患の病原体であると考えられる。今後、疫学、臨床経過などについての更なる研究が必要である。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
7	インフルエンザ	Braz J Biol. 83(2021)e246591	馬インフルエンザは、インフルエンザA型ウイルスによって引き起こされるウマの一般的な呼吸器感染症である。1970年代後半のH7N7ウイルス分離以降、馬インフルエンザウイルス(EIV)はH3N8だけが散発的な流行を繰り返している。イスラエルにおける報告を除き、近年H3N8 EIVは非ウマ類へのスピルオーバーと関連していない。本研究では複数のデータベースを用いてEIVの人間共通感染について中国語、英語、モンゴル語の科学文献を検索した。組み入れ基準に該当する32件の文献のレビューを行い、EIVの疫学、潜伏期間、病原性、生存性・持続性、種間伝播、拡散、近年報告されたアウトブレイクと分離株の特徴、ウイルス進化、人間共通感染についてまとめた。人間共通感染について報告する研究はいくつかあり、文献データの分析から、ヒトにおけるEIV人間共通感染症についてかなりのエビデンスがあると我々は結論づけた。歴史的エビデンスとして、1889年のヒトのパンデミックはH3N8 EIVが原因である可能性が最も高いと考えられていること、1892年頃の時代に生きていた人々における抗EIV H3N8抗体の存在がある。また、パキスタンのウマ集団からトリ起源インフルエンザウイルスが分離されたことは、ウマとヒトの間のインフルエンザウイルス伝播の可能性を強調する。実験的エビデンスとして、ヒトボランティアにH3N8 EIVの実験的感染を行った1960年代の複数の研究がある。1件目の研究では感染3日後に生存可能なEIVウイルスが分離されたが、臨床徴候を発現したのは1人だけであった。1966年の別の研究では臨床徴候を示した数人の被験者が観察され、感染処理3日後にウイルスが分離された。1969年に実施された研究では数人に臨床徴候が認められ、被験者から分離されたウイルスは継代後にウマへの感染性を有していたことからヒトにおいて弱毒化されないことが示唆された。自然感染のエビデンスとして、モンゴルの小児がEIVに感染したウマに接触した後に呼吸器疾患を発症したという報告がある。またオーストラリアでは2007年のEIVアウトブレイク後に、感染場に曝露したヒトの血清試料を採取し抗H3N8 EIV抗体の存在について調査した。この調査ではごくわずかな被験者で低い抗体価が認められたが、これはワクチン由来の交差反応抗体やヒト由来インフルエンザウイルスに関連する可能性があった。観察的、実験的、歴史的データは、EIV感染がヒトで起こり得ると強い説得力を持つ。近年、ヒトにおいてEIVの適切な感染の徴候は示されていないが、もしH3N8 EIVの突然変異発生率が変わらないならば、ヒトにおいて重篤な感染症を引き起こす可能性が非常に高い。新しい脅威的な突然変異の可能性のため、ウマとウマに接触しているヒトにおけるH3N8の継続的サーベイランスの必要性が強調された。
8	インフルエンザ、H3N2インフルエンザ	CDCホームページ. https://www.cdc.gov/flu/spotlights/2020-2021/eighth-ninth-infections-variant-flu.htm	米CDCは2021年9月10日、2020年～2021年のインフルエンザシーズン(2020年10月～2021年9月)に米国で発生した8例目と9例目のヒトのインフルエンザウイルス(通常ヒトではなくブタにおいて蔓延するウイルス)感染を報告した。この最新の感染2例は、小児において発生した(H3N2vウイルス1例、H1N2vウイルス1例)。2例の小児は、疾患発症前にブタと直接接触した、又は家族がブタと直接接触したかのいずれかであった。これらの患者のいずれかに関連して変異型インフルエンザウイルスのヒトからヒトへの伝播は特定されていない。これまでの7例の感染は、ブタと直接接触したヒト、又はブタのいる施設で生活しているヒトにおいて発生した。
9	インフルエンザ	CDCホームページ. https://www.cdc.gov/flu/spotlights/2020-2021/human-infections-variant-flu-virus.htm	米CDCは2021年8月19日、2020年～2021年のインフルエンザシーズン(2020年10月～2021年9月)に米国で発生した6例目と7例目のヒトのインフルエンザウイルス(通常ヒトではなくブタにおいて蔓延するウイルス)感染を報告した。この最新の2例は、ブタの展示が行われていた同一のカウンティフェアに参加した成人において発生した。過去の5例の感染は、ブタへの直接的な曝露を報告したヒト、又はブタが存在する施設で生活していたヒトにおいて発生した。これらの7例の感染は、Wisconsin(H3N2v:1例、H1N1v:3例)、North Carolina(H1N1v:1例)、Ohio(H1N2v:1例)、Iowa(H1N1v:1例)で発生した。このうち3人は18歳未満の子どもで、4人は成人の感染だった。いずれの患者も病気から完全に回復し、これらの患者に関連する変異型インフルエンザウイルスの人から人への感染は確認されなかった。
10	インフルエンザ	European Centre for Disease Prevention and Control. https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/Influenza-characterisation-report-Nov-2021.pdf	A(H1N2)vがオーストラリアで1例報告された。成人が感染し、ブタとの接触が報告されている。本症例は回復し、ヒトからヒトへの感染は確認されていない。
11	インフルエンザ	PHEホームページ. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1028407/emerging-infections-summary-september-2021.pdf	9月3日、フランスのコート・ダルモールに住む人が、ブタ由来のインフルエンザA(H1N2)v clade 10.2.4に感染していることが確認された。この症例は、症状が現れる前に生きたブタに接触していた。この症例は健康状態が良好で、接触者に症状が出ている者はいないと報告されている。フランスでこのウイルスが人から検出されたのは今回が初めてである。
12	インフルエンザ	ProMED-mail 20211211.8700084	Manitoba Agriculture and Resource Developmentは、変異株H1N2インフルエンザAウイルスの新規症例1例が特定されたことをアドバイスしている。このヒトインフルエンザA(H1N2)vは独立した症例と考えられている。本症例はブタに直接曝露した。
13	インフルエンザ	precision VACCINATIONS. https://www.precisionvaccinations.com/novel-influenza-virus-confirmed-us	2020～2021年のインフルエンザシーズン中に発生した、インフルエンザA(H1N1)変異株(A(H1N1)v)ウイルスによる1例の感染がNorth Dakotaより報告された。そして、現在の2021～2022年のインフルエンザシーズン中に発生したインフルエンザA(H3N2)vウイルスによる1例の感染がOhioより報告された。患者のうちの1例は、発症前にブタと密接に接触していた。他の患者は、ブタがいる農業展示会への参加やブタとの接触はなかった。この知見は、限られたヒトからヒトへの感染が潜在的に起こったことを示している。

ID	感染症(PT)	出典	概要
14	ウイルス感染	Nature Communications. https://doi.org/10.1038/s41467-021-25857-0	[目的]ダニ媒介性病原体は、特にダニ-ヒト相互作用が増加している農村地域において、罹患率の重要な原因である。ヒトの発熱性疾患に関連して、最近中国で2つの新しいTamyd orthonairovirusesが発見された。本研究では、北海道の患者におけるダニ咬傷後の血小板減少、白血球減少、肝酵素及びフェリチンレベルの上昇を伴う急性発熱性疾患の原因物質を同定することを目的とした。[方法]患者サンプルは、ウイルス分離のために、AG129マウス、インターフェロン α / β 及び γ 受容体の二重ノックアウトマウス、及びVero E6細胞を順次継代した。単離したウイルスの全ゲノム配列を得るためにIllumina配列決定を行った。RT-PCR、RT-qPCR、及び酵素免疫測定法を確立し、ヒト、ダニそして野生動物におけるウイルス感染の遺伝的及び血清学的同定を行った。[結果]患者サンプルから、Yezoウイルス(YEZV)と命名された新規オルソナイロウイルスを発見した。YEZVは、系統発生的にルーマニアのダニから検出されたオルソナイロウイルスであるスリナウイルス(Sulina virus)と分類され、これは当初ダニ特異的ウイルスと考えられていた。2014年から2020年の間にYEZV感染が7例で確認され、そのうち4例がボレリア菌との同時感染であった。YEZVに対する抗体は野生シカ及びアライグマから検出され、YEZV RNAは北海道のダニから検出されている。[考察]これらの成績は、YEZVが熱性疾患の原因病原体である可能性が高いことを示している。本稿は、日本のダニによって伝播される可能性のあるオルソナイロウイルスに関連する日本での初めての感染報告である。今後、エゾウイルスとボレリア菌による同時感染の複雑な臨床的特徴を慎重に検討すべきである。
15	ウイルス感染	PLoS Negl Trop Dis. 15(11)(2021) e0009842	問題点: アルゼンチンにおいて、Alto Paraguay virus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。アルゼンチンで報告されたAlto Paraguay virus (APV)に感染した最初のハンタウイルス肺症候群(HPS)症例を報告する。これまでAPVはげっ歯類Holocheilus chacarius (H.chacarius)にて同定されており、非病原性オルソハンタウイルスと考えられていた。患者の病歴及び検査値は、届け出疾患に必須である臨床/疫学的フォームを介してサンタフェ州医療機関の診療記録から検索した。COVID-19パンデミックの状況下で、15歳男性は発熱、全身脱力、頭痛、咳嗽及び筋肉痛を呈し、来院した。COVID-19が疑われたため、患者はサンタフェ州にある地域病院に入院した。入院時(症状発症2日後)に血清検体及び上咽頭スワブ(NFS)を採取した。重度の呼吸器症状を伴わない軽度の臨床症状を示し、それに加えて、コンピュータ断層撮影スクリーニングにおいてCOVID-19と一致する画像を示した。患者は急速に改善し、数日後に退院した。NFS検体におけるコロナウイルス及びハンタウイルスのRT-PCRはともに陰性であった。しかし、NFSは日常的なハンタウイルス診断には適切でないため、血清検体をELISA及びRNA抽出にかけた。血清検体はハンタウイルスに対するIgM及びIgG抗体の検出可能レベルを有し、高IgM力価かつ低IgG力価であった。ウイルスの遺伝子特性づけのために、2つの部分的断片をSセグメント及びMセグメントからそれぞれ増幅することに成功した。最も高いヌクレオチド同一性は、Sセグメントで98.6%、Mセグメントで95.3%であり、かつてパラグアイ西部でH.chacariusに関連して報告されたオルソハンタウイルスであるAPVに対して認められた。アミノ酸の比較では、同ウイルスとのNタンパク質及びG2タンパク質の同一性がそれぞれ99%と100%であることが示された。APVは、COVID-19パンデミックの状況下で診断されたHPS症例からの部分的遺伝子解析により特徴付けられた。興味深いことに、APVは現在までヒト疾患と関連付けられていなかった。それはかつて、患者の地域から北に1200km以上の西パラグアイAlto Paraguay県のH.chacariusから特徴づけられていた。本研究で報告されたHPS患者は、サンタフェ州の農村地域でげっ歯類に曝露し、主にCOVID19パンデミックに関連した厳しい移動制限のため旅行歴がなかった。H.chacariusは中央アルゼンチンに存在するが、この地域でAPVを保有するげっ歯類保有宿主はまだ確認されていない。APVは以前にH.chacarius一頭のみ同定されており、APVが他のげっ歯類種に保有されている可能性を除外すべきではない。要約すると、25年前にアルゼンチンで報告されていたHPS及び得られた医療経験が致死率を有意に低下させることに役立ったにもかかわらず、HPSは世界中での新しいウイルスの出現によって証明されるように、いまだ新興感染症のままである。本知見は、HPS流行地域の拡大及び中央アルゼンチンで流行している新しいオルソハンタウイルスに関する疫学的警告並びに、今後、宿主と考慮すべき新しいげっ歯類種を関連づけている。
16	ウイルス感染	PLoS Negl Trop Dis. 15(2021)e0009494	本稿では、2014年にアルファ及びフラビウイルス流行に起因する急性熱性疾患を発症したハイチの小児由来の血漿検体から、2つのオルソブニヤウイルスであるMelaoウイルス(MELV)及びOropoucheウイルス(OROV)を同定したことを報告する。MELVは、これまでヒト病原体としては記載されていなかったが、5例の患者の血漿から細胞培養で分離された。OROV RNAは、偏りのない配列決定アプローチを用いて、別の小児の血漿中で検出され、系統発生的推論からブラジル由来株との密接な関係が示唆された。腹痛はMELV感染患者4例で報告され、リンパ節腫脹が2例に認められた。我々の所見は、カリブ海地域におけるこれらのオルソブニヤウイルスの発生を立証し、これらのウイルス及び他の新興ウイルスによって引き起こされるアウトブレイクを同定するためのウイルスゲノム配列分析によるサーベイランスの決定的な重要性を強調するものである。

ID	感染症(PT)	出典	概要
17	ウイルス感染	ProMED-mail 20211107.8699498	情報源: National Public Radio (NPR) マレーシアとハイチで、複数のヒトが新たなコロナウイルス(イヌ由来の可能性が高い)に感染していた。2017年初頭、医師、看護師、ボランティアなど医療従事者のチームが、ハイチの診療所でボランティア活動を行った後、Floridaに帰国した。帰国後間もなく、このチームのメンバー20例が、体調不良を感じ始めた。University of Floridaのウイルス学者によると、コロナウイルスがヒトの新たな病原体の可能性があることが判明した。2021年5月、Duke Universityの科学者らは、マレーシアの病院の小児において、ほぼ同一の新たなアルファコロナウイルスが検出されたと報告した。研究者らは、2017年と2018年に検査を行った患者301例のうち、3%の上気道に、同ウイルスを発見した。マレーシアのウイルスの遺伝子配列から、同ウイルスはイヌに由来する可能性が高く、その後ヒトにジャンプしたことが示唆される。「ゲノムの大部分はイヌコロナウイルスであった」と、ウイルス学者が2021年5月にNational Public Radio (NPR)に述べた。イヌコロナウイルス(Canine coronavirus)によるこれらのヒトの感染は、単独のインシデントであり、大規模なヒトの感染につながらなかったと考えられる。非常によく似たハイチとマレーシアでそれぞれ発見された2つのウイルス(イヌコロナウイルス)は、同じようなタイムフレームで検出されているが、世界の別々の地域で検出されている。現時点では深刻な懸念の原因ではないが、本ウイルスが進化してより大きな問題になるリスクがあることなどについて記載。
18	コロナウイルス感染	Nature. 600(2021)133-137	ハイチの子供たちの間でのブタデルタコロナウイルスの独立した感染症 コロナウイルス科の4つの認識された属の中で、これまでに報告されたヒトの感染症は、アルファコロナウイルスとベータコロナウイルスに限定されていたが、急性未分化熱性疾患を持つ3人のハイチの子供たちの血漿サンプル中にブタデルタコロナウイルス株を同定した。ハイチのグレンエ地域のクリスチャンビル財団学校システムが運営する無料の学校診療所で進行中の研究の一環として、2014年5月から2015年12月の間にクリニックで見られた急性未分化熱性疾患を持つ369人の子供たちから採取した血漿サンプルのうち3つのサンプル(収集した369サンプルの0.8%)はブタデルタコロナウイルス(PDCoV)に集結したコロナウイルス株に陽性だった。これはウイルス血症及び全身性播種と一致するヒトにおけるPDCoV感染の最初の報告である。生きている豚と肉の国間の移動に関する最近のデータが不足しており、世界中での豚とその病原体の移動は予想外に複雑で困難であるため、さらなる研究の必要性が強調されている。PDCoVに感染した子供は軽度の病気でしかなく、調査期間中の急性未分化熱性疾患は1%未満であり、同定された菌株がヒトの健康に対して脅威ではないことを示唆している。ただし、この研究ではPDCoVで急性ウイルス血症を示した症候性の子供のみが特定されただけで、ヒト固有のコロナウイルスとの交差反応性の可能性があるため、一般的なハイチ人集団でこのような感染が発生する頻度を特定するには、さらなる血清学的研究が必要である。それにもかかわらず、今回のデータは特に家畜との接触が一般的である農村部又は開発が遅れている地域で、PDCoVが人獣共通感染症になる可能性を強調している。
19	コロナウイルス感染	ProMED-mail 20211130.8699966	情報源: STAT News 初期の疫学データから、南アフリカで、オミクロン株はデルタ株よりも急拡大していることが示唆された。他の変異株にデルタ株が置き換わったよりも早くオミクロン株に置き換えられている。同変異株が初めて検出された際、南アフリカのCOVID-19のレベルは落ち着いた状態であった。同変異株が初めて検出されて以降、症例数は急増している。これはオミクロンがデルタよりも増殖力が勝ることを示している可能性がある。WHOは2021年11月27日、初期のエビデンスで、本変異株により南アフリカにおいて他の変異株よりも高い割合で再感染が発生していることが示されており、免疫応答を回避する何らかの能力が示唆されると述べた。
20	サルモネラ症	ProMED-mail 20211217.8700346	デンマーク工科大学国立食品研究所の発表によると、2020年には、海外渡航に代わってデンマーク産豚肉がSalmonellaの主な感染源となることが判明した。COVID-19の制限により、デンマーク人の渡航は昨年大幅に減少したため、海外渡航は614件のSalmonella症例のうちわずか20%未満にすぎなかった。通常、登録された感染者の約半数は旅行関連である。デンマーク産の豚肉が22%を占め、次いで輸入豚肉が9%、鴨肉が6%と推定される。データ管理上の問題で、この統計は2021年に2020年の動物由来感染症報告書と同時に発表されることはなかった。数値を直接比較すると、デンマークの豚肉が原因のSalmonella症例が2019年の8%から2020年の22%に大きく増加していることがわかる。しかし、その最大の理由は、2019年から2020年にかけて、旅行関連の症例が419例から111例に減少したことである。デンマークの豚肉に起因する症例の実際の増加は、もっと小さい。614件の感染から分離された562件のSalmonellaのうち、462件は散発的、100件は10のアウトブレイクに関連しており、そのうち25件は国際イベントの一環であった。散発例は、旅行関連111例、国内220例、旅行歴不明141例であった。全体として、562例のうち140例がデンマークで生産された食品、94例が輸入食品、127例が原因不明の食品に起因していた。前年[2019年]の51件に対し、2020年には合計35件のアウトブレイクが登録された。影響を受けた人の数は1190人で、1回のアウトブレイクあたりの平均は34人、範囲は2~200人だった。2019年には1900人以上が罹患している。Salmonellaの発生数は、2019年の9件に対して10件と安定していた。5件はSalmonella Typhimurium又はその単相性変異によるものだったが、発生源は不明であった。

ID	感染症(PT)	出典	概要
21	シュードモナス感染	J Glob Antimicrob Resist. 27(2021)91-94	Pseudomonas属は396種以上あるもっとも複雑なグラム陰性菌の1つで、日和見感染に関連する多くのヒト疾患と農夫症がPseudomonas種に起因している。無差別な抗生物質の使用が世界各地で多剤耐性Pseudomonas種の出現を助長しており、多くの動物と動物製品が世界中で取引されているため一国における抗菌薬耐性はすべての国にとっての問題である。本研究ではパキスタンの下痢を呈したウシ新生仔の糞便から分離されたCRISPR保有、多剤耐性Pseudomonas種新規候補株NCCP-436Tの、初めてのドラフトゲノム解析について報告する。NCCP-436T株のゲノム配列はIllumina NovaSeq PE 150 platformを用いて決定し、種々のバイオフィンオマティクスツールを用いて解析した。病原性因子とレジストームをPATRIC、CARD serversを用いて同定し、CGView Serverを用いて環状ゲノムマップを構築した。抗菌薬感受性はディスク拡散法により測定した。NCCP-436T株のドラフトゲノムは、全ゲノムサイズ3,683,517 bp (GC含量 61.4%)である43のコンティグを含んでいた。60のtRNA、7のrRNA、12のsRNAを含む3,452の予測遺伝子が存在した。CRISPR解析により長さ1103 bpと867 bpの2つのCRISPRアレイが明らかとなった。NCCP-436T株はフルオロキノロン、β-ラクタム、セファロスポリン、アミノグリコシド、ペニシリン、リファマイシン、マクロライド、グリコペプチド、トリメトプリム/スルホンアミド、テトラサイクリン系の抗生物質に対して高度に耐性であった。さらに、22の抗生物質耐性遺伝子、313の病原性遺伝子、253の病原体-宿主相互作用遺伝子が予測された。Pseudomonas属の近縁な基準株の全ゲノム配列に基づく系統樹構築、16S rRNA遺伝子配列に基づく系統発生解析、近縁種 <i>Pseudomonas khazarica</i> (TBZ2株)とのゲノム比較で平均ヌクレオチド相同性とデジタルDNA-DNAハイブリダイゼーション値がそれぞれ82.08%と34.90%であったことから、NCCP-436T株がPseudomonas属の新種である可能性が示された。NCCP-436T株が予測された多数の抗生物質耐性遺伝子と病原性遺伝子を保有し、ヒト病原体との相同性を有することから、病原性と人畜共通感染の可能性が明らかになった。これは公衆衛生上のリスクをもたらす可能性がある。本研究で得られた知見はNCCP-436T株がパキスタン由来のPseudomonas属の新種である可能性を示すが、さらなる多相分類学的特徴が必要である。
22	デング熱	Transfusion. 60(2020)2139-2143	症例:26歳女性。鎌状赤血球症(SCD)を有し、虚血性脳卒中のため過去15年にわたる長期輸血療法を施行中であった。定期輸血の最終日(0日目)から3日後(3日目)、輸血後約24時間より認めた重度の関節痛、筋肉痛、高熱(38.9°C)、後眼高痛、項部頭痛、及び激しい腹痛を主訴に受診。デング熱が疑われ、血液センターにおいて交換輸血(ET)を施行後(3日目)、当該患者は入院した。2回目のET後(7日目)、一連の症状は著明に改善し、同患者は9日目に退院した。リアルタイムPCR法によるデングウイルス(DENV)RNAの検出において、患者の輸血前サンプル(0日目)では検査陰性であった一方、初期症状発現から48時間経過した時点での輸血後サンプルでは検査陽性であったことから、感染は輸血により獲得されたことが示唆された。また分子タイピング法により、サンパウロ州でのアウトブレイクの原因ウイルスであったDENV血清型2(DENV-2)の存在が示された。さらに当該患者及び献血者双方の株の塩基配列解析及び系統発生的解析を実施した結果、東南アジア/米国系の遺伝子型(Genotype III)に分類され、ゲノムの同一性(ヌクレオチド及びアミノ酸)は100%であることが示されたことから、輸血によるDENV感染(TT-DENV)が明らかとなった。本症例における重要な所見は、通常DENV感染後3日目から5日目に発現する臨床症状を早期に認めたことである。本事実、著者らの意見では、ベクターによる伝播と比較して注入されたウイルス量がおそらくはるかに高かったことにより説明される。本報告は、SCD患者におけるTT-DENVの初報告であり、過小診断症例と推定される多数の患者集団におけるTT-DENVの確定例となる。TT-DENVの臨床症状に関与する因子及び当該感染症が罹患率ならびに死亡率に及ぼす実際の影響をよりよく理解するため、輸血受血者を対象としたさらなる系統的な研究が必要である。
23	ハンタウイルス性肺感染	GOV.UK.https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1044412/20211229_Emerging_infections_summary-November.pdf	情報源: Emerging infections: monthly summaries 2021年11月 Alto Paraguay virusによるハンタウイルス性肺症候群: ヒトにおいて。新規orthohantavirus: Scapteromys aquaticus齧歯動物において。アルゼンチンの研究者は、齧歯類(Scapteromys aquaticus)における新規オルソハンタウイルスAlto Paraguay virusによるハンタウイルス性肺症候群の症例を報告した。この研究結果は、アルゼンチン中央部で循環しているこれら新規のオルソハンタウイルスに関する疫学的警告と、今後宿主として考慮しなければならぬ新しい齧歯類の種を示唆している等記載されている。
24	ハンタウイルス感染	Public Health Insider. https://publichealthinsider.com/2021/12/30/hantavirus-case-reported-in-king-county/	1997年以来、King Countyでは、現在調査中の症例(2021年12月に入院し、現在回復中のsouth east King Countyの成人居住者)を含むハンタウイルス肺症候群(HPS)症例が8例存在する。患者はマウスに曝露した可能性が高いと報告されている。これらの8例の症例のうち、この最新の症例を含めた5例はKing Countyで感染したと考えられている。King Countyで最後に確認された症例は2017年で、2016年12月~2017年3月にローカルで感染した3例のクラスターが確認されたことなどについて記載。
25	ヘルペスウイルス感染	Clin Infect Dis. 73(2021)e3690-e3700	○仮性狂犬病ウイルス(PRV)の変異株が引き起こす新型ヒト急性脳炎PRVは、ブタをはじめとする複数の動物種でよく見受けられる病原体である。ヒトに感染することは稀であり、これまでヒトの検体から分離されたことはない。本研究では、ヒト急性脳炎患者4例が臨床症状、臨床検査結果、メタゲノム解析によりPRVと確定診断され、このうち1例のヒトの脳脊髄液検体からPRV株(hSD-1/2019)の分離・同定に初めて成功した。また、この分離株の病因学的、遺伝子学的特徴を分析した。患者らは、呼吸不全及び急性神経症状を呈した。メタゲノム解析により各患者の脳脊髄液にPRV特異的な塩基配列が確認され、また、PRVエンベロープのグリコプロテインBとEに対する抗体及び中和抗体が検出された。分離されたPRV株は、中国の古典株と異なり病原性が高く、ブタに急性神経症状を誘発する特徴がある。このPRV株は、中国のブタに流行している変異株と系統的及び病因学的に類似する特徴を有していたことから、ブタからヒトへのPRV感染のリスクが大きいことを示唆している。

ID	感染症(PT)	出典	概要
26	マールブルグ病	ProMED-mail 20210920.8687665	<p>情報源: Africa News on behalf of WHO、2021年9月18日。2021年9月16日、ギニア保健省は、Nzerekore地域のGueckedou県におけるマールブルグ病アウトブレイクの終息を宣言した。この宣言は、WHOの勧告に従い、今回のアウトブレイクで報告された唯一の確定患者を安全かつ尊厳ある形で埋葬した42日後に行われた。当該患者はギニアで報告された初めてのマールブルグ病患者である。当該患者は男性で、2021年7月25日に症状が発現、8月1日に発熱、頭痛、疲労、腹痛、歯肉出血を訴えて居住する村の近医を受診した。マラリアの迅速診断テストでは陰性となり、患者は水分補給と対症療法による外来での支持療法を受けた。帰宅後、患者の状態は悪化し、8月2日に死亡した。調査チームは直ちに村に派遣されて詳細な調査を行い、死亡後の患者の口腔スワブサンプルを採取し、同日中にGueckedou市のウイルス性出血熱研究所に送付した。8月3日、逆転写酵素ポリメラーゼ連鎖反応 (RT-PCR) によりマールブルグ病に陽性となり、エボラ出血熱は陰性であった。8月5日、Conakryの国立基準研究所からリアルタイムPCR法によるマールブルグウイルス陽性の確認があり、8月9日にはセネガルのInstitut Pasteur Dakarからマールブルグウイルス病が陽性でエボラウイルス病が陰性であることの追加確認があった。WHOのリスク評価: マールブルグ病は、感染したヒトや野生動物(サルやオオコウモリなど)の血液、体液、及び/又は組織に直接触れることで感染する。現在、感染源の特定に向けた調査が行われている。</p>
27	マールブルグ病	WHO ホームページ: https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/marburg-virus-disease---guinea	<p>2021年9月16日、ギニア保健省は、Nzerekore地域のGueckedou県におけるマールブルグ病アウトブレイクの終息を宣言した。この宣言は、WHOの勧告に従い、今回のアウトブレイクで報告された唯一の確定患者を安全かつ尊厳ある形で埋葬した42日後に行われた。当該患者はギニアで報告された初めてのマールブルグ病患者である。当該患者は男性で、2021年7月25日に症状が発現、8月1日に発熱、頭痛、疲労、腹痛、歯肉出血を訴えて居住する村の近医を受診した。マラリアの迅速診断テストでは陰性となり、患者は水分補給と対症療法による外来での支持療法を受けた。帰宅後、患者の状態は悪化し、8月2日に死亡した。調査チームは直ちに村に派遣されて詳細な調査を行い、死亡後の患者の口腔スワブサンプルを採取し、同日中にGueckedou市のウイルス性出血熱研究所に送付した。8月3日、逆転写酵素ポリメラーゼ連鎖反応 (RT-PCR) によりマールブルグ病に陽性となり、エボラ出血熱は陰性であった。8月5日、Conakryの国立基準研究所からリアルタイムPCR法によるマールブルグウイルス陽性の確認があり、8月9日にはセネガルのInstitut Pasteur Dakarからマールブルグウイルス病が陽性でエボラウイルス病が陰性であることの追加確認があった。WHOのリスク評価: マールブルグ病は、感染したヒトや野生動物(サルやオオコウモリなど)の血液、体液、及び/又は組織に直接触れることで感染する。現在、感染源の特定に向けた調査が行われている。</p>
28	リフトバレー熱	Am J Trop Med Hyg. 106(2021)182-186	<p>リフトバレー熱フレボウイルス (RVFV) は、蚊によって媒介されるフレボウイルスで、主にウシ、ヒツジ、ヤギなど数種の家畜反芻動物に感染する。重度の新生仔死亡と流産を引き起こし、若い個体が重症疾患に最も罹患しやすいが成体でも20-30%の急性死が起こる。このウイルスは人畜共通感染症でもあり、ヒトではデング熱様の発熱と関節硬直を引き起こし、感染症の約10%で脳炎、網膜炎、及び出血熱に進行する。1962年に行われた家畜ブタへの感染実験では感染が認められなかったが、この研究はブタの年齢が記載されていない。若齢家畜ブタのRVFV感受性と、地理的拡大とウイルス風土病の確立におけるブタの役割は不明である。本研究では6頭の市販ランドレース交雑子ブタにRVFV ZH501株を皮下接種し、2頭の子ブタに偽接種を行い4頭ずつのグループに分けて飼育した。全ての個体を14日間飼育し、血清試料、口腔鼻スワブ試料、直腸スワブ試料を採取し、臨床徴候、ウイルス血症、ウイルス排出、抗体反応についてモニターした。接種後14日目に安楽死させ、ウイルス培養のための肝臓試料と脾臓試料の新鮮採取、肝臓、脾臓、肺、腎臓、心臓、左・右頸部リンパ節、脳のホルマリン採取、眼球のDavidson固定液採取を行った。試験期間中、子ブタに臨床症状の発現、発熱、体重増加抑制は認められなかった。すべての接種ブタで、接種後短期間のリンパ球減少とその後の進行性リンパ球増加が認められた。4頭の子ブタは接種後2日間に短期的なウイルス血症を発現し、これらのうち3頭は接種後3日目に口鼻分泌物中に検出可能なウイルスが認められた。接種された子ブタは血清陽転し、検出可能なウイルス血症を発現した子ブタは、血清中和試験で最も高い抗体価(1:64?1:256)を示した。ウイルス血症の子ブタ2頭にグリア結節を伴うリンパ形質細胞性脳炎が認められたが、RVFVはこれらの切片の免疫組織化学検査では検出されなかった。本研究の感染ブタでは発熱反応、臨床的に明らかな疾患、体重増加率の低下は認められず、幼若子ブタは幼若反芻動物のようなRVFV感染を伴う重篤な臨床疾患は経験しないという過去のデータが支持された。RVFVは4匹のウイルス血症動物のうちの3匹の口腔鼻スワブから分離され、直接接触又は飛沫による拡散の可能性を示したが、接触した偽接種子ブタは感染しておらず、接触感染のエビデンスは確立されなかった。無症状の個体におけるウイルス血症やウイルス排出の発生は疫学的観点から重要であり、これは既存のサーベイランスシステムでは検出されずに家畜と野生動物の両方で豚がRVFVを伝播している可能性を示している。ブタは反芻動物種のような臨床疾患は発現しないが、蚊や接触動物のウイルス源となる可能性があり、より感受性の高い集団にウイルスを伝播する可能性がある。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
29	レプトスピラ症	PLoS Negl Trop Dis. 15(12)(2021)e0009993	○2003年から2020年の沖縄県におけるヒト・レプトスピラ症の検査診断学的、疫学的、臨床的特徴レプトスピラ症は、日本の最南部に位置し、亜熱帯地域である沖縄県の農業労働者間で流行している感染症であるが、その流行状況及び傾向に関するデータは乏しい。本研究は、2003年11月～2020年12月にレプトスピラ症の臨床的疑いがある患者について沖縄県衛生環境研究所にて分析を行った。研究対象とされた531名の患者から、388の血液検体、29の脳脊髄液検体及び300の尿検体を検査し、いずれかで陽性となった246名(46.3%)がレプトスピラ症と確定診断された。確定された感染例は、20～29歳の年齢層(22.4%)及び男性(85.7%)に多く見られた。主な推定感染源は、河川や湖でのレクリエーション活動(44.5%)及び労働(27.8%)であった。分離株の約半数は、 <i>L.interrogans</i> の血清型Hebdomadisで、主な臨床症状は、発熱、筋肉痛及び結膜充血であった。発症後6日間は培養検査及びPCR検査の陽性率が65%を超え、発症後1週間を経過すると抗体検査の陽性率が培養検査及びPCR検査の陽性率を上回った。早期診断には、血液検体を用いたPCR検査が望ましいと思われた。レプトスピラ症は農業労働者間で流行する感染症とされていたが、この17年間で沖縄県において報告された感染例は、自然豊かな国立公園の多い沖縄本島北部や八重山諸島の河川で夏季に行ったレクリエーション活動や労働によるものであった。河川でのレクリエーションは、沖縄県への旅行者の多くが楽しむ野外活動であるため、レプトスピラ症は沖縄県民のみならず、旅行者にとっても注目すべき感染症である。
30	レプトスピラ症	ProMED-mail 20210529.8403534	オーストラリアでのレプトスピラ感染症の増加 News.com.auの掲載情報。オーストラリアの70歳のパプオーナーが、マウスからの致死性の感染症に罹患し、急性腎不全、肝不全及び心臓弁逆流のため入院した。オーストラリアのクイーンズランド州北部からニューサウスウェールズ州を含む南オーストラリアに至るオーストラリア東部においてマウスの数が増加していることから、マウス等が媒介する人獣共通細菌感染症であるレプトスピラ症の感染経路及び感染時の症状及びヒトへの感染状況について伝えられた。ヒトのレプトスピラ症の感染症例は、ニューサウスウェールズ州では、2020年はわずか6例であったのに対して2021年に確認された症例は既に42例であり、700%増加している。クイーンズランド州の状況はさらに悪く、2020年の同時期には41例程度であったのに対し、2021年は78例報告されている。
31	レンサ球菌感染	ProMED-mail 20220214.8701455	タイの保健当局は、2021年のヒトの <i>Streptococcus suis</i> 感染症が2020年と比較して67%増加したと報告した。タイの疫学局は、2021年に24例の死亡を含む576例の感染者を報告した。これに対し2020年の症例は344であり死亡11例であった。北部の県で最も発症率が高かった。 <i>Streptococcus suis</i> 感染は、地元で好まれている新鮮な血液を含んだ生の豚肉(Lahp-moo)を食べたり、適切な安全策なくブタと密接に接触するといった危険な行為により、特に高リスク地域で散発的に起こる傾向がある。
32	レンサ球菌感染	日本獣医師会雑誌. 74(2021)773-780	2020年9月、長野県畜産試験場で、18ヵ月齢の黒毛和種肉用去勢牛1頭が急性の呼吸器症状を呈し死亡した。剖検では、肺全体が暗赤色化しており、間質性気腫を認めた。細菌学的検査では、肺病変部からグラム陽性球菌が分離された。病理組織学的検査では、化膿性線維索性肺炎が認められた。分離株は生化学性状検査で <i>Streptococcus suis</i> (<i>S. suis</i>)と判定されたが、 <i>S. suis</i> 及びその近縁種に特異的なPCRでは菌種を同定することができなかった。そこで、16S rRNA遺伝子解析を実施したところ、既知の菌種には属さないレンサ球菌であることが判明した。本分離株と同一菌種と思われる菌による肺炎症例の報告はないため、本報はこの未知のレンサ球菌によるウシの肺炎の初めての報告事例である。
33	ロタウイルス感染	Infection, Genetics and Evolution. 87(2021)104667	タイにおける下痢小児からの新規G3P10ロタウイルス株のゲノム特性がコウモリからヒトへの人畜共通感染に関するエビデンスとなったという報告である。タイにおいて、G3P[10]遺伝子型を持つ通常とは異なるロタウイルス株(RVA/Human-wt/THA/MS2015-1-0001/2015/G3P[10])が、重度の胃腸炎を呈し入院中である11ヵ月の小児例の便検体から同定された。この研究では、MS2015-1-0001株の全ゲノムを遺伝子配列決定し、特性化したところ、MS2015-1-0001株はG3-P[10]-I8-R3-C3-M3-A9-N3-T3-E3-H6を示し、これはコウモリ及びコウモリ様ロタウイルス株(MYAS33様)のものと同じ、もしくは密接に関連していた。さらに、系統発生的解析によって、MS2015-1-0001株の全11遺伝子がコウモリ由来と見られることが判明した。我々の知見は、コウモリからヒトへのロタウイルス種間伝播のエビデンスとなり、ヒトとコウモリロタウイルス株とのダイナミックな相互作用に関する重要な洞察をもたらすと、著者らは述べる。
34	ロタウイルス感染	第68回日本ウイルス学会 学術集会(2021/11/16-2021/11/18)P3-2	【目的】グループAロタウイルス(RVA)は、多種多様な哺乳類及び鳥類に感染する。動物は、直接的なビリオンの伝達によって、又は遺伝子を再集合体に提供することによって、RVAヒト感染に対する潜在的な貯蔵所として機能する。ここでは、小児科外来でのロタウイルスサーベイランス中に2017年に札幌で分離された遺伝子型G15P[14]の最初のヒトRVA株Ni17-46の分子特性を報告する。【方法】次世代シーケンシングにより遺伝子型を決定し、MEGA 7を用いて系統解析(1,000回のブートストラップ複製による最尤法)を行った。【結果】Ni17-46株のゲノムコンステレーションはG15-P[14]-I2-R2-C2-M2-A13-N2-T9-E2-H3であり、11遺伝子すべてにウシ及びウシ様の遺伝子型を有していた。ヒトにおけるG15遺伝子型を有するRVAの報告、及び配列決定及び系統発生分析の結果は、この株によるヒト感染がウシ種に由来する人獣共通感染症の起源であることを示唆している。【考察】この株(Ni17-46)が胃腸炎と脱水症状のある患者から分離されたという事実を考えると、ヒトにおけるこの株の毒性を考慮に入れる必要がある。全ゲノムシーケンスと系統発生分析は、RVASの起源と進化のメカニズムを分析するための非常に便利なツールである。

ID	感染症(PT)	出典	概要
35	歯髄炎	BMC Vet Res. 17(2021)343	<p><i>Prevotella histicola</i>は2008年に初めて報告された偏性嫌気性グラム陰性桿菌で、特定の条件下で歯周炎や齦歯などの様々な口腔病理を引き起こす、ヒトの口腔片利共生細菌である。<i>Prevotella</i> 種はウマでは正常な微生物叢の一部や様々な身体部位の疾患と関連しており、健康な口腔/歯肉組織と歯や副鼻腔両方の疾患で検出されているが、<i>P. histicola</i>がウマから検出されたことはない。ここでは、初めて実証された<i>P. histicola</i>によるウマの歯科感染症と広範な副鼻腔感染症の複雑な症例を記述する。体重605kg、ボディコンディショニングスコア6点の12歳の雌のTinker馬が、ドイツの獣医診療所に紹介された。患畜は照会の1週間前から持続性片側性悪臭性化膿性鼻汁とquiddingを呈しており、すでに1週間の保存的抗生物質(ペニシリン)、抗炎症薬(メロキシカム)、粘液溶解薬(塩酸デプレキシン)治療を受けていたが奏功せず、症状は悪化した。最後の歯科予防は約1年前に民間獣医師により行われていた。患畜は正常な全身状態、呼吸数、心拍数、粘膜色、毛細血管再充填時間、直腸温で、心臓、肺、胃腸管の聴診は異常を示さなかった。左鼻孔からの持続性片側性、中等度から高度の齦歯-臭性化膿性鼻汁を示した。左下顎リンパ節は軽度腫大していた。頭蓋顔面骨と軟組織は非対称性を示さなかった。眼底検査と眼反射検査では両側とも変化がなかった。口腔検査、X線撮影、副鼻腔/鼻鏡検査、立位コンピュータ断層撮影は、片側性副鼻腔炎と鼻甲介壊死を伴う上頰歯209の重度の根尖/根尖周囲感染を明らかにした。歯は広範な咬合下面近位漏斗部セメント質形成不全、齦歯、咬合裂骨折を示した。上頰歯209の近位漏斗部の強度2-3/(0-4)の漏斗部齦歯、左側鼻甲介の壊死を伴う左吻側上顎洞と腹側鼻甲介洞の関連副鼻腔炎を伴う歯髄炎、根尖/根尖周囲感染と診断した。咬合下面齦歯性漏斗部病変の広範な機械的デブリッドメントと熱可塑性樹脂充填の後、歯を口腔内で摘出し、副鼻腔炎と鼻甲介壊死を経内視鏡的に治療した。フルニキシンメグルミンによる術後抗炎症処置、アセチルシステインによる分泌抑制措置、スルフアジメキシントリメトプリムによる初期抗生物質治療とその後の感受性を考慮したメロニダゾールによる抗生物質治療を実施し、合併症なしに治癒した。罹患歯根の選択的細菌学的スワブ培養とその後のマトリックス支援レーザー脱離イオン化飛行時間型質量分析は、<i>P. histicola</i>の感染を示した。本症例はウマにおいて初めての、ヒト口腔共生菌・通性病原体である<i>P. histicola</i>による副鼻腔感染を伴う根尖/根尖周囲感染の報告である。この症例は<i>P. histicola</i>のヒト-ウマ交差分布を示し、ウマの歯科診療における微生物学的診断と標的抗生物質治療の必要性を強調する。</p>
36	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20210906.8650185	<p>問題点:ブラジルのウシ2頭において非定型の牛海綿状脳症(BSE)が確認された。 【概要】ブラジルにおける非定型BSEに関する情報。ブラジルは、国内の2箇所の食肉工場で「非定型の」狂牛病が発生していることが確認されたとして、中国への牛肉輸出を停止した。ブラジル農水省は2021年9月4日に発表した声明の中で、牛肉の輸出停止は直ちに開始されると述べ、中国政府はいつ輸入を再開するかを決定すると付け加えた。一時中断は両国間の既存の二国間議定書に基づいて実施されたが、同省は「ヒトや動物の健康に対するリスクがない」と強調した。ブラジルは世界最大の牛肉輸出国で、中国が最大の輸入国である。ブラジルの牛肉輸出の半分以上が中国と香港に向けたものである。同省によると、本牛海綿状脳症(BSE)の2例は、ミナスジェライス州とマトグロッソ州の高齢ウシを対象とした検査において同定され、「自然発生的かつ孤発的で、汚染された食餌の摂取とは無関係」の疾患とみられることから「非定型」とされた。同省は「ブラジルは定型BSE例を記録したことがない。」としており、このことは国際獣疫事務局も公式に通知している。2019年6月、マトグロッソ州の17歳齢ウシにおいて非定型BSEが発生した際も、ブラジルは中国への牛肉輸出を一時的に停止している。</p>
37	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20210907.8652097	<p>問題点:ブラジルのウシ2頭において非定型の牛海綿状脳症(BSE)H型が確認された。【概要】ブラジルにおける非定型BSEに関する情報。[1例目]ブラジルのミナスジェライス州カンボ・アズーのウシ1頭において非定型BSEが確認され、H型と分類された。発生源は不明又は調査中である。ブラジル牛海綿状脳症(BSE)サーベイランスシステムは、H型非定型BSEの症例を検出した。検体はと畜場で緊急屠殺された10歳齢のウシから採取された。ペルナンブコ州の国立農業防衛研究所(LFDA/PE)においてプリオン抗原の存在が検出された後、検体はアルバータ州レスブリッジにあるカナダ食品検査局のOIEのBSEリファレンス研究所に送られた。確認試験の結果は2021年9月3日に得られた。本例はブラジルにおける23年間のサーベイランスで同定された非定型BSEの4番目の症例である。3番目の症例は2019年に検出された。本症例とマトグロッソ州で報告された症例は、互いに近接して検出された孤立した事象である。特定危険部位は適切に除去され処分された。当該ウシの肉や他の生産物は食物連鎖には入らず、反芻動物集団に対するリスクにはならない。本事例に関する調査は完了している。対応として、検査、追跡調査、スクリーニング、選択的殺処分、死体・副産物・廃棄の公的処理、畜産物の公的廃棄が実施された。[2例目]ブラジルのマトグロッソ州コライダーのウシ1頭において非定型BSEが確認され、H型と分類された。発生源は不明又は調査中である。ブラジル牛海綿状脳症(BSE)サーベイランスシステムは、H型非定型BSEの症例を検出した。検体はと畜場で緊急屠殺された11歳齢のウシから採取された。ペルナンブコ州の国立農業防衛研究所(LFDA/PE)においてプリオン抗原の存在が検出された後、検体はアルバータ州レスブリッジにあるカナダ食品検査局のOIEのBSEリファレンス研究所に送られた。確認試験の結果は2021年9月3日に得られた。本例はブラジルにおける23年間のサーベイランスの間に同定された非定型BSEの5番目の症例である。3番目の症例は2019年に検出された。本症例とミナスジェライス州で報告された症例は、互いに近接して検出された孤立した事象である。特定危険部位は適切に除去され処分された。このウシの肉や他の生産物は食物連鎖には入らず、反芻動物集団に対するリスクにはならない。本事例に関する調査は完了している。対応として、検査、追跡調査、スクリーニング、選択的殺処分、死体・副産物・廃棄の公的処理、畜産物の公的廃棄が実施された。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
38	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20211014.8699048	問題点:ドイツのウシ1頭において非定型の牛海綿状脳症(BSE)L型が確認された。【概要】ドイツにおける非定型BSEに関する情報。ドイツのバイエルン州のウシ1頭において非定型BSEが確認され、L型と分類された。発生源は不明又は調査中である。当該ウシは2007年3月23日出生の雌ウシ(14歳齢)で、2021年9月27日に臨床的兆候なく屠殺された。ドイツBSEサーベイランスシステムの一環として、バイエルン州地方BSE研究所で検査され、2021年9月29日に陽性と判定された。地元の獣医師会によって直ちに動物衛生対策が取られ、脳幹サンプルがNRL(Friedrich-Loeffler-Institute)に送付された。2021年10月8日、イムノブロット試験の結果により、非定型BSE(L型)陽性であることが確認され、その後死体は処分された。当該ウシの肉や他の製品は食物連鎖には入らず、ヒトの健康にリスクを与えることはなかった。本事例に関する疫学調査は進行中である。ドイツ国内における措置として、死亡前後の検査、畜産物の公的廃棄、国内での移動制限、死体・副産物・排泄物の公的処理、スクリーニング、封じ込め区域及び保護区域内外での監視、トレーサビリティ、選択的殺処分が実施された。
39	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20211219.8700377	問題点:カナダのウシ1頭において非定型の牛海綿状脳症(BSE)が確認された。【概要】カナダにおける非定型BSEに関する情報。カナダのアルバータ州のウシ1頭において非定型BSEが確認された。アルバータ州の農業大臣によると、アルバータ州の高齢ウシが非定型狂牛病の検査で陽性と判定された。これは、アルバータ州においてほぼ6年ぶりのBSEとしても知られる牛海綿状脳症の症例である。同農業大臣は、非定型BSEはヒトの健康にリスクをもたらさず感染力もない。本事例は市場に影響を与えるとは想定されず、迅速な検出は検査官及び生産者がこの病気をカナダのウシの群れに入れられないように尽くしていることを証明している、と述べた。このタイプのBSEは約100万頭に一頭の割合で発生し、米国では6件報告されており、最後の発生は2018年であった。カルガリー大学獣医学部の教授によると、古典的なBSEが以前の狂牛病流行の原因であった。しかし、非定型BSEには別のストーリーがある。同教授は、非定型BSEが感染により引き起こされる可能性は非常に低く、高齢ウシにおいて非常に低い頻度で自然発生する、と述べた。2021年12月17日現在、ヒトへの感染やウシからウシへ感染するというエビデンスはない。自然発生的な疾患と考えられるが、同じことがヒトにおいて発生することがあり、クロイツフェルト・ヤコブ病と呼ばれている。カナダ食品検査庁が本対応を主導しており、2021年12月20日に利害関係者と面会し、質問に答える予定である。
40	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20211221.8700415	問題点:カナダのウシ1頭において非定型の牛海綿状脳症(BSE)H型が確認された。【概要】カナダにおける非定型BSEに関する情報。カナダのアルバータ州のウシ1頭において非定型BSEが確認され、H型と分類された。発生源は不明又は調査中である。2021年12月6日、民間の獣医が農場を訪れ、負傷及びいくつかの神経学的徴候を示した2013年4月13日生まれの8歳半のウシについて報告した。カナダのBSEに関する国立サーベイランスプログラムの一環として検体が採取された。アルバータ州エドモントンの州研究所で行われた迅速検査は陰性と判定されず、カナダ食品検査庁(CFIA)に報告された。これらの結果は、2021年12月16日にアルバータ州レスブリッジにあるCFIAのOIE BSEリファレンス研究所にてBSEの非定型(H型)症例として確認された。死体は保管され、ヒトの食物や動物の食物連鎖には侵入していない。カナダにおける非定型BSEの検出は、カナダの強力な標的BSEサーベイランスプログラムが現在も有効であることを示している。カナダでは、特定危険部位を全般的な家畜食物連鎖及び飼料から排除するための厳格な管理を含むフィードバンの強化を引き続き実施している。対応として、死体・副産物・廃棄物の公的処理が実施された。
41	白癬感染	日本医真菌学会雑誌. 62(2021) 63	2020年に東京、埼玉、千葉、静岡、兵庫、山口、熊本において210名の白癬患者から分離した、 <i>Trichophyton interdigitale</i> (82株)及び <i>T.rubrum</i> (128株)の210株からTRF耐性を示した5株を分離した。全て <i>T.rubrum</i> で、TRFに対する最小発育阻止濃度は、32mg/L以上を示したが、アゾール系抗真菌薬には感受性であった。また全株のスクワレンエポキシダーゼ(SQLE)遺伝子にL393Fの変異が認められた。国内白癬患者の約2.3%は耐性株に感染し、 <i>T.rubrum</i> 感染に限定すると約3.9%の耐性率となる。一方、インドにおいて2018年から、TRF耐性 <i>T.interdigitale</i> による体部白癬が流行しており、国内でも2020年から渡航者に感染が認められている。流行株の遺伝子性状、生理学的性状、病態から新種の <i>T.indotineae</i> として命名された。
42	細菌感染	Sci Rep. 11(2021) 2684	現在までに、 <i>Anaerococcus</i> 属には13種が割り当てられており、この属の種のほとんどは嫌気性であり、人間起源である。 <i>Anaerococcus urinimassiliensis</i> sp. nov.、strain Marseille-P2143T株は、自己免疫性肝炎及び膜性増殖性糸球体腎炎に罹患した17歳の少年の尿から、培養アプローチを使用して分離されたPeptoniphilaceae科のメンバーである。本研究では、この新種を説明するためにtaxono-genomics methodを用いた。Marseille-P2143T株は、血液寒天培地上に半透明のコロニーを持つグラム陽性球菌であった。そのゲノムは2,189,509bpの長さで、33.5 mol%のG + C含有量であり、 <i>Anaerococcus provencensis</i> 株9、402、080と98.48%の16SrRNA類似性を示した。 <i>Anaerococcus urinomassiliensis</i> 株Marseill-P2143Tを近縁種と比較すると、値は <i>A.hydrogenalis</i> 株DSM7454T(NZ_ABXA01000052.1)で71.23%、 <i>A.provencensis</i> 株9402080T(NZ_HG003688.1)で90.64%の範囲であった。

ID	感染症(PT)	出典	概要
43	細菌感染	第70回日本感染症学会東日本地方会学術集会、第68回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会(2021/10/27-2021/10/29)075	【症例】慢性心不全、大動脈弁狭窄症の既往のある酪農家の70歳男性が、呼吸困難、左手関節痛を主訴に他院を受診、慢性心不全増悪の診断で当院へ紹介搬送された。来院後の診察で左手関節の腫脹、熱感があり血液検査上CRPの上昇を認めた。手関節の関節穿刺では膿汁が引け、化膿性手関節炎、慢性心不全増悪の診断で入院、血液培養を採取してVCM、CTRXの投与を開始した。翌日に血液培養2セット、関節液から院内で同定不能のグラム陰性桿菌が検出された。感受性試験ではCTRXに感受性があり、VCMを中止しCTRXのみ継続した。入院後に腰痛の訴えがあり、腰椎MRIで第4、5腰椎に椎体椎間板炎、両側腸腰筋腫瘍を疑う所見を認めた。第10病日に腸腰筋腫瘍のドレナージ術を実施しCRPは順調に低下、第28病日に腰椎の後方固定術を実施した。感受性結果から抗菌薬の内服以降を目的にABPCへ変更したが薬疹の出現があり、LVFXへ変更した。起炎菌であるグラム陰性桿菌は質量分析でも同定がつかず、16SrRNA遺伝子解析で <i>Mannheimia varigena</i> と同定された。【考察】 <i>M.varigena</i> はウシに呼吸器感染を引き起こす <i>M.haemolytica</i> から1999年に16SrRNA遺伝子解析により分離同定され、仔ウシの肺炎、流産、髄膜炎、敗血症などの報告がある。患者は仔ウシ業に従事する酪農家で仔ウシからの感染が示唆され、また <i>M. varigena</i> のヒトへの病原性を持つ可能性が示唆される。本症例は <i>M.varigena</i> のヒトへの感染の世界で初めての報告である。
44	細菌感染	第70回日本感染症学会東日本地方会学術集会第68回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会(2021/10/27-2021/10/29)037	【症例】69歳、女性【主訴】腹痛、嘔気【現病歴】腹膜癌疑い(多発肺転移、恥骨部転移、大網腫瘍)で当院かかりつけ。開腹生検は希望されず、Best Supportive Careの方針となっていた。3ヶ月前にPICCを挿入し、在宅で使用していた。来院1日前から腹痛、嘔気を訴え、腹膜播種に伴う麻痺性イレウスの診断で入院とし、胃管挿入と補液による保存的加療を行った。末梢静脈とPICCからの血液培養より <i>Tsukamurella</i> 属菌が検出され、PICCを抜去した。第7病日よりIPM/CS、LVFXを計14日間投与し、血液培養の陰性化を確認した。16SrRNA遺伝子解析では複数菌種が密接に関連し、菌種を同定できなかった。3種類のハウスキーピング遺伝子(<i>groEL</i> 、 <i>secA</i> 、 <i>rpoB</i>)の配列を解析し、 <i>Tsukamurella ocularis</i> と同定した。【考察】 <i>Tsukamurella</i> 属菌は土壌、水など環境中に広く生息する偏性好気性弱抗酸性放線菌で、免疫不全者において血流感染症を引き起こす。在宅患者でカテーテル関連血流感染症を確認した際は生活環境に生息する菌も考慮する必要がある。また <i>Tsukamurella ocularis</i> は結膜炎の患者の結膜スワブより2018年に検出された新菌種である。本菌による菌血症は過去に報告されていない。今後の症例の蓄積により、臨床病態の解明が望まれる。
45	細菌感染	第70回日本感染症学会東日本地方会学術集会第68回日本化学療法学会東日本支部総会合同学会(2021/10/27-2021/10/29)075	慢性心不全、大動脈弁狭窄症の既往のある酪農家の70歳男性が、呼吸困難、左手関節痛を主訴に他院を受診、慢性心不全増悪の診断で当院へ紹介搬送された。来院後の診察で左手関節の腫脹、熱感があり血液検査上CRPの上昇を認めた。手関節の関節穿刺では膿汁が引け、化膿性手関節炎、慢性心不全増悪の診断で入院、血液培養を採取してVCM、CTRXの投与を開始した。翌日に血液培養2セット、関節液から院内で同定不能のグラム陰性桿菌が検出された。感受性試験ではCTRXに感受性があり、VCMを中止しCTRXのみ継続した。入院後に腰痛の訴えがあり、腰椎MRIで第4、5腰椎に椎体椎間板炎、両側腸腰筋腫瘍を疑う所見を認めた。第10病日に腸腰筋腫瘍のドレナージ術を実施しCRPは順調に低下、第28病日に腰椎の後方固定術を実施した。感受性結果から抗菌薬の内服以降を目的にABPCへ変更したが薬疹の出現があり、LVFXへ変更した。起炎菌であるグラム陰性桿菌は質量分析でも同定がつかず、16SrRNA遺伝子解析で <i>Mannheimia varigena</i> と同定された。 <i>M.varigena</i> はウシに呼吸器感染を引き起こす <i>M.haemolytica</i> から1999年に16SrRNA遺伝子解析により分離同定され、仔ウシの肺炎、流産、髄膜炎、敗血症などの報告がある。患者は仔ウシ業に従事する酪農家で仔ウシからの感染が示唆され、また <i>M. varigena</i> のヒトへの病原性を持つ可能性が示唆される。本症例は <i>M.varigena</i> のヒトへの感染の世界で初めての報告である。
46	鳥インフルエンザ	ProMED-mail 20210716.8519755	2021年2月、ロシアは鳥インフルエンザH5N8による初めてのヒト感染症を報告し、5月にCDCは、人獣共通感染症の鳥インフルエンザA/H5N8をIRATリストに追加した。
47	B型肝炎	Transfusion. 61(2021)2782-2787	ONAT検査陰性のHBVウィンドウ期の血液を輸血された患者におけるHBVの長期潜伏輸血によるHBV感染(TT-HBV)は、血液スクリーニングの継続的な改善により大幅に減少したが、いまだにごく少数例が報告されている。個別NAT陰性血による輸血後HBV感染の特徴は明らかになっていない。急性骨髄性白血病に罹患した76歳女性が、個別NAT陰性の成分採血による血小板製剤の輸血後に肝炎を発症した。供血者及び受血者検体を用いてダイレクトシーケンス法によるHBV遺伝子の解析を行ったところ、両検体間に塩基配列の相同性が認められ、輸血に起因するHBV感染と確定された。HBV-DNAが輸血後5か月近く潜伏したまれな症例である。(個別NAT導入後、日本で報告された最も長い潜伏期間は84日であった。)HBVの遺伝子型 A2は複製速度が遅く、本症例の長期の潜伏期間に寄与した可能性がある。また、血小板製剤が多量の血漿成分を含むことや、血液腫瘍患者における免疫応答がHBV感染の成立に寄与した可能性がある。このような状況は、過去に日本で確認された個別NAT陰性血液による輸血後HBV感染3症例の分析結果と同様である。個別NAT陰性のHBV ウィンドウ期の血液に由来する血液を輸血した場合、3か月より長期間のHBV感染の継続的なモニタリングを行う必要がある。

ID	感染症(PT)	出典	概要
48	COVID-19	CMAJ. https://www.cmaj.ca/content/early/2021/10/04/cmaj.211248	カナダ、オンタリオ州のCOVID-19症例データを使用して、入院、集中治療室(ICU)の入院及び死亡のリスクによって測定された、非VOC SARS-CoV-2株と比較したVOCの毒性を評価した。分析には212,326例が含まれ、2.8%がデルタ感染の可能性として分類された。調整済みリスクは非VOC感染とデルタ感染において、入院で108%(95%CI 78%-140%)、ICU入室で235%(95%CI 160%-331%)、死亡で133%(95%CI 54%-231%)となり、デルタ変異体の相対的な毒性の強化を示した。また、モデルから非VOC症例を除外した制限分析では、入院(調整オッズ比[OR] 1.45、95%CI 1.27-1.64)、ICU入室(調整済みOR 2.01、95%CI 1.60-2.47)及び死亡(調整済みOR 1.69、95%CI 1.16-2.35)となり、N501Y陽性VOC感染と比較してデルタ感染のリスクが有意に増加していることがわかった。デルタ変異体は、以前は優勢だったN501Y陽性VOCよりも毒性が強い。
49	COVID-19	ProMED-mail 20211018.8699127	英国では、COVID-19のスパイク中にS:Y145H変異のある新しいデルタ株AY.4が遺伝子配列解析症例の8%に達するとともに、2021年10月17日には7月中旬以来この3ヶ月間で最大の1日あたりCOVID症例増加数があったという記事。この時期は、ボリス・ジョンソン首相が「フリーダム・デイ」と称して大半のCOVID関連制限の撤廃を認可した頃に当たる。このデルタプラス株が、これまでの株より伝播性が高いのか、部分的には免疫回避もあるのかを明らかにするためには早急な調査が必要である、とも述べられている。Bloombergのコロナウイルス追跡調査によると、ウイルスによる週死亡数は過去6週間ごとに800人に達し、他の主要な西欧諸国よりも多かった。現在までに英国では、約14万人のCOVID関連死者数を記録している。
50	COVID-19	ProMED-mail 20211023.8699224	AY.4.2と呼ばれる、デルタ株関連の新たなコロナウイルスの亜型変異株に関する報告。米国、英国、及びイスラエルでは科学者らによる監視が強まっている。AY.4系統について「米国のデルタウイルスの約11%を占める」と米国CDCは述べている。英国保健安全保障庁は、2021年10月15日、AY.4.2は現在英国で「拡大」かつ「頻度が増加」しており、英国国内の配列決定株の推定6%に相当すると述べた。同10月19日、イスラエルの保健当局は初めて記録されたAY.4.2の症例を報告した。
51	COVID-19	ProMED-mail 20211208.8700145	2021年11月、南アフリカでSARS-CoV-2オミクロン株が出現した。スパイクタンパク質やウイルスのその他の部位における多数の変異から、この変異株が、ワクチンのもたらす免疫を大幅に回避するのではないかと懸念が生じた。さらに、受容体結合部位とS2領域における複数の変異が、感染力とACE-2親和性に影響を及ぼすと予測される。科学者らの発表によると、同定されたオミクロン株の「ステルス」型は、公衆衛生当局がPCR検査を使用してもその他の変異株と区別できない。ステルス変異株と標準オミクロン株は多くの変異を共通に有するが、ステルス変異株ではある特定の遺伝子変化がない。実験室ベースのPCR検査を用いればオミクロン株と同定されえるが、迅速に結果が得られる通常のPCR検査では症例が特定されない可能性がある。オミクロン株の新形態が標準オミクロン株と同様に拡大するかどうかは判明するには早すぎるが、この「ステルス」型は遺伝子学的に異なるため、異なる振る舞いを見せる可能性は十分にある。ステルス型変異株は、南アフリカ、オーストラリア、カナダより最近提供されたCOVIDウイルスゲノム中に初めて検出されたが、既により広範に拡大しているかもしれない。これまでに特定された7症例中、英国におけるものはなかった。オミクロン株の新型の発見により、研究者らはB.1.1.529系統を、BA.1として知られる標準オミクロン株と、BA.2として知られる新規株に分類した。ロンドン大学遺伝学研究所デレクターFrancois Balloux教授は、「オミクロンにはBA.1とBA.2の2系統あり、これらは遺伝学的に大きく異なる。2系統は、異なる動きを見せるかもしれない」と述べた。科学者らは全ゲノム解析を行いどの変異株がCOVID感染を生じるかを確認するが、PCR検査により示唆が得られる場合もある。英国のPCR装置の約半数がウイルスの3遺伝子を検索するが、そのうち2箇所でのみオミクロンが陽性となった。これはオミクロン株がアルファ株同様、「S」スパイク遺伝子の欠失と呼ばれる遺伝子変異を有しているためである。機器の問題は、いわゆる「S遺伝子ターゲット不良」を表示するPCR検査によって、オミクロン株感染が示唆される可能性が高いことを意味する。大きな不透明点は、どのようにして新規株が出現したのかということである。「ステルスオミクロン」はオミクロンに該当するものの、遺伝学的に区別もされるため、急速に拡大すれば新たな「懸念される変異株」となるかもしれない。ある研究者は、BA.1及びBA.2の2種の変異と共通の変異を伴って出現が連続したことは「懸念される」事象であり、公衆衛生サーベイランスが「パズルの大きなピースを欠いている」と指摘した。昨年(2020年)、コロナウイルスによるパンデミックは、マラリアとの闘いにおいて大惨事をもたらした。世界保健機関(WHO)によると、2019年と比較して推定1400万の感染増加と約5万の死亡増加をもたらした。テドロスWHO事務局長は新たな世界マラリア報告で「パンデミック以前でさえマラリアに対する世界の進展は横ばいに留まっていたので、疾病負荷の高い国々はマラリアとの闘いの基盤を失っている」と述べ、行動の加速がない限り特にアフリカにおいて疾病の即時再拡大が生じると警告した。昨年(2020年)、WHOは241,000,000例のマラリア症例と627,000件の死亡を報告したが、これは2019年から69,000件増加していた。WHO職員はそのほとんどをコロナウイルスに原因があるとした。こうした悲惨な人数は、専門家による長らくの懸念を裏付け、コロナウイルスとそれに対抗する取り組み(休業やソーシャルディスタンス)が救命活動をいかに妨げたかを示している。WHOによると、多くの国が、殺虫処理が施された蚊帳を配給するキャンペーンの遂行に苦慮している。COVID-19時代に適応する強い取り組みがなければ、死亡数ははるかに高かっただろう。ともWHO職員は述べる。パンデミック初期の最悪状況解析では、2倍のマラリア死亡数が予測されていたのである。アフリカは疾病負荷を抱え続け世界の症例の95%と死亡数の96%を記録し、世界のマラリアによる死亡者数の32%をナイジェリアが占めた、とWHO職員は発表した。

ID	感染症(PT)	出典	概要
52	COVID-19	Science. https://www.science.org/doi/10.1126/science.abj9932	研究者らは、2020年11月～2021年6月にDelhiから取得したゲノム及び疫学データを使用した。2021年3月、アルファ変異株が症例の約40%を占めるまでに急増したが、2021年4月にデルタが急速に優勢に置き換わった。Bayesian modelによると、デルタ変異株はこれまでにDelhiで認められているCOVID-19の他の系統よりも、30%～70%感染力が強かった。また、このモデルは、デルタ変異株が以前の感染によって誘発された免疫を部分的に回避できることも示しており、以前の感染は、以前の系統に対して提供するデルタ変異株の感染に対する保護の50～90%(50%bCI)しか提供しない。
53	COVID-19	WHOホームページ. https://www.who.int/news/item/26-11-2021-classification-of-omicron-(b.1.1.529)-sars-cov-2-variant-of-concern	オミクロン株(B.1.1.529)の分類:懸念されるSARS-CoV-2変異株; 2021年11月24日、南アフリカからB.1.1.529変異株が初めてWHOに報告された。ここ数週間、B.1.1.529変異株の検出と同時に感染が急増している。初めて判明したB.1.1.529感染は、2021年11月9日に採取された検体から確認された。WHOはB.1.1.529を懸念される変異株(VOC)に指定し、オミクロンと名付けた。
54	COVID-19	WHOホームページ. https://www.who.int/news/item/28-11-2021-update-on-omicron	オミクロン株(B.1.1.529)の分類:懸念されるSARS-CoV-2変異株; 2021年11月24日、南アフリカからB.1.1.529変異株が初めてWHOに報告された。ここ数週間、B.1.1.529変異株の検出と同時に感染が急増している。初めて判明したB.1.1.529感染は、2021年11月9日に採取された検体から確認された。WHOはB.1.1.529を懸念される変異株(VOC)に指定し、オミクロンと名付けた。
55	E型肝炎	IASR. 42(2021)271-287	2014年1月～2021年9月までにE型肝炎と届出された患者は2770例であった。国内で感染したと推定された患者が大勢を占め(88%)、国外での感染が推定された件数は113例(4.1%)であった。届出された2770例のうち、推定感染経路の記載があった国内1035例で、その内訳はブタ(肉やレバーを含む)の喫食が428例(41%)と大部分を占めていた。その他にはイノシシ99例(10%)、シカ88例(9%)などで、動物種不明の肉(生肉、焼肉など)あるいはレバーがそれぞれ218例(21%)、79例(8%)であった(重複を含む)。国外113例中では、水5例(4%)、ブタあるいは動物種不明の肉の喫食が30例(27%)であり、必ずしも正しい感染源でない可能性もあり、感染源が特定されるケースは少ない。ブタのHEV感染が世界各地で確認されており、日本国内の調査でも2～3か月齢のブタの糞便からHEV遺伝子が高率に検出され、また出荷時のブタ(6か月齢)においては、感染歴を示す抗体保有率が90%以上であると報告されている。一方で、出荷時のブタの血清や流通している豚レバーからはHEV遺伝子が検出されるものの、その頻度は低いとされている。また、国内の野生イノシシの抗体保有率(34%)はブタより低いが、HEVが広く侵淫していることも明らかにされている。また、最近はずら、ウサギ、ラクダ由来のHEVの人への感染が報告されている。
56	H1N1インフルエンザ、インフルエンザ	CDC FluView. 2021/10/30	新型インフルエンザAウイルス: 2020～21年のインフルエンザシーズン中に発生した新型インフルエンザAウイルスによる3例のヒト感染が報告された。Indianaから、新型インフルエンザA(H1N2)変異株(A(H1N2)v)による1例のヒト感染が報告され、IowaからインフルエンザA(H1N1)vによる2例のヒト感染が報告された。3例の患者全員が、ブタがいる農業イベントに参加したか、ブタがいる農場を訪れていた。(2021年11月5日更新)
57	H1N1インフルエンザ	ProMED-mail 20211106.8699431	米CDCは、ブタに通常見られるインフルエンザウイルスの2種類の新たな変異株が、2例の小児に感染したと報告している。新規のヒト感染の1例は、罹患前にブタと接触した場所で発生したが、他の1例はブタへの曝露は知られておらず、ヒトとヒトとの接触で感染した可能性がある。その2例はウイルスを他のヒトに広めたとは考えられていない。新たな変異株はH3N2及びH1N1のグループに属していることなどについて記載。(2021年11月6日付け)
58	H3N2インフルエンザ、H1N1インフルエンザ	CDC FluView. 2021/10/16	米CDCは2021年10月22日に、通常ヒトではなくブタにおいて広がるインフルエンザウイルスに感染した米国の2例(H3N2vウイルス:1例、H1N1vウイルス:1例)のヒトについて報告した。ノースダコタ州からは、2020-21年のインフルエンザシーズンに発生したインフルエンザA(H1N1)変異型(A(H1N1)v)ウイルスによる感染が1件、オハイオ州からは、2021-22年のインフルエンザシーズンに発生したインフルエンザA(H3N2)vウイルスによる感染が1件報告された。いずれの患者も18歳未満で、入院しておらず、病状から回復したか、回復しつつある。今回報告された2例の変異型インフルエンザウイルス感染のうち、1例の患者には、発症前にブタとの接触歴があったが、もう1例の症例では、直接的又は間接的なブタへの既知の接触は特定されておらず、限定的なヒトからヒトへの感染が起こった可能性がある。いずれの患者についても、現在進行中のヒトからヒトへの感染は確認されていない。

ID	感染症(PT)	出典	概要
59	SARS-CoV-2 検査陽性	ProMED-mail 20220130.8701158	<p>背景: SARS-CoV-2は、ヒトからペット動物を含む他の哺乳類への感染が報告されている。しかし、養殖ミンクを除いて、これらの感染動物がヒトに感染すること、及びヒト間でさらに伝播することを示す過去の記録はない。今回、ペットショップ店員のSARS-CoV-2感染が確認された後、店舗内及び店舗に供給している倉庫内の動物についてSARS-CoV-2感染の有無を検査した。検査方法: ペットショップ及びペットショップに供給している倉庫で、ペット動物のウイルス綿棒及び血液を採取し、それぞれSARS-CoV-2 RT-PCR及び血清学的検査で検査した。SARS-CoV-2 RT-PCR陽性サンプルは、フルゲノムシーケンス解析により調査した。所見: ペットショップ(8/16)と倉庫(7/12)で個別に検査したシリアンハムスターの50%以上がRT-PCR又は血清検査でSARS-CoV-2感染に陽性であった。ドワーフハムスター(n = 77)、ウサギ(n = 246)、モルモット(n = 66)、チンチラ(n = 116)及びマウス(n = 2)のいずれも、RT-PCR検査で陽性と確認されたものはない。今回のヒト及びハムスターの症例から推定されたSARS-CoV-2ウイルスのゲノムは、いずれもそれ以前に局所的に流行していなかった懸念されるデルタ変異型(A.Y.127)に属するものであることが判明した。これらの配列は非常に類似しているが、異なるものである。ハムスターから得られたウイルスゲノムは、系統的に関連しているが、いくつかの配列の異質性があり、系統的な年代測定から、これらのハムスターの感染は2021年11月21日頃に起こったことが示唆される。ヒトへの感染は2回あり、1回目は家庭内伝播につながったことが記録されている。解釈: ペットのハムスターは生活の中で自然感染する可能性がある。ウイルスがハムスター内で循環し、ヒトへの感染につながる可能性がある。遺伝学的、疫学的な結果は、2つの別々のハムスターからヒトへの感染があったこと、そしてそのような事象がヒトへの感染につながることを強く示唆するものであった。感染したハムスターの輸入が最も可能性の高いウイルス感染源であった。</p>