

ID	感染症(PT)	出典	概要
1	ウイルス感染	Emerg Infect Dis. 29(2023)286-293	<p>情報源: Emerging Infectious Diseases DOI: https://doi.org/10.3201/eid2902.221468 (2023年2月27日付)</p> <p>【要約】2022年3月、心肺移植を受けたフランスの61歳の女性が、主に肝酵素の増加を特徴とする慢性肝炎の治療を求めた。一般的な病因を除外した後、メタゲノム次世代シーケンシングを使用して肝生検サンプルを分析し、未知の種のサーコウイルス(仮称ヒトサーコウイルス1(HCirV-1))を特定した。他のウイルス又は細菌の配列は見つからなかった。HCirV-1は、最も近い既知のウイルス配列と70%のアミノ酸同一性を共有していた。ウイルスゲノムは、2017年から2019年まで血液サンプルでは検出できていなかったが、2020年9月に低レベルで検出可能になり、2022年1月に非常に高い力価(10¹⁰ゲノムコピー/mL)でピークに達した。2022年3月、肝臓と血液中に10⁸のゲノムコピー/g又はmLが見つかり、肝臓の細胞溶解を伴っていた。肝細胞の2%でHCirV-1転写産物を検出し、ウイルス複製を示し、肝障害におけるHCirV-1の役割を支持した。</p> <p>●通信元: ProMED</p> <p>ヒトサーコウイルス肝感染症の1回目の報告です。しかし、ProMEDは以前、ベトナムとマラウイからのヒトサーコウイルス感染に関して投稿しています(サーコウイルス-ベトナム、マラウイ:ヒト、脳脊髄液 20130624.1789227;サーコウイルス-ベトナム:急性CNS感染症20130618.1780170)。この分離株がサーコウイルス科のシクロウイルスとして分類されると思われるものとのような関係があるかは明らかではありません。その後、アフリカの症例CSF PCRは偽陽性であると報告されました(チャンMCW、クオックSWY、チャンPKS。ヒト脳脊髄液中のシクロウイルスマラウイ株VS5700009の偽陽性PCR検出。Jクリンビドル。2015;68: 76-78;DOI: 10.1016/j.jcv.2015.05.007。)- Mod.LL</p>
2	ウイルス感染	Front Microbiol. 13(2023)1091908	<p>トスカナウイルス(TOSV)とシチリア型サンショウバエ熱ウイルス(SFSV)は、どちらもサンショウバエが媒介するフレボウイルスで、ヒトに感染し疾患を引き起こす可能性がある。TOSVとSFSVに対する抗体はウマ、ネコ、イヌ、ウシ、ヤギ、コウモリから発見されたが、増幅宿主は発見されていない。最近、3つの異なる野鳥種の脳と腎臓の組織からTOSV RNAが検出されたが、SFSVと野鳥の間の相互作用を支持するデータはない。しかし数種のサンショウバエは家禽の血液を餌としている。渡り鳥は疾患伝播において重要な役割を果たしており、ヨーロッパウズラは渡り鳥である上に狩猟種であるため、食物連鎖を介した直接接触による疾患伝播の可能性を高めている。本研究ではスペインの野生ヨーロッパウズラの血清を収集し、TOSVとSFSVに対する中和抗体の存在について調べた。2018年、2019年、2021年にスペインの2つの場所(カタルーニャのピレネー山脈に位置する村のAlp付近の農地と、Mallorca島中部のSineu村とVilafra de Bonany村付近の農地)で111羽の雄のヨーロッパウズラから血液を採取した。SFSV抗体は血清陽性率45.45%(50/110)、TOSV抗体は血清陽性率42.45%(45/106)で、20例は両ウイルスに対して血清陽性であった。SFSVとTOSVの血清陽性率は地域間で有意差はなく、年齢群間でも有意差がなかった。本研究では野鳥のSFSV中和抗体、TOSV中和抗体を初めて発見した。またこの結果は、これまでに脊椎動物で検出された中で最も中和抗体検出率が高かった。本研究で得られた結果と、最近の大型渡り鳥におけるTOSVの検出を考慮すると、ウズラ(そしておそらく他の鳥類)がTOSVとSFSV、他のサンショウバエ媒介性フレボウイルスの保有宿主か増幅宿主となり得ることを考慮すべきである。ウズラは陸生哺乳類よりもかなり移動性が高く、ウイルスを広範囲に拡大させる可能性がある。欧州では年間少なくとも1,607,964羽のウズラが狩猟され、その際イヌとヒトがウズラと直接接触するためウイルスの拡散リスクが懸念される。本研究の結果はこれまでのデータとともに、ウズラがこれらのウイルスの生態において目立った役割を果たしていることを示す一連のエビデンスとなっている。今後の研究では、実験的研究と野生生物に基づく研究の両方を用いて、この仮説に取り組む必要がある。</p>
3	ウイルス感染	ProMED-mail 20230226.8708615	<p>問題点: フランスにおいて、新規サーコウイルス(HCirV-1)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。2022年3月、フランスの心肺移植歴を有する61歳女性において主に肝臓酵素の増加を特徴とする慢性肝炎が認められた。一般的な病因を除外した後、メタゲノム次世代シーケンス(mNGS)を用いた肝生検サンプル分析の結果、未知の種が同定され、暫定的にHCirV-1と名付けられた。他のウイルスや細菌のシーケンスは見つからなかった。HCirV-1は最も近い既知のウイルス配列と70%のアミノ酸同一性を共有していた。ウイルスゲノムは、2017~2019年の血液検体では検出されず、2020年9月に低レベルで検出可能になり、2022年1月に非常に高い力価(10¹⁰ゲノムコピー/mL)でピークに達した。2022年3月には、肝臓と血液中に10⁸を超えるゲノムコピー/g又はmLが検出され、同時に肝細胞溶解が認められた。肝細胞の2%でHCirV-1転写物が検出され、ウイルス複製が証明され、肝障害におけるHCirV-1の役割が裏付けられた。【症例報告】症例は心室中隔欠損症に関連するアイゼンメンゲル症候群に対し、17年前に心肺移植を受けていた。急性肺同種移植片機能不全治療のため、肝炎が発生する16か月前にパルスステロイドを投与されていた。2021年11月、コルチコステロイドのパルス療法より14か月後、ガンシクロビル耐性ウイルスによるサイトメガロウイルス大腸炎のために入院し、ホスカビル、マリバビル、続いてレテルモビルによる長期維持療法を要した。超音波検査では、症状や肝臓の異常のない細胞溶解が検出された。入院より4か月後に肝炎は悪化した。肝生検による一次陰性結果後、mNGSを実施し、新規サーコウイルスHCirV-1の存在が明らかになった。2022年11月、臨床症状は安定しており、細胞溶解は完治した。HCirV-1の感染源を確認する際、患者は2匹のネコとの接触を報告し、これらは鳥類やげっ歯類と接触していた。2匹とも糞便中のHCirV-1 PCRは陰性であった。国外への渡航歴はなかった。症例はHCirV-1が最初に検出される17か月前に輸血を受けていた。【考察】2022年11月時点で、本症例の感染源は特定されていない。具体的には、動物ウイルスのスピルオーバーによるものなのか、それともこれまで知られていないヒトウイルスによるものなのかを特定することができなかった。系統解析の結果、このウイルスは本症例の感染源としては考えられない野生の外来動物を宿主とする既知のウイルスに最も近いとされたが、HCirV-1は動物由来である可能性があり、E型肝炎ウイルスと同様の方法で食事由来である可能性があるかと推測された。HCirV-1は唾液、尿、糞便中に排出された。ウイルスがヒトからヒトへ感染する可能性があるかどうかはまだ調査されていない。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
4	クリプトスポリジウム感染	Arch Razi Inst. 77(2022)2345-2352	クリプトスポリジウム属は最も重要な細胞内寄生原虫の1つであり、ウシでは1970年に、ヒトでは1976年に検出された。1979年、 <i>Cryptosporidium felis</i> は主要宿主として機能するネコから初めて発見されたが、ヒトとウシはマイナーな宿主として感染する可能性がある。イラクでは、クリプトスポリジウム属を検出するために多くの研究が行われたが、どの動物やヒトでも <i>C. felis</i> に関するオンラインデータや報告はなかった。そこで本研究では、分子PCR法を用いてウシの <i>C. felis</i> 感染を実証した。2021年2-4月にイラク、Wasito州の郊外・農村地域の、1歳以下の雌と雄の下痢性子牛130頭から糞便試料を収集した。 <i>C. felis</i> の熱ショックタンパク質70遺伝子を標的とするPCRを実施したところ、23頭(17.69%)の個体が陽性であった。臨床検査の結果、陽性子牛と陰性子牛の体温、脈拍、呼吸数に有意差は認められなかった。陽性結果と人口統計学的リスク因子との関連性は、農村部と郊外地域の間で、感染の有病率と <i>C. felis</i> 曝露のリスクに有意差を示さなかった。しかし、12か月齢の子牛よりも6か月齢の子牛で、また雄よりも雌で、より高い有意値が報告された。5つの地方 <i>C. felis</i> 分離株は、登録番号MZ964600.1、MZ964601.1、MZ964602.1、MZ964603.1、MZ964604.1で記録された。地方 <i>C. felis</i> 分離株とNCBI-BLAST <i>C. felis</i> 分離株の間の相同性配列同一性の分析は、地方 <i>C. felis</i> 分離株とスウェーデンの <i>C. felis</i> 分離株(KP642069.1)の間の顕著に高い同一性(99.45-99.72%)を検出した。いくつかの報告ではウシにおける <i>Cryptosporidium</i> spp.、 <i>C. hominis</i> 、 <i>C. parvum</i> 、 <i>C. andersoni</i> 、 <i>C. bovis</i> 、 <i>C. ryanae</i> の感染が示されているが、 <i>C. felis</i> 感染についてはほとんど分かっていない。過去の研究ではヒトのクリプトスポリジウム症がネコからヒトへの <i>C. felis</i> の伝播によって引き起こされること、地方 <i>C. felis</i> 分離株とオーストラリアのネコ由来 <i>C. felis</i> 分離株(AF221538.1)の顕著な近縁性より <i>C. felis</i> のネコから子牛への伝播の妥当性が示されている。本研究の結果は、ウシにおける <i>C. felis</i> 感染の範囲が世界的に予想されていたよりも広く、ウシからヒトへの感染の可能性が高いという疫学的及び分子のエビデンスを提供する。
5	サルモネラ症	Emerg Infect Dis. 29(2023)314-322	アンピシリン、ストレプトマイシン、スルファメトキサゾール、テトラサイクリン(ASSuT)に耐性のある <i>Salmonella enterica</i> 血清型4,[5],12:i:-感染症の報告が増加している。米国におけるこのサルモネラ菌株による感染症の疫学、耐性特性、遺伝学について説明するため、5つの国立監視システムからのデータを分析した。ASSuT耐性 <i>Salmonella</i> 4,[5],12:i:-は、2009~2013年におけるサルモネラ感染症の1.1%から、2014~2018年におけるサルモネラ感染症の2.6%に増加した。この耐性パターンを持たない <i>Salmonella</i> 4,[5],12:i:-分離株の割合は、同じ時間枠で、3.1%から2.4%に減少した。2015~2018年に配列決定された分離株のうち、合計で69%が同じ系統分岐群内にあった。その分岐群内において、分離株の77%がASSuT耐性の遺伝的決定基を有し、16%はシプロフロキサシン、セフトリアキソン、又はアジスロマイシンに対する感受性低下の遺伝的決定基を有していた。2009~2018年間に、FoodNetサイトは4,[5],12:i:-による感染症3,772例を報告した。特定の患者情報が得られている感染症例のうち、29%(1,053/3,666例)は一晩入院し、4.1%(154/3,772例)は菌血症を有し、0.5%(17/3,669例)が死亡した。パルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)の情報が得られている3,160例(84%)の4,[5],12:i:-感染症例のうち、1,427例(45%)は多剤耐性(MDR)分岐群で認められるPFGEパターンを有していた。豚肉の消費は、他のサルモネラ感染症と比較して、血清型4,[5],12:i:-と関連する頻度が高かった(aOR 1.39、95%CI 1.18-1.65)。また、4,[5],12:i:-による感染症において、豚肉の消費はMDR分岐群で認められるPFGEパターンと関連していた(aOR 1.86、95%CI 1.29-2.67)。これらの関連性は、認められたアウトブレイクによる症例222例(5.9%)を除外した後も持続していた。2009~2018年間に、37州から123件の4,[5],12:i:-によるアウトブレイクが報告された。これらは、2,004例のアウトブレイク関連疾患、295例の入院、3例の死亡で構成された。4,[5],12:i:-に起因するサルモネラのアウトブレイクの割合は、2009~2013年における4.5%(42/926件)から2014~2018年における7.9%(81/1,026件)に増加していた。4,[5],12:i:-感染による123件のアウトブレイクのうち、61%(75件)は食品、15%(18件)は動物との接触、5.7%(7件)は他のヒトからの感染によるものであった。19%(23件)の感染方式は不明であった。PFGE情報が得られた4,[5],12:i:-によるアウトブレイク114件のうち、62.2%(74件)はMDR分岐群で認められるPFGEパターンを有していた。これら114件のアウトブレイクのうち、22件は単一の食品によるものであり、うち12件は豚肉によるものであった。それら12件のうち、11件がMDR分岐群で認められるPFGEパターンを有していた。単一の動物との接触による12件のアウトブレイクのうち、5件はブタとの接触によるものであった。5件全てがMDR分岐群で認められるPFGEパターンを有していた。ブタの <i>Salmonella</i> 4,[5],12:i:-保菌を防ぐことで、この菌株のヒトへの感染を回避できる可能性がある。
6	トリパノソーマ症	Vet World. 16(2023)149-153	トリパノソーマには様々な種があるが、すべてが哺乳類に病原性を持つわけではない。ウシでは5種のトリパノソーマ(<i>Trypanosoma congolense</i> 、 <i>T. congolense</i> savannah type、 <i>T. congolense</i> forest type、 <i>Trypanosoma vivax</i> 、 <i>Trypanosoma brucei</i>)が病原性を持ち、ヒトの睡眠病は <i>Trypanosoma brucei gambiense</i> か <i>Trypanosoma brucei rhodesiense</i> によって引き起こされる。これまでの研究では、N' Damaのような特定のウシ品種は、寄生虫血症や貧血を制御する能力を持つトリパノソーマ耐性があるため、寄生虫を宿主保有宿主として機能することが示されている。我々はこのようなウシが、サハラ以南アフリカにおけるウシ疾患伝染動態に大きく寄与し、ヒトトリパノソーマの潜在的な保有宿主であり、疾患制御と薬剤耐性の課題を増大させているという仮説を立てている。本研究ではナイジェリア南西部の屠殺場において、一見健康そうなN' Dama牛127頭から屠殺時に血液サンプル(各10mL)を採取し、内部転写スペース-1遺伝子と18SリボソームRNA遺伝子を利用して、127例のゲノムDNA抽出物における動物トリパノソーマとヒトトリパノソーマの分子的特性評価、分離株の系統関係を分析した。PCRの結果から、127例のウシサンプルのうち9例(7.1%)がトリパノソーマに対して陽性に増幅され、バンドサイズは250-710bpの範囲であった。興味深いことに、この分析では複数のトリパノソーマ種(<i>T. congolense</i> savannah typeと <i>T. congolense</i> forest type)を保有するウシと、ヒトトリパノソーマ(<i>T. brucei</i>)に感染した可能性のある別のウシが示された。配列解析とNCBI BLAST検索によるGenBank登録配列との類似性確認、PCRとゲル電気泳動分析による種の同定、複数の配列アラインメントと系統解析を実施した結果、分離株RIT001、RIT004、RIT005は <i>T. vivax</i> 、 <i>T. congolense</i> forest typeとクラスターを形成し、分離株RIT002、RIT003、RIT008は <i>T. congolense</i> savannah typeに近縁で、分離株RIT006とRIT007は <i>T. congolense</i> に最も近縁であることがわかった。重要なことに、分離株RIT009はヒトの <i>T. brucei gambiense</i> と非常に近縁であった。本研究では分子遺伝子型解析により、ウシにおけるトリパノソーマ種の多様性と複数の混合感染が特定された。重要なことに、ヒト分離株と非常に近縁な分離株RIT009が発見されたため、トリパノソーマ耐性N' Dama牛が宿主として機能しヒトトリパノソーマの伝播を補助し得ることが確認された。
7	ブルセラ症	ProMED-mail 20230116.8707811	ヒトブルセラ症は、ブルセラ属の細菌によって引き起こされる人獣共通感染症である。感染は、非特異的な臨床症状を伴う亜急性又は慢性的衰弱性疾患をもたらす。加熱殺菌されていない乳製品の摂取による場合が多い。今回、我々は、南アメリカ北東岸に位置するフランス領ギアナの異なる町に入院した男性患者における、ブルセラ症の2例を経験したので報告する。これらの男性はいずれも、アマゾンの深い熱帯雨林で金鉱夫として働いていたブラジル市民で、森の中で生活し、ブタをはじめとする野生動物の肉を狩猟して摂取していたことを明かした。ゲノム解析により、2つの細菌分離株がブルセラの新種である可能性を示していることが明らかになった。世界のこの地域で野生生物と接触する医師は、これらの病原体の存在と、ヒトへの感染の可能性に注意する必要がある。

ID	感染症(PT)	出典	概要
8	マイコプラズマ感染	ProMED-mail 20230201.8708093	情報源: RNZ Canterbury中部でウシの疾患 <i>Mycoplasma bovis</i> に感染した農場のクラスターに関するレビューにおいて、同ウイルスは空気感染により広がった可能性があることが示唆された。これまでに <i>M. bovis</i> の空気感染について公表された研究報告はない。このアウトブレイクの中心は、19,000例のウシを一度に収容できる大規模なANZCO Fivestar肥育場である。2022年5月、同肥育場は <i>M. bovis</i> に感染した最後の施設であったが、さらに多くの施設が検査陽性となり始めた。The Ministry for Primary Industriesにより発出された管理区域通知上の高リスク地域全8農場が感染したことなどについて報告されている。(2023年2月1日付け)
9	レンサ球菌感染	Microb Genom. 9(2023)000952	豚レンサ球菌は、ヒトに重症感染症を引き起こす可能性のある新興人獣共通感染症の豚病原体である。2021年3月、タイのナコーンラーチャシーマー県で、豚レンサ球菌感染症のアウトブレイクが発生し、死亡2例を含む19例の敗血症・髄膜炎症例が確認された。疫学調査とイルミナ/ナノポア全ゲノムシーケンス解析を併施して、アウトブレイクの特徴を評価した。アウトブレイクの発生源は、241人が参加した仏教式典で1頭のブタから調理された生の豚肉料理であった。全ゲノムシーケンス解析の結果、タイ新興人獣共通感染症クレードCC233/379の新しいシーケンスタイプに属する豚レンサ球菌血清型2型の単一株によるものと判明した。全豚レンサ球菌の系統樹において、アウトブレイククローンは、CC233/379及びCC104に属する他のタイ人獣共通感染株とともにグループ化され、血清型2型人獣共通感染株と血清型7型ブタ株の荚膜型置換が確認された。アウトブレイク株は、ペニシリン結合タンパク質の主要残基変異により、ペニシリンに対する感受性が低下していた。さらに、テトラサイクリン、エリスロマイシン、クリンダマイシン、リネゾリド、クロラムフェニコールに耐性を示し、耐性遺伝子のtetO、ermBを有する可動性遺伝因子と、optrA、ermAを有するIS1216ファミリーのトランスポゾンを獲得していた。本調査から、人の健康を脅かす豚レンサ球菌の多剤耐性人獣共通感染系統が継続的に出現していることが判明した。
10	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20230203.8708133	問題点: オランダのウシ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】オランダにおける非定型BSEに関する情報。オランダの8歳のウシ1頭の死体からBSEの陽性例が発見された。Wageningen Bioveterinary Research(WBVR)は、BSEのどの変異型に当たるかを調査した。WBVRの結果は本例が非定型であることを示した。陽性ウシを所有する企業は直ちに閉鎖されている。オランダ食品消費者製品安全庁(NVWA)は、当該ウシの2歳未満の子孫を殺して検査する情報源及び接触調査を実施している。脳物質に対するBSE検査を実施するためには最初にウシを殺処分する必要がある。NVWAの情報源及び接触調査によると、感染したウシには5頭の子孫がおり、うち1頭は同農場で現在も生存している。2歳未満のウシ1頭は殺処分され検査される予定である。残りの4頭の子孫は2歳以上であり、母親からこれらの子孫への伝播が起こった可能性は低い。したがって、2歳以上の子孫は公衆衛生にリスクをもたらさない。また、感染したウシが生まれた前後各12か月の間に同農場で生まれたウシはすべて殺処分され検査が行われるほか、生後1年以内に感染したウシと共に飼育され、当該期間に同一の汚染された可能性のある飼料を与えられたウシもすべて殺処分される。前述のように該当した13頭のウシは、殺処分及び検査のために取り除かれている。その結果、これらのウシ製品は食物連鎖に含まれないため、食品の安全性へのリスクはない。大臣によると、BSE症例が長期間発生していないため、ウシがBSEに陽性反応を示したと報告されて大変衝撃である。これが現在いわゆる「非定型」であることに安堵している。つまり影響は主に当該企業に限られているということである。もちろん当該畜産農家にとっては非常に悪いことである。当該ウシの子孫又は共に飼育されていたという理由で当該ウシと関係のある13頭のウシは殺処分され検査されるために取り除かれている。本事例はこれらの措置により解決されている。食品の安全性は危険にさらされていない。BSEの監視システムが機能していることに注目するのは良いことである、と述べた。
11	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20230204.8708164	問題点: オランダのウシ1頭において非定型のBSE(L型)が確認された。【概要】オランダにおける非定型BSEに関する情報。国立参照研究所Wageningen Bioveterinary Research(NRL WBVR)のTeSeEウェスタンプロット法及び組織学的検査/PrPSC免疫組織化学的検査の結果、2023年2月1日に当該ウシがL-型の非定型BSE陽性であることを確認した。2014年10月5日に出生した当該ウシは、BSEとは無関係の疾患の臨床徴候を保有したまま殺された。オランダのターゲットBSEサーベイランスシステムの一環として、NRL WBVRにて8歳のウシは屠畜された家畜として検査され、TeSeE SAP CombiKit ELISA(BioRad)試験で陽性と判定された。当該ウシの死体は処分された。当該ウシは食料供給チャネルに入らなかったため、ヒトの健康に危険を及ぼすことはなかった。疫学的調査が進行中である(いわゆる飼料コホート/出生コホート及び2年以内に出生した子孫)。
12	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20230213.8708338	問題点: スペインのウシ1頭において非定型のBSE(H型)が確認された。【概要】スペインにおける非定型BSEに関する情報。2020年10月23日に出生したウシがBSEとは無関係の疾患の臨床徴候を示したため農場で殺処分された。2023年1月31日、当該ウシのサンプルは差出人がガリシア州の生産動物衛生研究所であるLCV登録簿に登録され、登録番号2023/000391-A及びBSEの確認要求の下で記録された。国立参照研究所がEU規則1148/2014に従って認可された確認試験を実施した。続いてBSE株識別試験が実施され、非定型BSE(H型株)の存在が確認された。当該サンプルは、国の伝達性海綿状脳症サーベイランスプログラム(生後48か月以上の食用動物の死亡又は屠殺されていない動物のサンプル採取)の枠組みで採取された。生存しているウシ集団は含まれていない。当該農場で特定された2頭のウシの調査に基づくと、それらは当該ウシの子孫(生後1年間に同じ飼料を摂取しないが当該ウシと共に飼育されたウシ、当該ウシの出生前後12か月間に生まれたウシ、農場にいる間に同じ飼料を得ることができたウシ)のいずれにも該当しなかった。そのため、それらの屠殺は必要ないと考えられる。しかしながら、欧州の法律で要求されているように、BSEのすべてのケースと同様に疫学的調査のために特定された。国内での規制措置として、死体・副産物・廃棄物の公的処理、トレーサビリティが適用された。
13	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20230314.8708931	問題点: スイスのウシ1頭において非定型のBSE(L型)が確認された。【概要】スイスにおける非定型BSEに関する情報。2023年2月27日、12歳のウシが伝達性海綿状脳症サーベイランスプログラムの枠組みで屠殺時にサンプリングされた。2023年3月3日、当該ウシの脳幹サンプルは、IDEXX HerdChek BSE-Scrapie Agテストで陽性であった。2023年3月8日、この結果は伝達性海綿状脳症の国立参照研究所(スイス、ベルン大学、神経センター)のウェスタンイムブロットによって確認され、当該病的プリオン蛋白は非定型BSE(L型)に分類された。国内での規制措置として、トレーサビリティ、選択的殺処分、死体・副産物・廃棄物の公的処理、消毒、動物製品の公的廃棄が適用された。

ID	感染症(PT)	出典	概要
14	異型クロイツフェルト・ヤコブ病	ProMED-mail 20230321.8709071	問題点: 英国のウシ1頭において非定型のBSE(H型)が確認された。【概要】英国における非定型BSEに関する情報。非定型BSE(H型)の孤発症例が食肉ウシ農場の17歳の固有のウシで確認された。当該ウシは仔ウシと共におり、横臥位で発見され、臨床徴候及び問題の既往歴は有さなかった。2023年2月27日、当該ウシは人道的に安楽死させられ、本事例は定期的な全国伝染性海綿状脳症法定サーベイランス及び48ヵ月以上の死亡した家畜ウシの検査中に明らかになった。当該ウシは屠畜には進められておらず、食物連鎖には入らなかった。死体全体はカテゴリ1の部位として処分された。食品の安全性及びヒトの健康への脅威はない。疫学的調査が進行中である。この単独の非定型BSE症例のコホート及び子孫が特定され、移動制限下に置かれている。当該ウシは取り除かれ、コホートはBSEのスクリーニングを受ける予定である。本非定型BSEの1例が検出されても英国のBSE疾患リスクの状況は変わらない。農場の正確な場所は農場主のアイデンティティとウェルビーイングを保護するため報告書に記載されていない。国内での規制措置として、トレーサビリティ、死体・副産物・廃棄物の公的処理、動物製品の公的廃棄が適用されており、選択的殺処分が適用される。
15	細菌感染	Emerg Infect Dis. 29(2023)333-340	問題点: フランス領ギアナにおいて、新種のブルセラ属菌によるヒト感染例2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。南アメリカのフランス領ギアナの男性2例でヒトブルセラ症が報告された。両症例ともブラジルの市民であり、アマゾンの深い熱帯雨林で金鉱採掘者として働いていた。ゲノム解析の結果、各症例から分離された2株は新種のブルセラ属菌であることが明らかになった。[症例報告]症例1はブラジル出身の39歳男性、発熱、無力症及び腰痛により入院となり、臨床検査で肝腫大を認めた。経験的治療3日目に転院となり、抗生物質治療を開始した。発熱が続いたため抗生物質を切り替え、胸部、腹部及び骨盤CTにて肝腫大及び脾腫を認めた。治療9日目、血液培養でグラム陰性桿菌が同定され、その後、質量分析法にて <i>Brucella melitensis</i> の存在を認めた。ブルセラ症の診断確定後、抗生物質レジメンを変更した。血液培養ではブルセラ症確定後6日間までブルセラ属菌に対し陽性を示した。症例は家畜の接触、低温殺菌牛乳やチーズの摂取はなく、キャンプ周辺の森で狩猟した野生ブタの肉を含む狩猟動物を摂取していた。退院後、抗生物質療法を6週間継続し、投与1ヵ月後、経過は良好であった。症例2はブラジル出身の45歳男性、発熱、腰痛、10ヵ月で8kgの体重減少及び左肢の機能障害により入院となり、臨床検査にて左大腰筋の積極的なモビライゼーション中に疼痛を認めた。腰椎CTにて脊椎椎間板炎、椎体破壊及び脊柱管狭窄を認めた。腰筋腫瘍から得られた検体を培養後、 <i>B. melitensis</i> が同定された。症例は森で狩猟した肉を摂取していた。抗生物質投与前の血液培養の結果、すべて培養5日後で陰性を示した。初期の臨床成績は良好で発熱は減少し、治療18日目に退院となった。[微生物学的特性]両症例の分離株を同定・確認のためフランスFrench Brucella Reference Centerに送付し、BRSO-2020-213(Cayenne)及びBRSO-2021-230(Kourou)と命名された。いずれの株もブルセラ属に属していた。[細菌ゲノム解析]マルチプレックスPCR法で得られたゲノムレベルでのプロファイルから、 <i>B. suis</i> 、 <i>B. microti</i> 及び <i>B. neotomae</i> のいずれかに属する可能性が示唆され、Suis-Ladder PCR法では既知のブルセラ属菌に類似していなかった。全ゲノムシーケンス解析により、BRSO-2020-213とBRSO-2021-230は非常に近縁で、古典的なブルセラ属菌のクレードに属することが判明した。また、いずれも既存のブルセラ属菌とクラスター形成しなかった。ブルセラ属の菌種判別や系統関係の解明によく用いられる3つの遺伝子(<i>recA</i> 、16S rRNA、 <i>omp2b</i>)では、BRSO-2020-213、BRSO-2021-230と他のすべてのブルセラ属菌(<i>B. neotomae</i> 、 <i>B. microti</i> を除く)の間で <i>recA</i> の塩基配列が100%一致し、16S rRNA遺伝子も同様であった(<i>B. neotomae</i> 、 <i>B. papionis</i> を除く)。omp2b遺伝子では2株間の同一性は88%であった。これらの結果からBRSO-2020-213とBRSO-2021-230は新種のブルセラ属菌であることが判明した。【考察】本ブルセラ症2例の報告は、同地域におけるブルセラ症1例(29歳男性、金鉱労働者、ブラジルの養豚場での汚染による <i>B. suis biovar 1</i> 感染)に続くものであったが、本2症例の分離株の性状から新種のブルセラ属菌であることが判明し、菌種名 <i>Brucella amazoniensis sp. nov</i> を提案した。人獣共通感染、特にアマゾンの森に生息する野生動物から感染した可能性が高いと考えられた。両症例とも狩猟や豚肉を中心とした「野生動物の肉」を摂取しており、本新種のブルセラ属菌は <i>B. suis</i> とは遺伝的に異なると考えられるが、野生のブタが保有動物である可能性を排除することはできない。医療従事者は本地域のブルセラ菌の存在に注意する必要がある。
16	細菌感染	第54回日本小児感染症学会総会学術集会(2022/11/5-2022/11/6)F-1-3	問題点: 日本において、 <i>Streptococcus periodonticum</i> 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。【背景】通性嫌気性グラム陽性球菌である <i>Streptococcus periodonticum</i> は、ヒトの歯周炎病変の歯肉縁下菌叢から分離され、2019年に <i>Streptococcus</i> 属の新種として分類された。過去に感染症発症の報告がない <i>S. periodonticum</i> が起炎菌と推定される髄膜炎を発症した症例を経験した。【症例】6歳男児。頭蓋咽頭腫に対して経鼻的腫瘍摘出術が施行された。術後2日目まで鼻腔からの髄液漏出を認めていたため、術後3日目までセフォタキシム(CTX)を投与された。術後7日目に発熱、頭痛、嘔吐が出現した。血液検査で炎症反応上昇、髄液検査で細胞増多と蛋白上昇を認めた。鼻腔ファイバースコープにより髄液漏出も再び確認された。髄液塗抹は陰性、培養でも細菌は検出されなかったが、細菌性髄膜炎と臨床診断し、CTX投与を再開した。症状は速やかに消失し、術後14日目に髄液漏修復術を施行された。症状の再燃はなく、CTXは再開後15日目に中止された。髄液を用いてクローンライブラリー法による16S rRNA遺伝子解析を実施したところ、抗生薬治療前の髄液では、 <i>S. periodonticum</i> が優位に検出されたが、治療開始後の髄液からは検出されず、同菌が起炎菌であることが示唆された。【考察】本症例は経鼻的腫瘍摘出術後に髄液漏を認めており、 <i>S. periodonticum</i> が創部から髄腔内に侵入し、髄膜炎を発症したと推察された。髄膜炎発症時の髄液培養で細菌が検出されなかったのは、発症4日前までの抗生薬投与が影響していた可能性があり、このような場合の起炎菌検索には16S rRNA遺伝子解析が有用と考えられた。 <i>S. periodonticum</i> の抗生薬感受性に関する報告はまだないが、本症例の経過からCTXは有効であることが示唆された。
17	細菌感染	第97回日本感染症学会総会学術講演会第71回日本化学療法学会学術集会合同学会(2023/4/28-2023/4/30)P-046	問題点: 日本において <i>Pseudomonas protegens</i> による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。【背景】 <i>Pseudomonas protegens</i> は、世界中に広く分布する土壌細菌である。以前は <i>Pseudomonas fluorescens</i> 、別名蛍光菌に分類されていたが、2011年に新種であることが判明した。本種名は「植物を土壌伝染性病原体から植物を守るもの」という意味であり、抗菌物質2,4-diacetylphloroglucinol及びpyoluteorinの両方の産生能を持つため植物土壌病害の生物的防除等での有効利用が期待される菌目だが、これまでにヒトに対する病原性を示した報告はない。【症例】基礎疾患に二分脊椎症、慢性腎臓病のある、維持透析中の47歳女性。発熱を主訴に入院し、透析目的の長期留置カテーテルの感染が疑われ同カテーテルを抜去した。血液と長期留置カテーテル培養から <i>P. protegens</i> 、 <i>K. pneumoniae</i> が同定されCRBSIの診断となり、CTで敗血症性肺塞栓症が指摘された。Ceftazidime、Levofloxacinで治療し経過は良好である。【考察】 <i>P. protegens</i> によるCRBSIを経験した。本菌目が以前分類されていた <i>P. fluorescens</i> は免疫不全者の尿や便、膿、血液から検出されることがあるが、病原性が限られているとされる。本患者は維持透析中であるという免疫不全要素があるが、土壌細菌に関連するようなペット飼育歴や土いじりの生活歴はなかった。

ID	感染症(PT)	出典	概要
18	脳アミロイド血管障害	IPFAホームページ. https://ipfa.nl/wp-content/uploads/2022/10/G.-Edgren.pdf	脳アミロイド血管症の輸血感染の可能性:脳アミロイド血管症(CAA)は、アルツハイマー病と密接に関連する脳内出血の代表的な原因である。CAAは、多発性脳内出血(ICH)と脳血管アミロイドβの沈着を特徴とし、アルツハイマー型認知症の大半に併発すると推定されている。過去の論文では、クロイツフェルト・ヤコブ病(CJD)に汚染された死体成長ホルモンの投与を受けた8例が36-51歳という若年層でCJDにより死亡し、剖検によって半数が中等度から重度のCAAを発症していたことから、アミロイドβの伝播の可能性が示唆されている。今回、スウェーデンとデンマークの献血と輸血に関する全ての電子データをまとめたデータベースであるSCANDATを用いて、レシピエントとドナーの疾患リスクの関連性について調査した結果、多発性ICHを発症したドナーから血液を受け取ると、ICHの発症リスクが3倍高くなることが分かった。これはアミロイドβを介したCAAの伝播によって説明できる可能性がある。
19	菌血症	第97回日本感染症学会 総会学術講演会第71回 日本化学療法学会学術 集会合同学会 (2023/4/28- 2023/4/30)P-147	問題点:日本において <i>Kluyvera intermedia</i> による初めての菌血症1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。【背景】 <i>Kluyvera intermedia</i> は人体内の常在菌であるが、これまでのところ、 <i>Kluyvera intermedia</i> の菌血症は報告されていない。尿路結石による左閉塞性腎盂腎炎による敗血症性ショックを伴う <i>Kluyvera intermedia</i> 菌血症の1例を報告する。【症例】症例は66歳の女性。左閉塞性腎盂腎炎による敗血症性ショックの診断で他院より紹介搬送となった。尿管ステントを留置してタゾバクタム/ピペラシリン4.5gを8時間毎に投与を開始した。患者の状態は経時的に改善し、ショックも離脱、5日後に前医に転院した。当院で採取した血液培養より <i>Kluyvera intermedia</i> が2セット検出された。菌血症であったため前医にも連絡し、抗菌薬を合計2週間投与し治療終了となった。【結論】今回我々は敗血症性ショックで入院となった <i>Kluyvera intermedia</i> 菌血症の症例を経験した。過去報告が見受けられなかったため、最初の症例報告となる。
20	鳥インフルエンザ	Emerg Microbes Infect. 12(2023)e2184177	H13鳥インフルエンザウイルス(AIV)は1977年に北米のカモメから初めて分離され、1980年以降世界中で同定されている。H13 AIVは他のAIV亜型よりも出現頻度が低く、野鳥の宿主域が狭い。ほとんどのH13株はカモメやアジサシの集団から分離されており、カモメから家禽へのスピルオーバーはほとんどない。本研究では、2つのH13 AIV(中国遼寧省のマガモ由来H13N6ウイルスA/mallard/Dalian/DZ-137/2013: DZ137、中国遼寧省のダイシャクシギ由来H13N8ウイルスA/Eurasian Curlew/Liaoning/ZH-385/2014: ZH385)の遺伝子分析を行い、家禽における感染と野生の水鳥から家禽への伝播について調査した。H13 AIVはHA遺伝子配列に基づいて3つの系統(I群、II群、III群)に分けられる。配列決定と系統解析の結果、DZ137はI群、ZH385はIII群に属していた。受容体結合アッセイは2つのH13 AIVがヒト様受容体への結合能力を得ていないことを示したが、ZH385は二重受容体特性を示したため異種間伝播リスクに注意を払う必要がある。初代ヒト気道上皮細胞(HAEC)、初代ヒト気管支上皮細胞(HBEC)、Madin-Darbyイヌ腎臓(MDCK)細胞、ヒト胚腎臓(293T)細胞、ニワトリ胚線維芽(CEF)細胞を用いたin vitro実験では、DZ137とZH385が両方ともMDCK細胞、293T細胞、CEF細胞で効率的に複製できることが示された。2つの初代ヒト細胞(HAEC、HBEC)では他の細胞よりも弱い複製が示された。in vivo実験では、DZ137とZH385は、1日齢の特定病原体フリー(SPF)ニワトリに感染することができ、ZH385はDZ137よりもニワトリにおいて高い複製能力を持つことが示された。注目すべきことに、ZH385のみ10日齢のSPFニワトリにおいて効率的な複製が可能だった。しかし、DZ137もZH385もシチメンチョウやウズラではうまく複製できなかった。DZ137もZH385も3週齢のマウスでは複製可能だった。これまで家禽からH13亜型のAIVが分離されたことはないが、2015-2016年に中国山東省、遼寧省、青海省などで実施した家禽の血清学的サーベイランスでは、農場のニワトリにおける抗H13 AIV抗体陽性率は、DZ137が4.6%(15/328)、ZH385が10.4%(34/328)で、野鳥由来H13 AIVによる家禽感染が示された。家禽血清サンプルは中国の野鳥渡り経路に近い省から採取され、これらの地域で家禽が直接的・間接的に野鳥と接触した可能性がある。本研究ではH13 AIVがニワトリやマウスでの複製能力を有することが示されたため、H13 AIVや異種間伝播リスクを有する他のAIV亜型のサーベイランスを強化する必要がある。
21	COVID-19	ProMED-mail 20230107.8707667	香港の農業・漁業・環境保護局の広報担当者は、2023年1月中旬にハムスターの輸入禁止を解除する予定であるとし、「ハムスターやその他の小型哺乳類からサンプルを採取し、COVID-19の検査を行う予定である。検査結果が陰性でなければ販売できない」と述べた。これは、動物がウイルスに感染し、ヒトに伝染する可能性があることが研究で判明したためとしている。香港動物虐待防止協会の広報担当者は、「もしこのような輸入を再開するのであれば、ハムスターは慎重に扱われ、輸送中も検査中も最善の注意を払う必要がある」と述べている。香港では2022年、ハムスターの輸入が禁止された。これは、デルタ株のCOVID-19が、香港のペットショップLittle Bossの従業員に関連して発生したことが原因である。そのため、当局は店内の数百匹の動物にコロナウイルスの検査を行うことになった。オランダから輸入された11匹のハムスターが陽性となった。当局は、動物からヒトへのCOVID感染の可能性があると、約2,000匹のハムスターとその他の小動物を「予防措置」として殺処分すると発表した。当時、数千人が動物の殺処分の決定に反対する請願書に署名した。香港城市大学コンパニオンアニマルヘルス学科教授のVanessa Barrs氏はBBCに、「その後のヒトとハムスターの検査で、ハムスターからヒトへのCOVID-19の感染が確認された。この状況は非常に悲しいことだが、当局は当時、慎重を期して行動した。」と述べた。COVIDの原因ウイルスであるSARS-CoV-2は、イヌ、ネコ、ハムスターなどの動物に感染する可能性があり、これらはすべてペットとして一般的に飼われているものである。しかし、ペットが簡単にヒトに感染させるという明確な証拠はない。
22	HIV感染	FDAホームページ. https://www.fda.gov/media/164829/download (update 2023/05/12)	業界向けガイダンス:血液及び血液製剤を介したHIV感染のリスク低減のための個人のリスクに基づいた質問を用いたドナーの適合性を評価するための推奨事項。米FDAは、輸血により感染するHIVのリスクを低減するために、性行為に基づくリスクについて、ジェンダーによる評価ではなく個人の行動リスクに基づいた質問を用いて血液ドナーの適合性を評価することについて記載されている。