

ID	感染症(PT)	出典	概要
1	アメーバ赤痢	第94回日本寄生虫学会大会(2025/03/17-2025/03/19)2206-09-02	赤痢アメーバ( <i>Entamoeba histolytica</i> )はヒトだけでなくサル類にも感染すると考えられてきたが、演者らはマカク属のサルから検出されるのは赤痢アメーバとは別種の <i>E. nuttalli</i> であることを報告している。しかし、赤痢アメーバや <i>E. nuttalli</i> がヒトとマカク間で相互に伝播するのについては明らかになっていない。本研究では、ヒトとマカクが密接して生活している地域に着目し、 <i>Entamoeba</i> 属虫体の異種宿主間における伝播の可能性について検討した。タイ最南端のナラティワート州において、住民と飼育下のミナミブタオザル(Mn)及びカニクイザル(Mf)の糞便検体を採取した。PCR法によって <i>Entamoeba</i> 各種の感染状況を明らかにすると共に、赤痢アメーバや <i>E. nuttalli</i> についてtRNA関連反復配列(locusD-A)の多型解析を行った。1回目の調査では、住民93、Mn122、Mf20個体中、赤痢アメーバ陽性数は住民で2(2.2%)、Mnで7(5.7%)、 <i>E. nuttalli</i> 陽性はMnで8(6.6%)であった。赤痢アメーバのlocusD-AはMnで5タイプみられたが、住民由来のタイプとは異なっていた。2回目の調査では、住民72、Mn81、Mf25個体中、赤痢アメーバ陽性数は住民で3(4.2%)、Mnで2(2.5%)、Mfで1(4%)、 <i>E. nuttalli</i> は検出されなかった。赤痢アメーバのlocusD-Aは住民で2タイプみられ、そのうちの1タイプはMn由来と同一であったことから、マカクからヒトへの伝播が示唆された。
2	インフルエンザ	Emerg Microbes Infect. 14(2025)2509748	インフルエンザA型ウイルスはウイルス糖蛋白質であるヘマグルチニン(HA)とノイラミニダーゼ(NA)の抗原性に基づいて様々な亜型に分類される。H3亜型インフルエンザウイルスは自然界に広く循環しており、H3N2はヒトで流行している他、ブタ、イヌ、野鳥、家禽にもよく見られる。H3N8はウマやロバで流行していたが、過去数年間に中国の家禽で哺乳類系統とは異なる株が検出され、ヒトにおける感染症も引き起こしている。2022年9月~2023年5月の中国における定期的サーベイランスではH3N3ウイルスがいくつかの省で検出された。本研究ではこれらのウイルスについて広範な分析を行った。定期的サーベイランスでは生家禽市場、養鶏場、屠殺場で疾患のトリ又は死亡したトリのスワブ試料を収集し、ニワトリ、ハト、アヒルから56株のH3N3ウイルスを分離した。これらのウイルスのゲノム配列、受容体結合特異性、ニワトリ・マウスにおけるウイルス複製と病原性、モルモットにおけるウイルス複製と伝播を分析した。遺伝子型解析の結果、家禽で検出されたH3N3ウイルスには、過去に家禽で検出されたH3N8ウイルスとH9N2ニワトリウイルスの再集合ウイルスと、野鳥からアヒルに伝播した新しいウイルスが含まれていることが示された。SPFニワトリにニワトリウイルス3株、ハトウイルス1株、アヒルウイルス1株を感染させた結果、ニワトリウイルスとハトウイルスはニワトリの複数の臓器で複製され最長13日間排出されたが、疾患や死亡は引き起こさなかった。マウスにおける複製と病原性を17株で試験した結果、ほとんどの株が効率的に複製されたが致死的ではなかった。モルモットで試験した6株のうち4株は飛沫を介して効率的に伝播した。結合特異性が試験された6株はすべてトリ型とヒト型の両方の受容体に結合した。本研究は新しいH3N3鳥インフルエンザウイルスを同定した。これらのウイルスの受容体結合特性と伝播特性は、これらの新興ウイルスがヒトにリスクをもたらすことを示唆している。これらの知見は、動物におけるH3ウイルスの注意深い監視と制御の重要性を強調する。
3	インフルエンザ	mBio. 16(2025)e0067725	2021年に中国南部のニワトリ集団から新しい再集合H3N8鳥インフルエンザウイルス(AIV)が分離され、2022年にはヒトのH3N8株感染症例が、2023年には死亡例が報告された。新規H3N8株はヒト呼吸器上皮細胞、マウス、フェレットにおいて高い病原性を示し、ヒト重症例由来H3N8株は呼吸器の飛沫を介した効率的な伝播をフェレットで示した。家禽におけるH3 AIVの継続的なサーベイランスと、新たなH3変異株の包括的なリスク評価は、公衆衛生への準備にとって極めて重要である。本研究では家禽集団が高密度で存在する13の省で広範なAIVサーベイランスプログラムを実施した。2022年5月~2023年7月に生家禽市場の一見健康な家禽から合計4,166点の鼻腔スワブ試料を、疾患の家禽から合計699点の気管又は肺組織試料を採取し、ウイルス分離と亜型決定を行った。212株のH3株が同定され、このうち136株がニワトリ、76株がアヒル由来であった。注目すべきことに、2022年12月にニワトリ由来の新規H3N3株が同定され、この株はそれまで優勢であったH3N8株に徐々に置き換わり、ニワトリに蔓延した。遺伝子解析の結果、新規H3N3株はニワトリH3N8株由来のH3遺伝子断片、H10N3株由来のN3遺伝子断片、H9N2ウイルス由来の内部遺伝子断片を有する三重再集合株であった。ニワトリH3N3株3株、アヒルH3N3株1株、ニワトリH3N8株1株を用いて生物学的特性評価を行った結果、ニワトリH3N3株はヒト呼吸器上皮細胞においてアヒルH3N3株、ニワトリH3N8株よりも高い感染能力・複製能力を有することが示された。マウスモデル、フェレットモデルを用いた評価では、ニワトリH3N3株がマウスとフェレットの両方で効率的に複製し、気管支肺炎を誘発することが示された。ウイルスの伝播性評価では、ニワトリH3N3株が直接接触により効率的にフェレット間で伝播されるが、H3N8株は伝播されないことが示された。この時採取した空気試料の分析で、ニワトリH3N3株はフェレットから空気中に放出されるが、H3N8株は放出されないことが示された。本研究の結果はニワトリ集団においてH3N3株が出現、蔓延し、哺乳類宿主においてニワトリH3N3株の伝播性と病原性が高いことを示した。これらの知見はH3N3株が公衆衛生にリスクをもたらす可能性を示唆しており、家禽におけるH3再集合株の蔓延に対する包括的サーベイランスと制御の必要性を強調している。

ID	感染症(PT)	出典	概要
4	ウイルス感染	Res Vet Sci. 194(2025)105841	<p>テンブスウイルス(TMUV)は主に蚊が媒介するフラビウイルス科のウイルスで、アヒルやガチョウの産卵低下や神経学的問題を引き起こし、世界の水鳥産業に多大な経済的損失をもたらしている。以前はTMUVの宿主範囲はアヒルやガチョウ等の水鳥に限定されていたと考えられていたが、最近の研究ではニワトリ、ハト、スズメ等の他の鳥類種に自然感染することが報告され、イルカでのTMUV感染症例やマウスにおける感染実験等哺乳類宿主も確認されている。タイではアヒル農場の労働者及びアヒルと直接接触しない住民からTMUV中和抗体が検出されており、TMUVが重大な公衆衛生リスクを伴う人畜共通病原体となる可能性が懸念されている。本研究ではウズラから分離されたTMUVについて報告する。2024年8月、中国広西チワン族自治区のウズラ農場で正体不明の感染症が発生し、抑うつ、麻痺、全年齢のウズラの産卵数の有意な減少等の症状がみられた。疾患発生率は70%、死亡率は55%で、剖検では脳うっ血、浮腫、脾腫等の病理学的特徴が明らかになった。死亡したウズラから採取した脳、肝臓、脾臓、肺、腎臓組織におけるRT-PCRでTMUVが病原体であることが示唆され、陽性組織のニワトリ胚への接種でTMUVが分離された。この株はGXLZ-2024株と命名された。ゲノム解析によりクラスター3.2 TMUV株との98.5~99.3%のヌクレオチド類似性が明らかになり、系統発生解析によりクラスター3.2に位置付けられた。45日齢の雄ウズラにGXLZ-2024株を筋肉内注射したところ、抑うつ、体の振戦、100%の死亡率が認められた。感染群とともに飼育した同居接触群のウズラも同様の症状を呈し、100%の死亡率に達した。剖検では、高レベルのウイルス血症及び組織ウイルス量とともに、脳うっ血、脾臓肥大、精巢萎縮等の臓器損傷が明らかとなった。さらに、3週齢のKunmingマウスにGXLZ-2024株の頭蓋内接種及び脚部への筋肉内接種を行った。いずれの接種経路も感染を引き起こし、典型的な神経症状を呈し、脳うっ血、出血を伴う肝腫大、精巣萎縮等の臓器病変を誘発し、死亡率は頭蓋内接種群100%、筋肉内接種群90%であった。本研究ではウズラのTMUV感染、ウズラ間のTMUV接触伝播、ウズラとマウスにおけるTMUVの詳細な病原性について初めて報告する。過去の研究と合わせて、TMUVが種間障壁を越える能力、人畜共通病原体となる可能性が強調された。</p>
5	ウイルス感染	Transbound Emerg Dis. 2025(2025)7560012	<p>2016年に国際ウイルス分類委員会によって確立されたGenomovirus科は、Gemykibivirusを含む10の属の環状Repコード一本鎖DNA(CRESS-DNA)ウイルスで構成される。Gemykibivirusは近年、脳炎、呼吸器疾患、敗血症、心膜炎、下痢、多発性硬化症等の臨床症状を呈するヒトの様々なタイプの試料から検出されているが、他の動物宿主における存在や種間伝播の基礎となる機序についてはほとんど分かっていない。本研究ではメタゲノム次世代シーケンシング(mNGS)を用いて中国の下痢のブタから新規ウイルスを同定し、包括的な進化解析を行った。mNGSにより下痢のブタの組織試料から病原体を同定し、新規環状一本鎖DNAウイルスゲノムの完全な配列決定に至った。ゲノムの特徴はCRESS-DNAウイルスの特徴と一致していた。12の主要なCRESS-DNAウイルス科由来の216のREPタンパク質配列を選択し、それらを本研究で同定した株のRep配列と統合して系統樹を構築した。この株がGenomovirus科に属することが確認されたため、Genomovirus科の全ての属を網羅する84の代表的なREPタンパク質配列と系統樹を構築した。系統解析の結果、新たに同定されたCRESS-DNAウイルスはブタGemykibivirus(pGkV)と命名された。本研究で同定されたpGkVは過去に報告された2株のブタ関連株との密接な近縁関係はなく、ヒト関連株の群とクラスターを形成し、密接な近縁関係を示した。イヌ関連株と鳥類関連株が含まれるこの群は「Zoo-GkV」と命名され、pGkVはこの人畜共通感染系統の新規ウイルスであることが示唆された。pGkVゲノムの前半は鳥類関連株との類似性が最も高く、ゲノムの後半はヒト関連株との類似性が高かった。Zoo-GkVは、これまでに報告されたヒト関連Gemykibivirusのほとんどを含んでおり、それらは多様な症状を呈する患者で同定されている。Gemykibivirus属が病原体であることを示す直接的証拠はまだ不足しているが、多くのGemykibivirusが疾患を有する患者及び動物で同定され、その潜在的病原性を示している。本研究の結果はGemykibivirusの宿主範囲を拡大し、ヒトと動物両方でこのウイルスの監視を強化する必要があることを強調した。</p>
6	カンピロバクター感染	J Vet Diagn Invest. 37(2025)463-466	<p>2023年11月中旬、3歳の交雑種の去勢ウマが体重減少と衰弱を呈し、1週間以上横臥した後に死亡した。このウマは解剖のためCalifornia Animal Health and Food Safety Laboratory Systemに提出された。死亡後8時間以内に剖検が行われ、病理組織学的検査で肝細胞壊死を伴った不規則な好中球性炎症が認められた。肝臓では他に軽度の好中球性胆管炎、中等度の胆管過形成、門脈浮腫、胆汁うっ滞、軽度の門脈線維症、リンパ形質細胞浸潤が認められた。小腸と結腸では粘膜固有層、時には粘膜下層において多数のリンパ球と形質細胞の浸潤、多巣性陰窩壊死が認められた。肝臓及び腎臓のシュタイナー染色及びグラム染色で微生物は観察されず、レプトスピラ種免疫組織化学検査も陰性であった。コロニア寒天培地における肝臓試料の培養では少数の粘液様白色非溶血性コロニーが形成され、<i>Campylobacter jejuni</i>と同定された。亜種の識別は行われていない。肉眼的・顕微鏡的病変と肝臓からの純粋培養の分離に基づき、<i>C. jejuni</i>による壊死性化膿性肝炎の診断が確定した。<i>C. jejuni</i>曝露源は特定されなかった。カンピロバクター種は哺乳類や鳥類を含む多くの健康な動物の消化管に見られ、動物では<i>C. fetus</i>と<i>C. jejuni</i>の2種が最も重要である。<i>C. jejuni</i>には2つの亜種(<i>jejuni</i>と<i>doylei</i>)が存在し、<i>C. jejuni</i> subsp. <i>jejuni</i>はヒトの細菌性食品媒介胃腸炎の2大原因の1つである。<i>C. jejuni</i>とニワトリの肝炎との関連は確定していないが、ウズラでは実験的感染により肝炎が誘発されている。<i>C. jejuni</i>は反芻動物成体の胆嚢から分離され、健康な小型反芻動物の腸管と胆嚢に常在しているが、<i>C. jejuni</i> subsp. <i>jejuni</i>によって産生したヒツジやヤギの胎児では約1/3に壊死性肝炎が認められたという報告もある。ウマではカンピロバクター種による消化器疾患の報告が限られており、<i>C. jejuni</i>による肝炎は報告されていない。本症例では胆管炎が認められ、細菌感染が胆道系にも関与したことが示唆されているが、最初は腸管内に存在していた<i>C. jejuni</i>が胆道系を経て上行性に肝臓に侵入したのか、それとも血液によって肝臓に到達し胆道系に流出したのかは不明である。</p>
7	コリネバクテリウム感染	Emerg Infect Dis. 31(2025)1450-1454	<p>ドイツで報告された2件のヒトの<i>Gorynebacterium silvaticum</i>感染症では、腋窩リンパ節炎と膿瘍形成が見られた。1件の感染は、屠殺された野生のイノシシから発生した可能性がある。この最近記述されたジフテリア毒素遺伝子を持つ<i>C. diphtheriae</i>種複合体の一員は、新しい人畜共通感染症の病原体である可能性がある。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
8	コロナバクテリウム感染	ProMED-mail 20250627.8725284	ジフテリアは、毒素産生性 <i>Corynebacterium</i> 種がジフテリア毒素 (DT) を産生することで引き起こされる。DT 産生の可能性があるのはヒト病原体 <i>C. diphtheriae</i> 、人獣共通感染性病原体 <i>C. ulcerans</i> と <i>C. pseudotuberculosis</i> の3種である。近年、 <i>C. diphtheriae</i> から <i>C. belfantii</i> と <i>C. rouxii</i> の2種が、 <i>C. ulcerans</i> 系統2から <i>C. silvaticum</i> と <i>C. ramonii</i> の2種が分けられた。 <i>C. silvaticum</i> はドイツのイノシシとノロジカの乾酪性リンパ節炎を引き起こす病原体として報告され、その後、ドイツのイノシシ、ポルトガルの家畜のブタから検出された。ドイツ由来株は無毒性毒素保有 (NTTB) であったが、ポルトガル及びオーストリア由来株には NTTB と毒素陽性が認められており、2つのクレードが提案されている。 <i>C. silvaticum</i> はヒトに感染する能力のある人獣共通感染性病原体と考えられているが、ヒトへの感染は報告されていない。本研究では、ヒト <i>C. silvaticum</i> 感染症の2症例を報告する。 症例1: 37歳、肉屋の男性。3週間前からの側胸部と右腋窩の無痛性腫瘍のため受診。外科的切除時のスワブ試料から <i>C. ulcerans</i> が純培養され、the German Consiliary Laboratory for Diphtheria に送付された分離株の詳細な分析の結果、NTTB <i>C. silvaticum</i> と同定された。患者は最近、狩猟された腸間膜疾患性リンパ節が疑われるイノシシの解体を野外で実施したと報告した。 症例2: 21歳男性。4週間前からの慢性腋窩腫瘍のため受診。患部の罹患リンパ節を切除したところ、鮮紅色の膿性膿瘍形成と組織球豊富な慢性肉芽腫性炎症を伴う線維化した軟部組織が認められた。組織試料から純培養された <i>Corynebacterium</i> 種は <i>C. ulcerans</i> と同定され、症例1と同様の分析の結果、NTTB <i>C. silvaticum</i> と同定された。ドイツ北部の農村部に住む患者はイヌを飼育しており、野生動物との接触はなかったと報告した。 本研究では、密接な動物接触 (イノシシとイヌ) に関連するヒト感染の2症例を報告した。症例1で最も可能性の高い感染経路は、屠殺又は野外での動物の解体中の、感染組織と微小外傷病変との直接接触であった。症例2は野生動物との接触を報告していないが、 <i>C. silvaticum</i> はこれまでに野生の森林居住動物とブタでのみ同定されている。結論として、 <i>C. silvaticum</i> は動物からヒトへの感染の可能性がある人獣共通感染性病原体と考えるべきである。イノシシやブタを取り扱う際には、人獣共通感染リスクを回避するために適切な予防措置を講じるべきである。
9	コロナウイルス感染	Korea Biomedical Review. <a href="https://www.koreabiomed.com/news/articleView.html?idxno=26773">https://www.koreabiomed.com/news/articleView.html?idxno=26773</a>	韓国においてCOVID-19とは異なる新たなヒトコロナウイルスが発見された。研究者らは、2022年に肺炎症状を呈し高麗大学病院に入院していた103日齢の乳児1例の検体を分析した。患児は発熱、咳嗽、痰及び鼻汁を含む呼吸器症状を呈し、急性中耳炎及び肝機能異常も有していた。肝機能及び呼吸器症状は保存療法で改善し、8日後に退院した。研究チームは発生源の特定のため、2018年から2022年に採取された野生のヤマメ880匹のウイルス感染を検査した。そのうち16匹 (1.8%) が新型アルファコロナウイルスに感染していたことが判明し、乳児で確認されたウイルスと93.0%から96.8%の高い遺伝的類似性を示した。本ウイルスはヒトコロナウイルス (229E, NL63, OC43, HKU1) とは遺伝的に異なり、げっ歯類に由来する可能性が高い。このげっ歯類がウイルスの自然宿主である可能性が高いが、感染経路は不明である。COVID-19は主に肺炎を引き起こしているが、本ウイルスは肝機能障害や肺炎に関連していた。ヒトヒト感染の可能性については更なる研究が必要である。これまでのヒトコロナウイルスよりも、中国及び韓国で確認されたげっ歯類由来のアルファウイルス (AcCoV-JC34) に近かった。本ウイルスは動物からヒトに跳躍した新しい形態のウイルスである可能性が高い。
10	パルボウイルス B19感染	CDC MMWR. 74(2025)404-406	パルボウイルスB19の活性—米国、2024年1月～2025年5月: 2024年から2025年にかけてパルボウイルスB19の活性増加が継続したか否かを特定するため、CDCは、血清B19免疫グロブリンM (IgM) 抗体に関するデータを分析した。2024年、IgM検査陽性の割合は、2月中旬 (第7週) の3.3%から、ピークであった6月下旬 (第27週) の9.6%まで増加し、その後10月下旬 (第44週) に2.0%まで低下した。その後、2024年11月中旬 (第46週) の2.8%から、2025年5月上旬 (第19週) の7.3%に増加した。2025年のIgM検査陽性の割合は、第1四半期及び第2四半期について、2024年と比較して共に有意に高かったこと等について記載されている。
11	ブルセラ症	Braz J Microbiol. (2025)doi:10.1007/s42770-025-01747-1	ブルセラ症は <i>Brucella</i> 種によって引き起こされる細菌性人畜共通感染症で、反芻動物、ブタ、イヌ等様々な家畜に影響を及ぼし、農家、獣医師、食肉処理場労働者等の動物と直接接触する者に感染する可能性がある。 <i>Brucella suis</i> は宿主嗜好性と地理的分布が異なる5つのbiovar (生物型) を持ち、生物型1-3は主にブタとイノシシに、生物型4は北米のトナカイとカリブーに、生物型5は主にげっ歯類に感染する。 <i>B. suis biovar 1</i> は主にブタに関連しているが、様々な宿主で確認されており、より広い適応性を示している。本研究ではインドの流産したウシからの <i>B. suis</i> 分離を報告する。複数の流産が報告されブルセラ症アウトブレイクが疑われたインド、Bareilly市郊外の都市周辺酪農場で、10日前に流産した30カ月齢の雌牛の血液試料と膣スワブ試料が採取され、標準的な方法で <i>Brucella</i> 属細菌分離が行われた。膣スワブ試料は <i>Brucella</i> 種に特徴的な増殖を示し、分離株 <i>Bru. Su. IVRL VS1</i> は <i>B. suis biovar 1</i> と同定された。 <i>Bru. Su. IVRL VS1</i> から抽出されたDNAでPCRが行われ、ゲノム配列決定、比較ゲノム解析、系統解析、コアゲノムMLST解析が行われた。インドでは、ウシブルセラ症は通常 <i>B. abortus</i> 、 <i>B. melitensis</i> と関連している。本研究では、主にブタ感染症と関連する種である <i>B. suis</i> が、最近流産したウシから分離された。これはインドのウシにおける初めての <i>B. suis biovar 1</i> 確定分離株であった。ゲノム解析の結果、この株における病原性因子の保存、株特異的変異、世界的に循環しているST14株との密接な系統発生的関係が検出された。オーストラリアではウシ集団の乳腺試料及び関連するリンパ節試料から <i>B. suis biovar 1</i> が分離された。米国では感染したウシの乳汁から <i>B. suis biovar 1</i> が分離されたが、膣スワブ、血液、胎盤試料からは分離されなかった。アルゼンチンではノウサギ、ポッサム、アルマジロ、ヒツジ等他の種での <i>B. suis biovar 1</i> 感染が報告された。このように <i>B. suis biovar 1</i> (ST14株) はヒトを含む様々な種に大陸を超えて広く分布しており、 <i>B. suis biovar 1</i> は他の生物型よりも人畜共通感染症の可能性が高いことが示唆されている。 <i>B. suis biovar 1</i> の生態と人畜共通感染リスクを完全に理解するためには、機能解析と家畜・野生生物集団全体にわたる拡大サンプリングを組み込んだ研究が不可欠である。

ID	感染症(PT)	出典	概要
12	ブルセラ症	J Equine Vet Sci. 149(2025)105407	<p>ブルセラ症は<i>Brucella</i>属細菌により引き起こされる人獣共通感染症で、家畜、野生動物、ヒトに影響を及ぼす。ウマでは汚染された食物の摂取、皮膚創傷における細菌との接触、気道からの吸入を介して<i>Brucella canis</i>、<i>Brucella suis</i>、<i>Brucella abortus</i>の感染が起こる。<i>B. abortus</i>は主にウシとスイギュウに感染するが、しばしばウマの疾患を引き起こし、疼痛、パフォーマンスの低下等の徴候を示す。ブラジルではウシとスイギュウのブルセラ症発生率低下を目標とする国家プログラムが設立されているが、ウマのブルセラ症に関する情報は不足している。本研究ではGoias州のウマにおける<i>B. abortus</i>感染の血清陽性率を評価した。</p> <p>132自治体の299農場で、計897頭(ウマ791頭、ロバ7頭、ラバ99頭)のウマ類からサンプリングを行った。ウマ類は第1階層(ウマ類のみを飼育)、第2階層(ウマ類とウシを飼育)、第3階層(都市部)に層別化された。試験した動物のうち、111頭がローズベンガルプレート凝集試験に反応し、そのうち40頭が2-メルカプトエタノール(2-ME)試験で反応が確認され、血清陽性率は4.46%であった。陽性を示した動物のうち87.5%がウマ、12.5%がラバで、陽性のロバはいなかった。血清陽性動物の分布はGoias州全体に分散しており、ブルセラ症が特定の地域に限定されていないことが示唆された。統計解析の結果、年齢、種、性別、用途(繁殖、レジャー、作業)、階層と2-ME試験陽性との間に有意な関連は認められなかった。陽性個体のいた34の農場のうち82.35%は陽性が1頭のみであった。過去の疫学調査ではGoias州のウシにおける<i>B. abortus</i>血清陽性率が本研究のウマ類と同等であり、2009年の調査に比べ2016年の調査でウシの陽性率は低下していなかった。陽性のウマ類の大部分(75.5%)が作業用であったことから、作業に用いられるウマとウシの間で相互作用及び種間伝播のリスクが高くなると考えられる。これらより、感染牛との接触によりウマが感染していることが示唆されている。ブルセラ症に感染し再発性膿瘍を示すウマは、この疾患をウシやイヌに伝播する能力があるというエビデンスがある。ブルセラ症の人獣共通感染性と他の種との交差感染の可能性から、本研究の結果はウシ及びウマのブルセラ症に対する統合的な疾病管理の必要性を強調する。</p>
13	ブルセラ症	ProMED-mail 20250319.8722948	<p>77歳の男性が、2020年秋、再発性の左胸部不快感を訴え、米国フロリダ州ゲインズビルのMalcom Randall退役軍人医療センターで治療を受けた。既往歴は、コントロールされた2型糖尿病、高血圧、脂質異常症、駆出率低下を伴う非虚血性心不全、大胸筋前位置への両心室型自動植込み型心臓除細動器(AICD)の設置等であった。この男性の手術歴は、複数の自動心臓装置と再置換術があり、直近では2018年にジェネレーター交換があった。男性はフロリダの田舎の農場に住み、牧師として働いていた。敷地内には数頭の健康な外飼いのイヌと5〜10頭のヤギが暮らしていたと報告されているが、患者は世話や交流はしていなかった。患者は狩猟、ヤギの生産物の摂取、動物のひっかき傷や咬傷を否定した。この男性は2019年春から左胸の硬結、浮腫、疼痛で複数回入院した。その後1年間、培養陰性心血管管理込み型電子デバイス(CIED)感染症に対して、抗菌薬投与を複数回受けた。彼は6カ月間治療に耐えたが、副作用のため中止した。施設の心臓胸部外科チームとの話し合いの結果、この男性のCIED治療は保留とされた。経食道心エコーと血液培養は繰り返し陰性であった。この男性は、抗菌薬中止後数カ月は良好であったが、その後、左胸部不快感、自覚的微熱、AICDの乳頭下左胸壁への移動のため、米国アラバマ州の外部病院で治療を受けた。経胸壁心エコー図では疣贅は認められず、入院時に採取した血液培養は当初陰性であった。医師は抗菌薬を処方せずに退院させた。その後、血液培養から<i>Ochrobactrum anthropi</i>が検出され、医師はVITEK 2微生物同定システムを用いて同定した。患者はさらなる検査のため、2020年秋にゲインズビルの施設を訪れた。血液培養検査を繰り返し行ったところ、4本中2本で増殖が認められたが(いずれも好気性)、当研究所ではそれ以上の特定はできなかった。グラム染色でグラム陰性の小さな球菌の塊が確認された。私たちはこの分離株をフロリダ州保健局、CDC、フロリダ大学新興病原体研究所等の参照検査機関に送った。経食道心エコー図検査では、弁やAICDリードに疣贅の所見は認められなかった。入院中のフルオロデオキシグルコース陽電子放射断層撮影スキャンでは、左胸壁のジェネレーターポケット、周囲の軟部組織、AICDリードのフルオロデオキシグルコース好中度の上昇が認められた。全身性の塞栓は認められなかった。患者の感染を懸念し、AICDを抜去した。リード線に明らかな疣贅は認められなかった。私たちはデバイスとポケット液をフロリダ州保健局とCDCに送り、分子検査を依頼した。ブルセラ菌抗体血清検査では、IgGが4.5で陽性、IgMが0.66で陰性であった(正常:&lt;0.8、半信半疑:0.8-1.09、陽性:&gt;1.10)。ブルセラ菌の確認と種の決定は、臨床検体(血液、ポケット組織、器具)と培養分離株から行われた。検査技師は小塩基多型PCR、運動性の表現型分析、全ゲノム配列決定と分析、多座可変数タンデム反復分析、Laboratory Response Networkの確認法を用いて、<i>Brucella suis</i> biovar 1と一致する結果を明らかにした。B. suisを同定した後、野ブタへの曝露の可能性について患者と検討したところ、患者は狩猟活動をしていないが、2017年頃に何度か地元の猟師から贈り物として野生のブタの肉を受け取ったことを思い出した。そして調理して食べる前に生肉と血を素手で扱ったことを覚えていた。この件がB. suisに感染したきっかけになったと思われる。自宅敷地内のヤギやイヌが媒介動物となる可能性はあったが、この男性はヤギやイヌと接触しておらず、動物はブルセラ症の検査をされなかった。診断確定後、ドキシサイクリン(100mg/12時間)とリファンピン(300mg 1×/日)を合計6週間経口投与した。抗生物質の投与が終了した時点で、患者の血液培養は陰性であった。デバイス抜去から4カ月後、患者は新しいAICDを対側に再挿入した。デバイス抜去から約1年後、CDCで実施されたブルセラ菌微小凝集素価の合計は40であった(推定陽性:160、不確定:160-20未満、陰性:20未満)。3年以上の定期外来フォローアップでは、ブルセラ症の臨床的証拠は認められなかった。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
14	プリオン病	Emerg Infect Dis. 31(2025)986-990	古典的牛海綿状脳症(C-BSE)の世界的な出現はヒトの変異型クロイツフェルト・ヤコブ病と関連しており、他に2つの自然発生BSE変異型、L型(L-BSE)とH型が同定されている。C-BSEよりも病原性が強いL-BSEは、ミンク、ウシ、ネズミキツネザルに経口感染するが、ヒトのプリオン感受性を調べるのに適したモデルであるカニクイザルへの感染性は不明である。本研究では2匹のカニクイザルにL-BSEプリオンを経口接種し、75カ月後に安楽死させ剖検した。ウェスタンブロット(WB)と免疫組織化学(IHC)に加え蛋白質ミスフォールディング環状増幅(PMCA)を用いて組織中の異常プリオンタンパク質(PrPSc)の存在を調べた。PMCAはin vitroでプリオン複製を著しく促進する手法で、その産物はシードプリオン株の生化学的性質と感染性を保持する。L-BSEプリオンを経口接種された2匹のサルは無症状で健康なままであった。C-BSEプリオンを経口接種したサルではWBとIHCによって様々な組織でPrPScが検出されるが、本研究ではいずれの組織においても、WBとIHCではPrPScを検出できなかった。ヘマトキシリン・エオジン染色では脳切片に海綿状変化を認めず、病理検査でも異常を認めなかった。しかし、PMCAでリンパ組織や神経組織からPrPSc様プロテイナーゼK抵抗性プリオンタンパク質(PrPres)を増幅することに成功した。増幅されたプリオンは多様なバンドパターンを示し、リンパ組織、神経組織にはC-BSE様プリオンが存在していた。この結果は、L-BSEプリオンが種間伝播や接種経路に依存して生物物理学的及び生化学的特性を変化させ、C-BSEプリオンと類似の形質を獲得する可能性を示唆している。PMCA陽性試料に対するバイオアッセイを行わなかったためPMCA結果と感染力価の関係は不明であったが、PrPres増幅に2回のPMCAが必要だったことを考慮すると、陽性組織のPrPSc濃度は極めて低くバイオアッセイでは検出できなかった可能性がある。本研究の結果はL-BSEがサルにも経口感染する可能性を示唆する。しかし無症状の2匹のサルにおける潜在的なプリオン病進行については推測の域を出ないため、より大きなサンプルサイズでより長期間にわたる研究が必要である。
15	マイコバクテリア感染	結核. 100(2025)178-178	60代男性。Mycobacterium sp. 新菌種による第一例と考えられる症例を経験した。2週間続く微熱、咳嗽を主訴にX年当院を受診。喀痰抗酸菌塗抹1+、M. intra-PCR陽性となり肺非結核性抗酸菌症と診断した。CAM/RFP/EBIによる治療を開始し、喀痰培養陰性化を確認しX+2年に終了した。X+3年、再度喀痰塗抹陽性となった。コロニー性状は黄色に変化していた。X+4年、質量分析実施したところ同定不能であった。M. intra-PCRは変わらず陽性を示した。完全長ゲノムを用いたAverage nucleotide identity解析では95%以上となる近縁種は得られず新菌種と考えられた。X+8年現在も外来通院を続けており、胸部X線は徐々に悪化傾向である。CAM/RFP/STFXでの治療を継続中であるが、排菌続いている。新菌種による難治性肺非結核性抗酸菌症は経年的に緩徐進行する経過を呈した。
16	リーシュマニア症	One Health. 21(2025)101191	ヒトリーシュマニア症はサンチョウバエが媒介する細胞内寄生虫Leishmania種によって引き起こされる人獣共通感染症で、東地中海地域を含む世界90カ国以上で流行している。L. infantumの主な保有宿主はイヌと考えられてきたが、他の動物種でも確認されており、近年、さまざまな国でイノシシからLeishmania種が検出されている。家畜ではLeishmania種の感染はウシ、ヒツジ、ヤギで観察されているが、家畜のブタにおける感染を報告した研究の数は非常に限られており、ブタが保有宿主として作用するのか、あるいは単に偶発的な宿主であったのかは不明である。本研究では地中海地域の集約的農場で仔ブタにおけるL. infantum陽性率を分析し、感染に関連する可能性のある疫学的要因を研究した。2024年9月~2025年4月に、バレンシア州(東スペイン、地中海地域)の13の集約的商業農場で48頭の仔ブタの血清試料と全血試料を収集した。血清試料はELISAによる抗Leishmania特異的IgG抗体検出に使用し、全血試料はPCRとL. infantum DNA検出に使用した。各仔ブタの性別、雄の繁殖状態(去勢済み又は未去勢)、年齢区分(生後0~6カ月、7~12カ月)、地理的位置、農場の種類(分娩から離乳の農場、仕上げ農場)が記録された。農場は屋内にあり、ネズミやその他の害虫に対する抑制措置で保護されていたが、サンチョウバエに対する抑制措置はなかった。どの仔ブタもL. infantum感染と一致する臨床症状を示さず、すべて健康であるように見えた。抗Leishmania種抗体陽性は1頭のみで血清陽性率は2.08%であったが、PCR法によるL. infantum陽性率は22.92%(11/48)であった。この結果は他の不顕性保有宿主における以前の報告と一致しており、仔ブタが液性応答なしに寄生虫を保有している可能性を示している。本研究で調査した年齢、性別、地理的位置、農場の種類等の疫学的要因はL. infantum感染と関連しておらず、これは他の環境要因又は生態学的要因が、ブタにおけるL. infantumの伝播に重要な役割を果たす可能性があることを示唆する。本研究では、リーシュマニア症流行地域の農場の仔ブタにおけるL. infantumの流行を初めて示した。研究結果は、ブタがL. infantumの無症候性保有宿主又は偶発的宿主として機能する可能性を示している。
17	レンサ球菌感染	ProMED-mail 20250323.8723076	62歳の男性がレストランでブタのブラッドソーセージや生春巻き、生野菜等を食べたところ、2週間後に異常な症状が現れた。患者は以前は健康であったが、高熱、腹痛、下痢の症状で入院し、抗生物質の使用及び集中的な治療を行った。検査の結果、患者はStreptococcus suisによる菌血症であることが確認された。患者は今も病院で経過観察中である。現時点で、家族や友人と一緒に食事をした人たちに症状は出ていない。
18	レンサ球菌感染	ProMED-mail 20250416.8723697	ブタの腸を食べた49歳の男性が全身出血と顔面壊死を起こした。医師はレンサ球菌感染症で死亡の危険性が高いと判断した。約1週間前、彼はブタの腸を食べた後、突然の摂氏40度の高熱、悪寒、激しい腹痛、下痢に襲われた。低次施設で挿管し、血管内圧を維持した後、熱帯病中央病院の集中治療センターに緊急搬送された。検査の結果、ブタから人に感染する危険な細菌であるレンサ球菌に感染していることが確認された。医師は、ブタの腸を食べたことが原因かもしれないと判断した。患者が摂取した食物の起源は現在のところ不明である。患者は抗生物質、蘇生、人工呼吸、血液濾過、血液製剤(血小板、新鮮血漿)の輸血で集中的に治療された。しかし、病状は依然として深刻で、予後は悪く、死亡の危険性が高い。

ID	感染症(PT)	出典	概要
19	感染性腸炎	GDC MMWR. 74(2025)1-12	2009年～2021年に、Animal Contact Outbreak Surveillance System (ACOSS)を通じ、米国で計557件の動物との接触による腸疾患のアウトブレイクが報告され、14,377例が罹患し、2,656例が入院し、22例が死亡した。全50州、Washington DC、Puerto Ricoで曝露が報告された。単独の原因が確認された474件のアウトブレイクのうち、アウトブレイクの原因として最も多かったのはSalmonella (248件)であり、これらのアウトブレイクが、大多数のアウトブレイク関連の疾患(11,822例)、入院(2,393例)、死亡(17例)を占めた。単独の原因が確認されたアウトブレイクの原因として2番目に多かったのはCryptosporidium (108件)で、Escherichia coliとCampylobacterがそれに続いた。単独の動物種が原因である可能性のある、動物を感染源としたアウトブレイク467件のうち、最も多く関与した動物種は反芻動物(171例)、反芻動物のアウトブレイクのうち75%はウシに起因)、次いで家禽(155例)、カメ(39例)であった。このうちブタ(非反芻有蹄哺乳類)との接触に関連するアウトブレイクは7件、罹患患者数は108例であった。
20	梅毒	Vox Sang. 120(2025)473-480	○日本における梅毒症例の増加:血液事業にもたらされるリスク 日本における梅毒症例は、主に異性間感染により2022年には1万人を超え急増している。献血者集団における梅毒感染が採血と供血に及ぼす影響について調査した。2015年1月から2022年12月までに行われた献血39,199,047件の血液検体に対して検査を実施し、期間中の梅毒陽性献血者数は3,487人であった。献血10万件あたり8.9人で、20代から40代男性、20代女性が他の年齢層と比較し高かった。厚生労働省の感染症発生動向調査から一般集団と献血者集団の梅毒症例の増加率を比較したところ、2022年は2015年と比べ、献血者集団は1.7倍と一般集団の4.9倍に対し顕著な増加ではなかった。これは、献血者に対する問診や複数回献血者による健全な献血の影響と考えられた。梅毒症例の増加は、血液製剤の安全性に影響はないと考えられるが、献血者の減少に繋がり将来的に採血に影響を与える。梅毒感染に伴うリスクについて、一般集団及び献血者双方に効果的な教育を実施する必要がある。
21	特発性肝硬変	Viruses. 17(2025)812	臨床研究によると、肝疾患の原因が不明である患者は全体の5～30%にのぼるとされている。長年の仮説として、A型～E型肝炎ウイルス以外に未知のウイルスが存在する可能性が指摘されてきた。私たちは、原因不明の肝疾患患者9名の血清ウイルス群(virome)を解析し、注釈できない8つのコンティグ(配列断片)を同定した。そのうち1つは汚染と判定されたが、ある患者(Patient 3)から得られた7つのコンティグのうち2つは、RT-PCR及びサンガーシーケンシングによって検証された。異なる方法で抽出されたテンプレートや異なる時点で採取されたサンプルを用いたPCRにより、汚染の可能性は完全に排除された。そのうちの1つ「Seq260」は、酵素消化とゲノムウォーキングにより、負鎖一本鎖DNAであることが特徴づけられた。デジタルドロップレットPCRにより、Seq260のコピー数は343コピー/mLと低いことが判明した。Seq260を用いたネステッドPCRによるスクリーニングでは、200人の献血者及び225人の既知又は未知の肝疾患患者において陰性であった。また、Patient 3から得られた7つのコンティグは、11万8,713件のウイルスメタゲノムデータには一致しなかった。結論として、原因不明の肝硬変患者から7つの未知のコンティグを発見した。これらの配列は、負鎖一本鎖DNAゲノムを持つ新規ヒトウイルス由来である可能性が高いと考えられる。
22	狂犬病	Viruses. 17(2025)381	本研究では、インドにおけるブタの人獣共通ウイルス性疾患の有病率、アウトブレイク動態、公衆衛生上の意味を評価し、効果的な制御手段を開発するための貴重な情報を報告する。ラブドウイルス科及びリッサウイルス属に属する神経毒性ウイルスである狂犬病ウイルス(RABV)は、世界中で毎年約59,000例がヒトの死亡の原因となる重大な人獣共通病原体であり、インドが大部分を占めている。イヌが狂犬病の主要な保有宿主及び感染源となる一方で、このウイルスが家畜を含む他の哺乳類に感染する可能性があることから、ブタのような従来とは異なる宿主での発生が懸念されている。ブタは一次保有宿主として認識されていないが、感染動物、特に狂犬病のイヌと接触すると、偶発的宿主として作用する可能性がある。インドではブタの狂犬病の報告はまれであり、散発的かつ日和見的に発生することを反映している。ブタが自由に歩き回り、狂犬病常在性肉食動物と生息地を共有することが多い農村地域では、孤立した症例が報告されている。例えば、南インドの農場条件下における家畜のブタの狂犬病の最初の記録症例を報告している。この症例では、ケララ州の養豚場の3頭のブタが、野良犬に襲われてから10日後に神経症状を呈し、48時間以内に死亡した。同様に、インド北東部のブタにおける狂犬病症例が報告されており、この種におけるこの疾患の発症は散発的ではあるが顕著に発生している。また、ナグプルの三次医療施設において、動物に噛まれた後にヒトに発生した狂犬病症例が報告されており、これらの症例の0.6%がブタに噛まれたことに起因することが報告された。これらの症例は、イヌの狂犬病有病率が高い地域のブタに狂犬病が波及する可能性を強調している。このような事例はまれであるが、狂犬病サーベイランスプログラムにブタを含めることの重要性を強調している。イヌを対象としたワクチン接種キャンペーンや農家に対する教育等の予防対策は、狂犬病動物への家畜の接触を最小限に抑え、ブタ等の従来とは異なる宿主における狂犬病伝播のリスクをコントロールするために極めて重要である。
23	皮膚幼虫移行症	Parasitology Research. 124(2025)46	ヒト幼虫移行症は、さまざまな線虫種の幼虫によって引き起こされる人獣共通感染症であり、これまでに確認されたすべての病原体は哺乳類の宿主から発生している。2020年にベトナムで報告された症例シリーズでは、Oxyspirura属の鳥類眼虫の幼虫によって引き起こされる皮膚幼虫移行症の事例が確認された。この線虫属はThelazidae科に属し、主にさまざまな鳥類の目に寄生する84種が含まれている。彼らは生活環境の中でゴキブリ、バッタ、コオロギ等の異なる節足動物の中間宿主を利用する。幼虫の18S配列が分析されたものの、病原体の種レベルでの正確な同定は未確定のままである。この研究は、患者から採取した幼虫と彼の家族が飼育しているニワトリから採取した成虫眼虫を形態学的及び分子的方法を用いて分析することで、種レベルでの正確な原因物質を特定することを目的としている。18S rDNA、ITS2、及びcox1配列の分子分析により、患者からの幼虫とニワトリからの成虫眼虫、及びタイとバングラデシュからのOxyspirura mansoniとの遺伝的同一性が明らかになった。さらに、形態学的検査により、ニワトリの成虫眼虫がOxyspirura mansoniであることが確認された。これらの発見は、O. mansoniの幼虫がヒト幼虫移行症の原因であることを確認し、鳥類(ニワトリ)からの線虫幼虫が人間に新たに発生する忘れられた熱帯病の病原体であることを初めて確認した。この線虫の広範な分布を考慮すると、ベトナムだけでなく他の地域でもこの忘れられた病気を調査するためのさらなる研究が重要である。ニワトリとヒトの感染を防ぐためには、適切な治療法と伝播経路を理解することが不可欠である。

ID	感染症(PT)	出典	概要
24	線虫症	Trop Med Infect Dis. 10(2025)37	<p>2022年8月、70代半ばの聖職者がコンゴ民主共和国から南アフリカのダーバンに治療のため渡航した。患者はその8か月前に耳痛と耳鳴を発生していた。患者には皮膚、耳、眼疾患の既往歴、家畜やペットとの接触歴はなかった。初発症状は外耳道の腫瘍拡大、顎関節部腫脹、耳漏、難聴、右顔面筋力低下で、入院3か月前より錯乱、傾眠状態、不明瞭発語、摂食困難、切迫性尿失禁、歩行不能が発現した。外耳道腫瘍の生検で正体不明の線虫の存在が判明し、駆虫薬による治療が開始されたが臨床状態が悪化し、集中治療室に入院後まもなく死亡した。直接の死因は気管支肺炎であった。生前の外耳道腫瘍と死後の脳試料から自由生活性線虫の成虫、幼虫、卵を検出した。ラブリチス型幼虫の形態から <i>Strongyloides</i> 種もしくは <i>Halickephalobus</i> 種であることが示唆されたが、いくつかの特徴から別の自由生活性の線虫種であることが示された。サンガー配列決定では <i>Cephalobus cubaensis</i> との同一性が高く、全ゲノム配列決定における複合データ解析では18S rRNA配列が <i>C. cubaensis</i> との高い同一性を、28S rRNA配列が <i>Zeldia punctata</i>、<i>Heterocephalobellus</i> 種、<i>C. cubaensis</i> PS-1197株との同一性を示した。系統解析では <i>C. cubaensis</i> と非常に密接なグループを形成した。<i>C. cubaensis</i> は、自由生活性線虫で、<i>Rhabditida</i> 目、<i>Cephalobidae</i> 科に属する。ヒトにおける侵入性自由生活性線虫感染は、過去40年間の報告が <i>Halickephalobus</i> 種による6例のみと非常に稀である。この6例はいずれも致死的中枢神経系感染で、死に至る前に病原体特異的な治療は開始されなかった。<i>Halickephalobus</i> 感染はウマで報告されており、駆虫薬による治療にもかかわらず一様に致死的中枢神経系感染であった。脊椎動物における <i>Cephalobus</i> 種感染は極めて稀で、動物における2例(北米と南アフリカにおける雌ウマの寄生虫性乳腺炎)のみ報告されている。本報告は、<i>Cephalobus</i> 種によって引き起こされた世界初のヒト感染例で、生前に診断が下され、抗蠕虫治療が開始されたという点でユニークである。全ゲノム配列決定による同定は困難で、データは <i>C. cubaensis</i> と <i>Cephalobidae</i> 科の他の種を示していた。</p>
25	重症熱性血小板減少症候群	IASR. 46(2025)165-167	<p>○三重県内におけるネコからヒト(獣医師)への感染が疑われた重症熱性血小板減少症候群(SFTS)の死亡例  患者情報:70代男性。獣医師。  既往 高血圧症、脂質異常症。  発症約3週間前にマダニが付着した放し飼いネコ2頭を診察。その際SFTSを想定した個人防護具着用等、感染予防対策は実施していなかった。  経過:発症当日食欲不振を自覚、発症2日目に意識変容及び胸部圧迫感の訴え、発症4日目に嘔吐を認め救急搬送緊急入院。  入院時所見 体温37.5℃、意識レベルGCS13点、発語不明瞭、指示動作困難。入院後、複数回下痢、左腋窩リンパ節腫大を認める。  血液検査所見 血球貪食症候群、腎機能障害、横紋筋融解症を示唆。入院2日目に糸球体、尿細管障害を示唆、左腋窩及び鎖骨下リンパ節多発腫大を確認。同患者が診察したネコがSFTSと診断されていたことから、SFTSを疑い、抗ウイルス薬(ファビピラビル)を投与、入院5日目に症状改善せず死亡退院。  解析結果:入院時患者の検体 SFTSウイルス遺伝子RT-PCR法により陽性。診察したネコの検体のSFTSウイルス遺伝子を解析した結果、同一系統。  SFTSウイルスは、感染したマダニの刺咬がもっとも重要な感染経路であるが、感染動物やヒト-ヒト感染事例も複数報告されている。2025年4月30日時点で、発症動物との接触により感染したと考えられる獣医療従事者届出例は11例。SFTS疑い患者入院時には、状況に応じた感染予防対策を講じるべきと考える。また、獣医療現場においても、SFTSが疑われる動物を診察する際には、状況に応じてヒト患者同様の感染予防対策を講じる必要があると考える。</p>
26	重症熱性血小板減少症候群	ProMED-mail 20250911.8727229	<p>○日本におけるマダニ媒介性感染症の症例が過去最多に  2025年にマダニを主な媒介とする感染症の患者数が過去最多に達した。SFTSは、血小板の減少、出血、意識障害等を引き起こす可能性があり、致死率は10~30%とされる。国立健康危機管理研究機構の速報データによると、8月末までの1週間で新たに4件の感染が確認され、2025年の累計感染者数は149人となり、2023年の年間最多記録を超えた。感染は主に西日本の32都道府県で報告されており、高知県で14件、大分県で12件、熊本県と長崎県でそれぞれ9件、鹿児島県、島根県、兵庫県でそれぞれ8件確認されている。また、関東地方や北海道でも感染が確認されており、これらの地域では昨年まで感染報告がなかった。厚生労働省は、西日本以外でも感染が報告される可能性があるとして、屋外活動時には肌の露出を減らす等の予防策を講じるよう呼びかけている。</p>

ID	感染症(PT)	出典	概要
27	鳥インフルエンザ	Emerg Microbes Infect. 14(2025)2547736	<p>米国の乳牛における高病原性鳥インフルエンザA(H5N1)の出現は、重大なパンデミックを伴う前例のない人獣共通感染症の出来事である。2025年6月の時点で、17州の1,070以上の酪農場が影響を受けており、ヒトへのスピルオーバー症例が70例確認されている。ウイルスの乳腺向性及び乳汁中の高ウイルス量の基盤となる機序は依然として解明されておらず、制御の取り組みを妨げていた。しかし中国におけるウシの実験的研究で、H5N1乳腺感染が呼吸器感染後の全身播種ではなく、授乳中の「口から乳頭への」伝播を介して起こることが実証された。本研究では従来の呼吸器感染モデルとは異なり、仔牛の口腔内でのH5N1ウイルスの複製が吸乳行動中の乳腺への直接伝播を促進することが示された。系統的な実験的アプローチにより、酪農作業の1~50%で観察される交差授乳行動において、口腔のウイルス排出が直接的粘膜接触を介して乳房への侵入を可能にすることが明らかになった。比較曝露研究では、乳汁及び乳房組織からウイルスが検出されたのは経口感染した仔牛に接触した個体だけで、口腔複製が乳房伝播の重要な決定因子であることが立証された。このメカニズムは、乳牛におけるこのアウトブレイクを従来の呼吸器インフルエンザパターンと区別する独特の疫学的特徴を説明する。ウシの口腔、乳腺、乳頭組織は、鳥類型(<math>\alpha 2, 3</math>-結合型)とヒト型(<math>\alpha 2, 6</math>-結合型)両方のシアル酸受容体を発現する。この二重受容体発現は、汚染された飼料や水を介したH5N1ウイルス感染を促進する一方で、ウイルスの進化及びパンデミックの可能性に重大な影響を及ぼす。受容体の構成はフェレットモデルで観察されたものを反映しており、これは哺乳類の伝播性を高めるヒト型受容体結合能力の獲得を促進する可能性がある。分離株の分子的特性評価では、哺乳類への適応に有利な選択的進化圧力を示すアミノ酸置換が明らかとなった。ウシの口腔組織と乳腺組織における二重受容体発現を考慮すると、ヒト型受容体結合を増強する重要な置換には注意を払う必要がある。本研究では交差授乳行動を介した口から乳頭へのH5N1感染経路が明らかとなった。この経路に対して伝統的な感染個体の隔離は不十分であり、アウトブレイク時には授乳中の仔牛を泌乳牛から隔離することが集団内の拡散を制限するための重要な介入となる。</p>