

ID	感染症(PT)	出典	概要
1	COVID-19	Animals. 12(2022)1459	COVID-19パンデミックを引き起こしているSARS-CoV-2はいくつかの動物で自然感染が報告されているが、スイギュウ、ヤギ、ヒツジ、ウマ、ウサギ、雌鶏、ブタ、ウシなどの家畜では、少なくとも2週間にわたってSARS-CoV-2陽性のヒトと接触したにもかかわらずウイルスは検出されなかった。ウシでは実験的感染で低感受性が示されており、6頭のウシへの実験的感染では感染3日後に2頭からウイルスRNAが検出された。本研究ではウシにおける初めてのSARS-CoV-2抗体検出について報告する。イタリア、Campania地方Ariano Irpinoは、2020年3月にCampania地方で初めて封鎖されレッドゾーンに宣言された都市である。本研究が行われたAriano Irpino農場では2020年4月に20人の農場労働者のうち13人がCOVID-19様の症状を示し、そのうち1人が死亡した。2021年4月、150頭のウシがいるこの農場で泌乳牛24頭の鼻・直腸スワブ試料、乳汁試料、血清試料を採取し、SARS-CoV-2 RNAについて試験した。また、SARS-CoV-2とウシコロナウイルス (BCoV) はいずれもベータコロナウイルスであり、BCoVはヒトコロナウイルスOC43と非常に類似しているため、試料はBCoVについても試験した。核酸抽出、イムノアッセイ、マイクロ中和アッセイの結果、鼻・直腸スワブ試料と乳汁試料はすべてSARS-CoV-2 RNA陰性であった。24例の血清試料のうち、11例がSARS-CoV-2ヌクレオカプシド蛋白質に対する抗体を、14例がSARS-CoV-2スパイク蛋白質に対する抗体を、13例がSARS-CoV-2に対する中和抗体を示した。全ての試料はBCoV陰性であり、SARS-CoV-2が検出された唯一のベータコロナウイルスだった。我々の知る限り、これは泌乳牛におけるSARS-CoV-2自然陽転に関する最初の報告である。スワブ試料採取時には既に血清陽転していたため、血清試料だけが陽性だったと推定した。本研究を含めたウシに関する限られたデータは、ウシがSARS-CoV-2に対して低感受性を示し、おそらく保有宿主として機能しないことを示す。ミンク、イヌ、ネコなどの高感受性動物で示されているように、ウシの個体数が多くヒトのSARS-CoV-2感染の有病率が高い地域では家畜と農場労働者との密接な接触がウシの逆人畜共通感染症を引き起こされる可能性があり、本研究も逆人畜共通感染症の症例だった可能性はあるが、これまでの研究結果よりSARS-CoV-2感染におけるウシの役割は無視できると思われる。ウシにおけるSARS-CoV-2の役割、ならびに新規組換えコロナウイルスの出現におけるその潜在的役割をより明確にするためには、さらなる研究が必要である。
2	COVID-19	ProMED-mail 20220202.8701201	デンマークの家庭内でオミクロン株のサブバリエーションがどのように伝播するかに関する研究で、BA.2サブバリエーションは、当初の同変異株よりも感染力が大幅に強いことが判明した。
3	COVID-19	ProMED-mail 20220701.8704171	COVID-19症例は先週18%急増し、2022年4月以降最多レベルとなっている。この増加は、伝染性のより強いオミクロンBA.4とBA.5サブバリエーションが大多数の症例の原因であるため発生していると世界保健機関(WHO)は2022年6月29日に述べた。先週、WHOの6地域のうち4地域で増加が認められた(地中海東岸、欧州、東南アジア、南北米)。シーケンシングが行われたサンプルの55%を、BA.4とBA.5が占めた。
4	COVID-19	PHEホームページ https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/1062005/emerging-infections-summary-January-2022.pdf	Coronavirus (COVID-19): global summary: 2022年1月末までに、WHOは世界中で3億7500万例を超えるCOVID-19症例と566万例を超える死亡を報告した。全体として、世界的に新しい症例報告数は2022年の1月の最初の週に増加し、最後の週に減少した。2022年1月31日現在、全世界で合計99億回分のワクチンが投与されている。 Updates to note: Hong Kongのペットショップにおいて、ハムスターからヒトへCOVID-19が感染したとの報告がある。その後の調査(プレプリント研究報告)で、オランダから輸入されたハムスターに由来する、2件の独立したハムスターからヒトへの感染を示唆された。
5	E型肝炎	ProMED-mail 20220315.8702011	2022年2月にJournal of Hepatology誌で公表された最近の研究において、研究者らは、ラットE型肝炎ウイルスとしても知られるオルソヘペウイルスC感染に関連する急性肝炎の欧州で検出された初症例を、以下の通り記述している。E型肝炎ウイルス(HEV)は、ヘペウイルス科で唯一の動物原性感染能のウイルスである。にもかかわらず、最近のエビデンスとして、オルソヘペウイルスC属に関連する急性および慢性肝炎の症例が複数報告されたため、その考え方は再評価されている。げっ歯類中でのオルソヘペウイルスCの循環は世界中で記録されてきたことから、動物原性伝播リスクは世界的に明らかである。スペインで追跡調査を受けている患者の2コホートで、オルソヘペウイルスCのRNAを後ろ向きに評価した。第1コホートには、肝向性ウイルス感染のスクリーニング後に病因診断が下っていない急性肝炎を有する患者が含まれた。第2コホートには、血清中の抗HEV IgM抗体陽性および/またはHEV RNA検出可能として定義される急性HEV感染が診断された患者が含まれた。第1コホートは169名(男性64.4%、年齢中央値43歳)、第2コホートは98名(男性68.3%、年齢中央値45歳)から構成されていた。第1コホートの2名(1.18%; 95%信頼区間[CI]: 0.2~3.8)で血清オルソヘペウイルスCのRNAが検出可能であった。第2コホートでは、98名中58名でHEV RNAが検出可能であったのに対し、40名はIgM抗体陽性を示すのみであった。IgM抗体のみを有する患者では、オルソヘペウイルスCのRNAが1名(2.5%; 95%CI: 0.06~13.1)で検出された。すべての株は遺伝子型C1と一致していた。2名の感染は自然消散する軽度の急性肝炎に至った。他の1名は重症急性肝炎の経過を辿り、肝および腎不全により死亡した。研究者らは急性肝炎患者におけるオルソヘペウイルスCの3例を記述し、欧州におけるこの感染症の初めての記述となった。本研究で得られた有病率からは、オルソヘペウイルスCが欧州における新興疾患となり得ることが示唆される。
6	H3N2インフルエンザ	CDC FluView. 2022/07/30	新型インフルエンザAウイルスによるヒトの感染1例がWest Virginiaから報告された。この患者は18歳未満の小児で、インフルエンザA(H3N2)変異株(A(H3N2)vウイルス)に感染していた。保健当局の調査で、この患者が農産物品評会に参加してブタと直接接触したこと、またこの品評会のブタが検査でインフルエンザA推定陽性となったことが示された。これまで同ウイルスのヒトからヒトへの感染は特定されていない。
7	H3N2インフルエンザ	CDC FluView. 2022/08/06	新型インフルエンザAウイルスによるヒトの感染2例がWest Virginiaから報告された。患者はインフルエンザA(H3N2)変異株(A(H3N2)vウイルス)に感染していた。両患者は18歳未満で、入院はしておらず、回復している。保健当局の調査で、両患者は農産物品評会に参加してブタと直接接触したこと、またこの品評会のブタが豚インフルエンザA(H3N2)陽性であったことが判明している。このウイルスのヒトからヒトへの感染は、今のところ確認されていない。West Virginiaで過去2週間に報告されたH3N2vウイルスに感染した患者は3人目で、3人とも発病前に同じ農産物品評会に参加していた。
8	HIV感染	HPS Weekly Report. 56(2022)603-603	Joint United Nations Programme on HIV/AIDS(UNAIDS)は2022年2月7日、オランダから新たに発表された研究で、より感染力が強く有害なHIVの変異株の存在が明らかになったと報告した。新たに明らかになったHIVのサブタイプの感染者は、免疫系低下(CD4数)の割合が2倍となり、HIVのウイルス量が高く、同ウイルスの他の株に感染した場合よりも、診断後に2~3倍速くAIDSを発現しやすい。

ID	感染症(PT)	出典	概要
9	SARS-CoV-2 RNA	J Clin Invest. 132(17)(2022)e159876	○新型コロナウイルスに感染した発症前の献血者血漿からSARS-CoV-2 RNAは頻りに検出されるが感染性はない。インフルエンザなどの呼吸器系ウイルスは通常ウイルス血症とはならないが、SARS-CoV-2は軽症から重症のCOVID-19患者の血液中から検出されている。ただし、検出された血中ウイルスの病原性については明確にされていない。献血後にCOVID-19の症状を発症した、またはCOVID-19と診断された旨の情報を献血後情報として報告した献血者の動向は、一般集団におけるCOVID-19死亡率の上昇に先行または一致していた。COVID-19関連の献血後情報を報告した献血者2,250名の血漿検体についてSARS-CoV-2 RNAを検査した。RNA血症の検出率は、2020年後期から2021年初期に献血後情報報告者の9%~15%とピークに達し、国民への広範囲なワクチン接種開始後は約4%に低下した。RNA血症の献血者は、RNA血症が認められないがウイルスに感染している献血者と比較して、咳や息切れを訴える割合が1.2~1.4倍、味覚や嗅覚の変化を訴える割合が1.8倍であった。レセプター遺伝子を導入して作成したウイルス感受性細胞株及びウイルス感受性マウスを用いて評価したところ、RNA血症献血者の血漿から感染性ウイルスは検出されなかった。以上の結果より、輸血によるSARS-CoV-2感染は極めて起こりにくいと考えられる。
10	SARS-CoV-2検査陽性	SSRNホームページ. http://dx.doi.org/10.2139/ssrn.4017393	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、およびヒトの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、店舗内およ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: ペットショップおよ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および血液を採取し、それぞれSARS-CoV-2 RT-PCRおよ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または血清検査で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)およびマウス(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。今回のヒトおよ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たと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。
11	インフルエンザ	Viruses. 14(2022)423	インフルエンザD型ウイルス(IDV)は2011年に初めて報告され、主に世界中のウシ集団とブタ集団の間で循環することが見出されている。米国での最初の発見以降、メキシコ、カナダ、アジア(中国、日本)、欧州(フランス、アイルランド、イタリア、ルクセンブルク、英国)での検出が報告されており、欧州では2012年のフランスが最初の報告である。IDVはウシに軽度から中等度の呼吸器徴候を引き起こし、多数の病原体、環境、免疫状態などの多様な要因と関連するウシ呼吸器疾患と関係している。IDVの人獣共通感染性は不明だが、モルモットとフェレットで複製可能であること、ウシに職業的に曝露する集団や一般集団で特異的抗体が検出されていることから、IDVが人獣共通感染症であるという可能性が支持される。本研究では2018-2020年にデンマークの100の集約的商業ウシ集団(乳牛集団83、仔牛集団17)から鼻腔スワブ試料を採取し、ハイスループットリアルタイムPCRでIDVの存在について試験した。2015年に仔牛集団から採取した気管支肺胞洗浄サンプルも試験した。12集団(乳牛集団1、仔牛集団11)でIDVが検出された。最小サイクル定量値を有する試料を全ゲノム配列決定のために選択した。2015年に採取したデンマークのIDV由来のヘマグルチニン-エステラーゼ融合遺伝子配列も本研究に含めた。系統発生解析は、IDV陽性集団のうち7集団でウイルスがD/OK系統に属し、2015年に採取したIDVとともにHEF系統樹でクラスター化することを示した。他の4集団由来のウイルスはD/660系統に属し、このうち3株は密接にクラスター化した。4株目のウイルスはすべての遺伝子セグメントにおいて系統発生的により離れていた。D/660系統は2018年まで欧州で報告されておらず、2018年3月にフランスからイタリアに輸入されたウシから初めて検出され、その後イタリアではD/OK株よりもD/660株の方が多く発見されており遺伝子型シフトが進行中であることを示している。本研究で分析したサンプル数は限られているが、デンマークでも同様の遺伝子型シフトが起きているようである。本研究では仔牛集団の1つの所有者が乳牛集団から仔牛を購入し、直接輸送した。この仔牛集団と乳牛集団から検出されたIDVには高度な遺伝的類似性が認められたため、感染個体の移動を介してウイルス伝播が起こったことが示唆される。本研究は、デンマークの仔牛におけるIDVの特性評価を記述した初めての研究である。
12	インフルエンザ	CDC FluView. 2022/02/12	カリフォルニア州から新型インフルエンザA(H1N2)亜種ウイルスによるヒト感染症が1件報告された。患者は、18歳以上の成人であり、入院せずに回復した。患者は、検体採取前にブタと直接接触していた。患者の接触者に呼吸器疾患が報告されたが、これは呼吸器疾患の活動が活発な時期に発生し、接触者からの検査用検体は採取されなかった。本症例に関連する継続的なヒトからヒトへの感染は確認されていない。
13	ウイルス感染	Front Microbiol. 13(2022)793348	子宮頸癌とヒトパピローマウイルス、肝癌とB型およびC型肝炎ウイルスなどヒトの癌の約20%はウイルス性病体と関連している。乳癌組織に存在するいくつかのウイルスマーカーから、ウイルスが乳癌を引き起こす可能性について長年研究されている。ウシ白血病ウイルス(BLV)はデルタレトロウイルス属のヒトT細胞白血病ウイルスと同じグループに分類されるウイルスで、世界中に分布しウシの有病率は10-90%、最も高い北米と南米では70-90%である。初期のBLV研究ではヒトとBLVとの間のいかなる関係も検出することはできなかったが、現在では、地域によってBLVがヒトの乳癌のリスク因子となるという研究や、ヒトにおけるBLVバイオマーカー検出など、ヒトにおけるウイルスの存在に関するエビデンスが増加しており、BLVが人畜共通病原体であるという仮説が強化されている。しかしヒトにおける伝達経路や生物学的機序に関する十分なエビデンスは存在しない。本研究では、実験室の制御条件下における様々な細胞由来のヒト細胞株のBLV感受性について、実験的エビデンスを収集することを目的とした。BLVに恒常的に感染した胎児ヒツジ腎臓細胞をウイルス貯蔵庫として用い、ヒト細胞株はRaji細胞、HS-27細胞、MCF102A細胞、MCF7細胞、CaSki細胞、G361細胞、293T細胞、DLD-1細胞、iSLK細胞を用いた。cell-to-cell感染モデルを用いてBLV感染FLK細胞とヒト細胞を共培養し、採取した感染ヒト細胞を3-6か月間培養して感染の安定性を測定した。BLV検出は液相PCRにより行い、in situ PCRにより可視化した。9つの細胞株のうち7つは3か月間の培養期間中に最低1回は液相PCRで陽性であり、BLV感染に感受性であることを示した。iSLK細胞とMCF7細胞では3か月間を通して安定した感染が示され、凍結、解凍後にも長期にわたって陽性を示した。研究結果はBLV感染に対するヒト細胞の感受性を示すことにより、ヒトにおけるBLV感染の実験的エビデンスを支持し、ウシからヒトへの自然伝播の仮説を支持する。
14	ウイルス感染	ProMED-mail 20220809.8704953	情報源: The New England Journal of Medicine 中国東部で最近動物との接触歴のある発熱患者を対象にした定点把握(調査)の結果、1名の患者の咽頭ぬぐい液から異なる系統のLangya henipavirus(LayV)がメタゲノム解析とウイルス分離により同定された。その後の調査で、中国の山東省と河南省で35名の急性LayV感染が確認され、そのうち26名がLayVのみに感染していた(他の病原体はない)。これらの26名の患者は、発熱(患者の100%)、疲労(54%)、咳(50%)、食欲不振(50%)、筋肉痛(46%)、吐き気(38%)、頭痛(35%)、嘔吐(35%)、血小板減少症(35%)、白血球減少症(54%)、肝臓(35%)および腎臓(8%)機能の異常を伴っていた。家畜の血清調査では、ヤギ(2%)およびイヌ(5%)で陽性を認め、また、25種の野生小動物のうち、LayV RNAはトガリネズミ(27%)で多く検出され、トガリネズミがLayVの自然保菌の可能性が示唆された。本研究では、新たに同定された動物由来と思われるヘニパウイルスが発熱性疾患と関連しており、ヒトの疾患との関連性をより深く確認する調査が必要であると思われる等について記載。(2022年8月10日付け)

ID	感染症(PT)	出典	概要
15	ウイルス感染	N Engl J Med. 386(2022)2283-2294	2019年6月、ボリビアのカラナビ市で始まりラパスに拡大した出血熱の症例群について、ヒトおよびげっ歯類 (<i>Oligoryzomys microtis</i>) のサンプルからMammarenavirus Chapare mammarenavirus (M. Chapare mammarenavirus) が病原体として同定された。9例の出血熱患者のうち4名が死亡し、医療従事者間の院内感染の可能性が示唆された。M. Chapare mammarenavirusは人獣共通感染症の病原体保有動物からの種を超えての感染と、ヒトからヒトへの伝播の可能性の両方が確認された。
16	ウイルス感染	Zool Res. 43(2022)756-766	ウシ胎児血清 (FBS) やトリプシンなどの動物由来の生物学的製剤は、科学、製薬、医療用の重要な補足物質である。これらの生物学的製剤の潜在的なウイルス汚染を減らすために予防ガイドラインや検査の実施があるが、稀なウイルスや新たに出現するウイルスを対象としていないため安全性の懸念につながっている。4つの地理的地域 (北米、南米、オーストラリア、アジア) に由来する市販のFBS 28試料とトリプシン25試料におけるウイルスの存在を、偏りのないメタゲノミクスを用いて調査した。全体として、パルボウイルス科、アネロウイルス科、フラビウイルス科、ヘルペスウイルス科、カリシウイルス科、ノダウイルス科、ラドウイルス科、パラミクソウイルス科に属するウイルス配列が検出され、その中にはウシの疾患に関連するいくつかのウイルス、ヒト由来および昆虫由来の可能性のあるウイルス、起源不明のウイルスが含まれていた。FBSではウシパルボウイルス3とボサウイルスが高頻度かつ大量に検出されたため、製造中にこれらのパルボウイルスに対してより厳密な検査を行う必要がある。ウシノロウイルスとウシウイルス性下痢ウイルス1型はいずれも、最も近縁な配列に対する遺伝的距離が比較的大きかったため、家畜に新しい遺伝子型が存在することが示された。FBSからアネロウイルスが検出された。最も近縁なアネロウイルスは以前にヒト血液から検出されており、製造工程におけるヒトウイルスの意図しない混入が懸念される。アネロウイルスは明白な病原性を示さないが、病原性ヒトウイルスの混入は、製造時に完全にウイルスが不活化されていない場合は特に高いリスクとなりうる。高病原性ヒトウイルスであるリッサウイルスの配列がオーストラリアのトリプシンから、ニパウイルスの配列がアジアと南米のFBSから検出された。リッサウイルスは最も近縁な狂犬病ウイルスとの同一性が76%、他の全ての代表的なリッサウイルスとの同一性が55-71%だった。ニパウイルスはデータベース内の配列と99-100%の高い同一性を示した。これらのウイルスの起源は特定できなかったが、その存在は病原性動物由来ウイルスが生物学的製剤に混入する可能性を提起している。本研究の結果は、FBSとトリプシンがウイルスフリーではなく、様々なウイルスによる生物製剤の汚染が比較的広範囲に及んでいることを示す。出現しつつあるウイルスを監視するために、メタゲノムシーケンシングのような強固な安全性プロトコル代替手段が必要である。
17	クレブシエラ感染	Appl Environ Microbiol. 88(2022)e0004422	<i>Klebsiella variicola</i> は <i>Klebsiella pneumoniae</i> complex のメンバーで、植物、昆虫、動物に感染することが分かっており、ヒトの新興病原体と考えられている。ヒト感染症例では糞便、血液、喀痰、膿、尿サンプルからの分離が広く報告されている。また、ウシ乳腺炎とも関連しており、経済的に大きな影響を及ぼす可能性がある。ヒト感染由来の多数の分離株で配列決定され、その多くで高リスクの抗生物質耐性遺伝子と病原性遺伝子が同定されているが、現在までにウシ (糞便試料、乳汁試料) 由来の配列が決定されているのは12株のみであり、非ヒト分離株では抗生物質耐性は完全には検討されていない。本研究では、ブラジル、ミナスジェライス州のAgricultural Research Companyの2頭の健康な未経産牛の尿から <i>K. variicola</i> を分離し、分離株2株 (UFMG-H9、UFMG-H10) のゲノム配列決定、ゲノム解析、抗生物質スクリーニングを行った。ウシ尿路において <i>K. variicola</i> が同定されたのはこれが初めてであった。UFMG-H9では2つの病原因子 (極鞭毛 [遺伝子 flmH]、鞭毛 [遺伝子 flgA-flgN]) が検出され、 <i>Klebsiella</i> において鞭毛遺伝子の存在が確認されたのはこれが初めてであった。公開されている212種のゲノムとウシ分離株2株の尿ゲノムの完全ゲノムを比較した結果、これら2つの尿ゲノムは、ウシの糞便または乳汁から分離されたものよりもヒトの尿路から分離されたものと類似しており、ニッチ分化が示唆された。両株で病原性と抗生物質耐性に関連する遺伝子が同定されたにもかかわらず、サンプリングした動物はいずれも <i>K. variicola</i> 感染に関連する症状を示さなかった。両株はアモキシシリン、エリスロマイシン、バンコマイシンに耐性で、UFMG-H10はホスホマイシンに耐性であった。健康な家畜で循環していたことを考慮すると、本研究で観察された抗生物質耐性はヒト病原体としての本種の出現に関する懸念を強調した。
18	サルマリア原虫感染	第91回日本寄生虫学会(2022/05/28-2022/05/29)S2-4	サルマリア原虫 <i>Plasmodium knowlesi</i> のヒトへの自然感染例はマレーシアで1965年と1971年に報告されて以来確認されていなかったが、2004年に同国で120例のヒト感染例が報告され、その後、他の東南アジア諸国からも報告され始めた。ラオスでは、我々が2015年から2019年にかけて南部5県でフィールド調査を実施し、PCRで確定した2,698例のマリア原虫感染者の中から、 <i>P. knowlesi</i> ヒト感染例1例をはじめ報告した。この患者はアッタプー県在住の12歳の少年で、家族と共に野生ザルの住む森へ行くことがあった。2016年7月、発熱を呈し近くのヘルスセンターを受診し、RDT (SD BIOLINE Malaria Ag P.f./P.v) で三日熱マリアと診断され、アルテメテル・メファントリン配合錠を処方され緩解した。その後、我々がこの患者の初診時のろ紙乾燥血液検体からDNAを抽出し、PCR検査並びにシーケンス解析を実施し <i>P. knowlesi</i> 感染であることを確認した。さらにこの患者の家族7名の血液ろ紙検体をPCR法で検査したが、 <i>P. knowlesi</i> 感染は確認できなかった。ラオスで使用されているSD社のRDTキットで、三日熱マリア偽陽性の <i>P. knowlesi</i> 感染が他にもあると推察される。東南アジア諸国での <i>P. knowlesi</i> のヒト感染の疫学に関しては、いつからどこに分布してきたのか詳細は不明であるが、地域住民だけでなくエコツーリズムに参加した外国人旅行者の感染や死亡例も報告されている。また2011年には、 <i>P. cynomolgi</i> のヒト感染例も報告されている。 <i>P. cynomolgi</i> はサルでは再発の原因となるヒブゾイトを形成するので注意が必要である。
19	サル痘	WHO ホームページ. https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON390	複数国におけるサル痘のアウトブレイク: 状況の更新情報 2022年5月13日以降、2022年6月2日時点で、サル痘ウイルスが風土病ではない4つのWHO地域の27の加盟国から、サル痘の検査確定例780例がWHOに報告、またはWHOにより検出された。5月29日のDisease Outbreak News以降、検査確定例523例が増加している (+203%)。これまで報告された症例の大多数は、1次または2次医療施設での性の健康やその他の医療サービスを通じて示されており、例外はあるものの、主に男性と性行為を持つ男性 (MSM) が関与している。2022年6月2日時点で、現在のサル痘のアウトブレイクに関連して死亡は認められていないことなどについて記載。(2022年6月4日付け)
20	サル痘	N Engl J Med. 387(2022)679-691	○2022年4月から6月までの期間に16か国で発生したサル痘ウイルスのヒトへの感染 2022年4月27日から6月24日の間に16か国43施設でPCR検査によりサル痘と診断された528例について調査した。全体として98%はゲイ又はバイセクシュアルの男性、75%は白人、41%はHIV感染者であり、年齢の中央値は38歳であった。感染経路として95%は感染者との性交渉が疑われた。症状として95%に発疹、皮膚病変が見られ、肛門性器部の病変が73%、粘膜上の病変が41%だった。発疹前に高頻度で出現した全身症状は、発熱(62%)、リンパ節腫脹(56%)、倦怠感(41%)、筋肉痛(31%)、頭痛(27%)などがみられた。性感染症の検査を受けた377例中109例(29%)が他の性感染症にも感染していた。サル痘ウイルスへの曝露歴が明らかであった23例において、潜伏期間の中央値は7日(範囲:3日~20日)であった。PCR検査を追跡できた患者の中で、最も遅い病変部からの陽性検出は発症21日後であった。検討したサンプル数は少ないもののPCR陽性率は、鼻咽頭検体26%、血液7%、尿3%であった。精液を検査した32例中29例でPCR陽性であった。全体の5%は抗ウイルス薬による治療を受けた。70例(13%)は入院したが、入院の理由は疼痛管理(主に肛門直腸部の疼痛21例)、軟部組織の重感染(18例)、咽頭炎(経口摂取制限5例)、眼病変(2例)、急性腎障害(2例)、心筋炎(2例)、感染管理目的(13例)であった。死亡例の報告はなかった。
21	サル痘	WHOホームページ. https://www.who.int/emergencies/situation-reports	情報源: WHO/Emergencies/situation reports 複数国におけるサル痘のアウトブレイク External Situation Report 2, 2022年7月25日: 世界保健機構(WHO)は2022年7月23日、サル痘について国際的に懸念される公衆衛生上の緊急事態と宣言した。2022年1月1日~2022年7月22日に、6つすべてのWHO地域(アフリカ、南北米、東地中海、東南アジア、欧州、西太平洋地域)の75の国/領土/地域からWHOに検査確定例16016例と死亡5例が報告された。2022年7月6日に公表された、複数国におけるサル痘のアウトブレイクのsituation report以降、新規症例9,989例(166%増加)と新規死亡2例が報告されたことなどについて記載。

ID	感染症(PT)	出典	概要
22	サル痘	AABBホームページ. https://www.aabb.org/news-resources/news/article/2022/05/27/regulatory-update-ttd-committee-releases-monkeypox-virus-outbreak-summary#:~:text=AABB%20reminds%20members%20that%20monkeypox,reports%20of%20transfusion%2Dtransmitted%20cases	規制の更新: 輸血感染症 (TTD) 委員会がサル痘ウイルスの発生の概要を発表 Association for the Advancement of Blood & Biotherapies (AABB) のTTD委員会は、現在進行中のサル痘の発生に関する動向を引き続き監視している。委員会は会員に向け最新情報を提供するため、サル痘ウイルス発生概要を作成した。この概要には、最新の背景情報およびドナーに関する考察が含まれており、これには、21 CFR 630.10 およびセクション630.15で要求されているように、ドナーが健康であれば、天然痘およびサル痘に対するJynneosワクチンの曝露前接種を受けてもドナー延期を推奨しないと記載されている。AABBは、サル痘が輸血感染することは知られておらず、輸血感染した症例の報告もないことを会員に喚起する。
23	サル痘	ProMED-mail 20220726.8704672	東京都知事は2022年7月25日、日本でサル痘ウイルスの1例目が東京で検出されたと述べた。この感染者はヨーロッパから帰国し、現在病院にいたる30歳代の男性であると、報告者に語った。「彼には発疹、発熱、頭痛、疲労感がありますが、現時点では安定した状態にあります」と保健省の幹部は別の報道発表を行った。東京研修医である患者は2022年6月下旬ヨーロッパに行き、後にサル痘陽性が確認された人と接触した後、2022年7月中旬に日本に帰国したという。当局者は、連絡の性質について詳細を述べず、東京居住者の国籍を特定することを拒否した。WHOは2022年7月23日に、急速に拡大するサル痘の流行は世界的な保健上の緊急事態であると述べた。2022年までのところ、75カ国以上で16,000例以上のサル痘症例が発生し、アフリカでは5例が死亡している。このウイルスは密接な接触を介して広がり、インフルエンザ様症状や膿で満たされた皮膚病変を引き起こす傾向がある。
24	サル痘	WHO ホームページ. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20220725_monkeypox_external_sitrep_2_final.pdf?sfvrsn=c41fc2dd_3&download=true	サル痘の多国間発生に関する国際保健規則緊急委員会は、2022年7月21日に第2回会議を開催した。2022年7月23日のWHO局長は、国際保健規則(2005年)に沿って、委員会メンバーおよびアドバイザーの見解ならびに他の因子を考慮した上で、このアウトブレイクは国際的に懸念される公衆衛生上の緊急事態であると宣言し、アウトブレイクに関連して一時的勧告を発出した。彼は「新しい伝播様式を介して急速に世界中に広がったアウトブレイクを経験し、そのことについてわれわれはあまりにも少なく理解しており、国際保健規則の基準を満たすアウトブレイクは、正しいグループの正しい戦略で止めることができるアウトブレイクである」と述べ、伝播を阻止し、アウトブレイクを管理下に持ち込むための国々に対する一時的な勧告を出した。 現在、6つのWHO地域すべてでサル痘の症例が報告されている。2022年7月6日に掲載された状況報告以降、東南アジア地域から確定例が報告された。 アフリカ地域では、サル痘に関する最新のデータから、2021年の同時期と比較して、2022年4月以降の症例が有意に増加していることが示されており、これは一部には、各国におけるサル痘のサーベイランスおよび臨床検査能力の向上に起因している可能性がある。この地域でサル痘の疑い例が最も多かったのは2020年であった。
25	サル痘	FDAホームページ. https://www.fda.gov/vaccines-blood-biologics/safety-availability-biologics/information-blood-establishments-regarding-monkeypox-virus-and-blood-donation	サル痘ウイルスと献血に関する血液事業者向けの情報: 世界中で輸血を介したサル痘ウイルス感染は報告されておらず、輸血による感染のリスクは依然として理論上のものである。これまでのところ、サル痘症例の大多数は、他の男性と性交渉を持つ男性において診断されている。血液の安全性に関する現行の予防措置の堅牢性を考慮し、FDAは血液事業者が献血者に対し、サル痘ウイルスへの曝露の可能性について、追加で特定の質問をすることを推奨しない。FDAはさらに、サル痘ウイルスについて献血者をスクリーニングする臨床的診断検査の使用を推奨しないことなどについて記載されている。
26	サル痘	WHO ホームページ. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20220824_monkeypox_external_sitrep-4.pdf?sfvrsn=c009d0a_7&download=true	【問題点】複数国におけるサル痘のアウトブレイクについて、WHOが国際的に懸念される公衆衛生上の緊急事態と宣言したことに関する報告 【概要】原材料の原産国(中国)を含む複数国におけるヒトからヒトへのサル痘感染のアウトブレイクについて、WHOが国際的に懸念される公衆衛生上の緊急事態と宣言した。原材料の動物種(ヒト)からヒトへの既知感染症の著しい感染頻度の増加に該当する報告である。2022年1月1日から2022年8月22日までにWHOの全6地域の96カ国/領土/地域から検査確定41,664例(中国で3例)および死亡12例(中国で0例)がWHOに報告された。2022年8月10日に公表された本報告の最新版以降、新規症例13,859例(50%増加)、死亡1例および新たに7カ国から症例が報告された。アウトブレイクは男性の若年層に影響を与え続けており、性別に関する利用可能なデータを有する症例の98.2%(20,138/20,500)が男性で、年齢中央値は36歳(四分位範囲: 30-43歳)である。報告されたすべての感染タイプのうち、性的接触が最も一般的に報告されており、報告されたすべての感染事象の7,250件中5,954件(82.1%)であった。
27	サル痘	CDC MMWR. 71(2022)1018-1022	○サル痘症例の疫学的および臨床的特徴—米国、2022年5月17日~7月22日 2022年8月4日、米国保健福祉省は米国でのサル痘のアウトブレイクを宣言した。2022年5月17日から7月22日までに2,891症例が43の州から報告され、CDCは2022年7月27日までに1,195件の症例報告書を受理した。これらのうち、99%の症例が男性であり、入手可能なデータ中94%が症状発症前3週間以内に男性間での性的または密接な接触があったことを報告していた。保健所により渡航地または地元での感染と分類された241症例のうち178症例(74%)が地元での感染と分類された。また、5月17日から7月2日までの期間で7月3日から22日までの期間と比較したところ、地元での感染例の割合は51%から82%に増加し、黒人の割合は12%から31%に増加していた。HIV感染状況に関するデータを入手できた334例中136例(41%)がHIVに感染していた。最近ワクチン接種を受けたサル痘患者のうち、少なくとも1例は1回目のJYNNEOSワクチン接種後3週間以上経過してから発症していた。一般的にサル痘は発熱性の前駆症状(発熱、倦怠感、悪寒、リンパ節腫脹など)を認めるが、42%の症例では前駆症状がなく、37%の症例で発熱しなかった。前駆症状の有無に関わらず、臨床医はサル痘に類似する発疹を認めた患者に対して、サル痘の検査をすべきである。
28	サル痘	WHO ホームページ. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20221019_monkeypox_external_sitrep-8.pdf?sfvrsn=bb442767_3&download=true	【問題点】複数国におけるサル痘のアウトブレイクについて、WHOが国際的に懸念される公衆衛生上の緊急事態と宣言したことに関する報告 【概要】原材料の原産国(中国)を含む複数国におけるヒトからヒトへのサル痘感染のアウトブレイクについて、WHOが国際的に懸念される公衆衛生上の緊急事態と宣言した。原材料の動物種(ヒト)からヒトへの既知感染症の著しい感染頻度の増加に該当する報告である。2022年1月1日から2022年10月16日までにWHOの全6地域の109カ国/領土/地域から検査確定73,437例(中国で6例)および死亡29例(中国で0例)がWHOに報告された。2022年10月5日に公表された本報告の最新版以降、新規症例4,537例(感染者総数の6.6%増加)および新規死亡4例が報告された。アウトブレイクは主に男性の若年層に影響を与え続けており、性別に関する利用可能なデータを有する症例の97.1%(40,940/42,163)が男性で、年齢中央値は35歳(四分位範囲: 29-42歳)である。報告されたすべての感染タイプのうち、性行為中の皮膚および粘膜接触による感染が最も一般的に報告されており、報告されたすべての感染事象の17,310件中12,451件(71.9%)であった。少なくとも1つの症状が報告された症例の中で、最も一般的な症状はあらゆる発疹であり症例の81.4%で報告され、続いて発熱が58.8%、全身性発疹と性器発疹(それぞれ49.9%と46.3%)で報告された。WHOのガイダンスに従って、いくつかの症例が報告されている針刺し損傷などの経皮的曝露による医療従事者の感染を回避する必要がある。

ID	感染症(PT)	出典	概要
29	デング熱	J Infect Dis. 225(2022)1504-1512	○台湾のデング熱流行時における供血者のデング熱ウイルス(DENV) RNA検出率は各地域の感染率と相関する台湾でデング熱が大流行した2015年の輸血によるDENV感染リスクを後ろ向きに評価した。デング熱蔓延地域在住の供血者から採血した血清4,976検体について定性的TMA法によるDENV RNA検査を行った結果、21例が陽性であった。1週間あたりの新規デング熱感染者数が人口10万人あたり5-50人、50-200人及び200人以上の地域在住の供血者のRNA検出率を見るとそれぞれ供血者1,000人あたり0.84、3.36、6.19であった。デング熱感染者が多い地域ほどRNA検出率は増加した。同流行期において197件のDENV RNA陽性血液が供血され、143件の輸血によるDENV感染症例が発生した可能性があり、DENV感染症1万例あたり9.2例が輸血感染例にあたと推算された。この結果は、感染症例全体の中では、環境暴露によるDENV感染に比べ輸血を介した潜在的な感染は顕著に少ないことを示している。ALT値のスクリーニングではDENV RNA陽性者のうち4.4%しか検出されず、効果的な方法ではなかった。本研究では、デング熱蔓延地域で供血された血液のうち約0.5%から1%がDENV RNA陽性であった。供血者のDENV RNA陽性率と供血者の居住地域のDENV感染率の相関関係は、今後の感染防止策の策定に役立つ可能性が示された。
30	レプトスピラ症	ProMED-mail 20220319.8702072	インフォーマルな居住区のレプトスピラ症の2つの主な原因として、違法な養豚場と廃水の不適切な処理が特定された。2022年3月15日のMuanikosoでの保健省の支援プログラムで、衛生指導員は、前日にレプトスピラ症の検査を受けた16人のうち、31%が養豚場を違法に保有していたことを確認した。公衆衛生法では、豚舎は住居や水源地から200フィート離れた場所に設置しなければならない。また、登録された村やインフォーマル居住区でも、適切な計画や排水、水処理設備がないケースも見られた。
31	原虫感染	Front Microbiol. 13(2022)857752	<i>Colpodella</i> 種はアピコンプレクサ類と非常に近縁な小型の捕食性鞭毛虫のグループである。大部分は自由生活性で藻類や原生動物を餌とし、脊椎動物や節足動物ベクターではほとんど報告されていない。2012年に <i>Colpodella</i> 種による赤血球に寄生する多環型感染のヒト症例が初めて報告され、2018年にヒト症例がもう1例、いずれも中国から報告された。2症例とも発熱と溶血性貧血等の、他の赤血球寄生虫感染症に類似した臨床症状を呈しており、2018年の症例では項部硬直を呈した患者の脳脊髄液と患者の自宅周辺のダニから <i>Colpodella</i> 種が分離された。また2017年には、モザンビークのウシに付着したダニ <i>Rhipicephalus microplus</i> からの <i>Colpodella</i> 種検出が記録されており、内モンゴルに普通に見られる <i>Dermacentor nuttalli</i> でも配列が検出されている。本研究ではウマ血液におけるピロプラズマ症検出において、偶然検出された <i>Colpodella</i> 種について報告する。本研究の元々の研究計画では中国北部に位置する内モンゴル、Ordos市付近で収集されたウマ試料において、ウマピロプラズマ症を検出することを目的としていた。400頭のウマから全血試料を採取し、18S rRNAを標的とするピロプラズマのための共通プライマーを用いたスクリーニングを実施したところ、136頭が陽性を示した。このうち132頭(33%)は <i>Theileria equi</i> に、2頭は <i>Babesia caballi</i> に、別の2頭が <i>Colpodella</i> 種に感染していた。2つの試料から分離された約1600bpの配列には3つのヌクレオチド塩基の違いがあり、メリーランド州Gambriell州立公園の褐色森林土から分離された <i>Colpodella</i> sp. ATCC50594株と非常に近縁だった。ほぼすべての18S rRNA遺伝子に基づいたコンセンサス系統樹による解析では、2つの新規 <i>Colpodella</i> 株はATCC50594株と同じクレード内に位置した。これは中国のウマにおける <i>Colpodella</i> 種検出に関する初めてのエビデンスである。現在の研究報告によると、 <i>Colpodella</i> 種は自然環境では珍しい存在である。ダニからの検出報告より、ダニがヒトと動物の両方で <i>Colpodella</i> 種の重要なベクターとして働く可能性がある。本研究では、ヒトとの接触が多ければダニに付着される脊椎動物が、人間のような明らかな症状なしに <i>Colpodella</i> 種の影響を受けることを初めて示した。ピロプラズマ症スクリーニングで偶然検出されたため、 <i>Colpodella</i> 種は、配列未確認の場合に標準的なプライマーでスクリーニングするとピロプラズマ症と誤認される可能性がある。新規ダニ媒介人畜共通病原体と考えるべきである。しかし疾患維持においてウマがどのような役割を果たすかは不明であり、ウマの感染に関連する臨床症状や、本研究で検出された分離株がヒトの健康にリスクをもたらすかどうかについて明確な理解は得られておらず、さらなる調査が必要である。
32	細菌感染	Antibiotics. 11(2022)648	<i>Elizabethkingia anophelis</i> はグラム陰性、非運動性、オキシダーゼ陽性、カタラーゼ陽性の好気性桿菌で、最近では致死的な院内感染や市中感染を引き起こす日和見病原体として出現している。 <i>E.anophelis</i> 感染症は死亡率が高く、免疫不全者と免疫能正常者で敗血症、髄膜炎、院内肺炎を引き起こす。 <i>E.anophelis</i> 院内感染アウトブレイクは2011-2013年に中央アフリカ共和国、シンガポール、香港、英国、台湾で記録されており、2016年には米国で20人が死亡するアウトブレイクが起こった。散発例もデンマークとフランスから数例報告されている。これまでのところ、 <i>E.anophelis</i> はロシアからは報告されていない。全ゲノム系統発生解析に基づき、 <i>E.anophelis</i> 種は2つの亜種(subsp. <i>anophelis</i> とsubsp. <i>endophytica</i>)に分けられる。前者はヒト患者と臨床環境を含む様々な起源からより高頻度で分離され、ヒトに対する病原性が確認されている。後者はトウモロコシの健康な茎内部組織から初めて分離され、その後ヒトからも分離されたが、病原性はまだ発見されていない。本研究では、ロシアのNN地域の農場で採取した生乳試料から分離された <i>E.anophelis</i> subsp. <i>endophytica</i> について報告する。この分離株はML-44株と命名された。ML-44株の16S RNA遺伝子は、トウモロコシから分離された標準株JM-87の配列と99.71%の配列同一性を示した。ML-44株を含む複数の <i>E.anophelis</i> 株の遺伝子について検討した結果、異なる亜種に属するにもかかわらず同等の範囲の病原因子を有していた。この結果はどちらの亜種もヒトに対して同様の病原性を有する可能性を示すが、潜在的毒性因子については詳細に研究されていないため慎重に考慮すべきである。抗菌薬耐性試験では、以前から知られているようにML-44株を含む <i>E.anophelis</i> 株の多くの抗生物質への耐性を示した。ロシアからの分離という地理的観点からの新規性に加え、ML-44株は2つのユニークな特徴を有していた。1つ目はウサギとヒツジの赤血球に対して溶血活性を示したことで、 <i>E.anophelis</i> subsp. <i>endophytica</i> がin vitroで溶血活性を示したのはこれが初めてである。2つ目は食品由来であったことだ。生乳からの分離は、この細菌が多様な環境病原体のグループに属するという仮説を支持した。生乳の汚染が乳牛の感染によるものか市場への牛乳輸送中に起こったものかは推測しかできないが、どちらの経路であっても土壌由来のヒト・動物病原体においては起こりうる。本研究は生乳が、一連の毒性因子と抗菌剤に対する顕著な耐性を有する <i>E.anophelis</i> 株の供給源である可能性を示した。
33	細菌感染	Transfusion. 62(2022)621-632	○血小板製剤中の <i>Staphylococcus aureus</i> (<i>S.aureus</i>)と献血者の皮膚疾患との関連性:細菌培養スクリーニングの限界 血小板製剤の細菌混入は、輸血療法において重要な課題である。 <i>S.aureus</i> の混入は、培養試験でも検出できないことがある。血小板製剤の <i>S.aureus</i> 混入への関与が疑われた献血者の追跡調査を行なった。6名の皮膚及び鼻咽頭ぬぐい液検体中の <i>S.aureus</i> とその献血者由来の血小板製剤から分離した <i>S.aureus</i> をmultilocus sequence typing (MLST)解析並びにパルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)により同定した。BacT/ALERT 3Dを使用したスクリーニングの有効性を評価するため、 <i>S.aureus</i> 及び比較対象としてその他3つの細菌種(<i>K.pneumoniae</i> 、 <i>E.coli</i> 、 <i>S.dysgalactiae</i>)の標準株と臨床株を血小板製剤にスパイクして増殖パターンを検証した。 <i>S.aureus</i> は、対象献血者全員の鼻咽頭ぬぐい液検体から分離され、アトピー性皮膚炎に罹患した献血者3名の腕の皮膚検体からも分離された。製剤から分離した <i>S.aureus</i> 株と献血者の鼻咽頭ぬぐい液・皮膚検体の <i>S.aureus</i> は、MLST解析とPFGEで同一の結果を示した。またスパイク試験では、 <i>S.aureus</i> 以外の3つの細菌種はスパイク後、振とう保管24時間後ですべて陽性となった。 <i>S.aureus</i> は、スパイク後の振とう保管期間(24、36、48時間)、培養ボトル種類(嫌気性/好気性)、接種量(5mL、10mL)の違いにより検出される場合とされない場合があった。特に、スパイク後、振とう保管24時間後で陽性であったが、36時間後で陰性となる検体もあった。血小板製剤中及び献血者から分離した <i>S.aureus</i> 株の特徴から、製剤への混入細菌は献血者が保有している細菌に由来することが示唆された。さらに、 <i>S.aureus</i> はBacT/ALERT 3D検査で偽陰性となる場合があった。

ID	感染症(PT)	出典	概要
34	細菌感染	Front Vet Sci. 9(2022)859902	<i>Sutterella</i> 種はグラム陰性、非孢子形成性、糖非分解性、微好気性細菌で、1997年に虫垂炎、腹膜炎、直腸・直腸周囲膿瘍の患者から分離された。 <i>Sutterella</i> 種はヒトの消化管、イヌの排泄物、ウシと家禽の腸内容物から分離された <i>S.wadsworthensis</i> 、 <i>S.parvirubra</i> 、 <i>S.morbirenis</i> 、 <i>S.stercoricanis</i> など、10種が同定されている。自閉症、レット症候群、メタボリックシンドロームなどのいくつかのヒトの疾患では、 <i>Sutterella</i> 種陽性との関連、 <i>Sutterella</i> を含む細菌による腸内微生物叢異常との関連が示唆されている。 <i>C.gracilis</i> による致死性菌血症を伴い腹腔内手術を受けた免疫能正常患者3人において <i>Sutterella wadsworthensis</i> が菌血症の原因とみなされた症例もある。マウスでは <i>Sutterella</i> 種がうつ病様行動群と厳密に関連している。これらの報告から <i>Sutterella</i> 種の病原性が示唆されている。本研究では、定量的リアルタイムPCR(qPCR)でブロイラー鶏の盲腸内容物、肝臓、胸肉を測定し、 <i>Sutterella</i> spp.の存在について調べた。異なる農家から供給され、そこで生きた家禽が集められ販売と屠殺のために保管されている5つの生家禽市場(A-E)において、平均体重1,950gのRoss 308系統の孵化後42日の生存雛5羽を無作為に収集した。人道的に屠殺し個別に解剖した各個体から、盲腸内容物、右肝葉、胸肉試料を、試料の交差汚染を避けるために無菌法で採取した。qPCRの結果、12羽の盲腸内容物試料、5羽の肝臓試料、10羽の胸肉試料が <i>Sutterella</i> 種陽性であった。鶏の可食部分、つまりレバーと胸肉で初めて、 <i>Sutterella</i> 種の存在が示された。この初めての検出は、細菌が盲腸内容物に存在する場合、細菌転位によって肝臓と胸肉への通過が可能であることを示唆した。鳥類の腸の完全性と透過性により <i>Sutterella</i> 種の腸門通過は疑わしいが、屠殺時に衛生状態による汚染の可能性はある。しかし本研究では屠殺とサンプリングの条件が厳しく管理されており、汚染の可能性には当てはまらない。本研究ではブロイラーの肝臓と胸肉で初めて <i>Sutterella</i> 種が検出された。 <i>Sutterella</i> 種は家禽および家禽肉に存在し、家禽由来の食品がヒトの汚染源となる可能性があると考えられる。
35	炭疽	Trop Med Health. 50(2022)52	炭疽病は、炭疽菌によって引き起こされる人獣共通感染症である。ヒトは感染動物や動物性食品との接触により皮膚感染する。2018年5月6日、Kiruhura地区の農場で3頭のウシが突然死亡した。その後、Kiruhura地区の副郡長は、同地区で皮膚炭疽が疑われるヒトの報告を受けた。患者は死んだウシの解体と肉の消費に参加したと報告された。我々は、発生の規模を明らかにし、疾病に関連する曝露を特定し、証拠に基づく管理策を提案するために調査を行った。ウシの死肉を摂取した家庭を対象に、レトロスペクティブ・コホート研究を行った。2018年5月1日から26日までのKiruhura地区の住民における新たな皮膚病変(例えば、丘疹、小胞、またはびらん)とし、ヒト皮膚炭疽疑い例と定義した。確定症例は、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)で <i>B.anthraxis</i> が陽性となる病変を有する疑い症例とした。Engari Health Centreでのカルテレビューとコミュニティでの積極的な症例発見により症例を特定した。95人のうち、22人が症例患者(確定例2人、疑い例20人、死亡例0人)、73人が非患者の家族であった。流行曲線は、死んだウシが屠殺された5月6日から始まる複数の点源への曝露を示唆していた。牛肉を受け取った世帯では、屠殺(RR=5.3、95%CI=3.2-8.3)、皮剥ぎ(RR=4.7、95%CI=3.1-7.0)、廃棄物の清掃(RR=4.5、95%CI=3.1-6.6)および肉の運搬(RR=3.9、95%CI=2.2-7.1)に従事すると感染リスクが高くなることが示された。この皮膚炭疽の集団発生は、感染した動物の死骸を取り扱ったことが原因であった。我々は農林水産省に対し、動物性炭疽の可能性に関するサーベイランスを強化し、コミュニティが急死した家畜の死骸を摂取しないようにすることを提案した。また、アウトブレイク時の地域住民のための第一選択の抗生物質を保健省が医療施設に備えるよう提案した。
36	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220311.8701896	2022年3月4日金曜日、オーストラリアの最高獣医官Mark Schippは、ニューサウスウェールズ州、サウスオーストラリア州、クイーンズランド州、ビクトリア州の14の養豚場で日本脳炎ウイルス(JEV)が確認されたと述べた。これはクイーンズランド州で確認されたJEVのヒト症例に続くものである。クイーンズランド州保健局によると、今回確認された症例は、クイーンズランド州南部地域を最近旅行しており、現在ブリスベンの病院で治療を受けている。日本脳炎がこれほど南に存在するのは驚くべきことであるとも述べている。日本脳炎症例が先週ニューサウスウェールズ州とビクトリア州の国境付近で初めて発見されて以降、クイーンズランド州と南オーストラリア州でも症例が報告されている。JEVは1995年にトレス海峡諸島で3人から検出され、1998年にはさらに2人の患者がクイーンズランド州で発見され、うち1人はオーストラリア本土で感染していた。日本脳炎はオーストラリアでは通常みられず、保健当局は毎年トレス海峡とトップエンドを調査し発生を調べていたが、このアウトブレイクはマレー川回廊沿いで発見された。JEVは主に感染した媒介蚊による刺咬により伝播し、蚊-水鳥サイクルか蚊-ブタサイクルで維持される。水鳥、特にサギやシラサギのような涉禽類は重要な増幅宿主であり、ベクターに感染するのに十分なウイルスを1-7日間血液中に保持する。ブタもウイルスの重要な増幅宿主であり、ベクターに感染するのに十分なレベルのウイルスを約4日間血液中に発生させる。ウマやその他の種は感染の可能性があるが、蚊に感染するほど血液中のウイルス濃度が高くなることのない終末宿主であるため、その地域の疾患の維持には関与しない。したがってヒトの健康の観点からはブタが注目されるが、豚肉や豚肉製品を食べて感染することはない。JEVはヒト-ヒト感染することはない。ヒトは感染した蚊に刺されることでJEVに感染する。ヒトがJEVに感染した場合、1%未満の患者が脳炎などの重篤な疾患になり、首のこわばり、激しい頭痛、昏睡などの症状がみられ、稀に永続的な神経系の合併症を起こしたり死に至る。当局の発表によると、日本脳炎は現在4つの州に影響を及ぼしており、21の養豚場でウイルスが検出され、3件のヒト症例が確認されている。疑い例も数例調査中で、さらに多くの症例が検出されると予測されている。ワクチン接種の優先順位付けのための水鳥、野生のブタ、豚舎、感染者の存在のマッピング、蚊の監視と管理、陽性ブタがいた農場のブタの移動制限が実施されている。
37	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220316.8702024	Agriculture Victoriaは、これまでに検出されたLoddon、Campaspe、Wangaratta、Gannawarra、Greater Sheparton、Greater Bendigoに加え、ビクトリア州の4つの養豚場(Campaspe、Loddon、Gannawarra、Northern Grampians shires)で新たに日本脳炎ウイルス(JEV)検出を確認した。日本脳炎ウイルスは、ニューサウスウェールズ州、クイーンズランド州、南オーストラリア州の養豚場でも確認されている。Agriculture Victoriaは、同社のインシデント管理チームが引き続き業界と緊密に連携し、監視活動を実施して、農家や家畜、ウマの所有者にアドバイスや情報を提供していると述べた。このウイルスは主に感染した動物を捕食する蚊によって伝播され、通常は動物から動物へ直接伝播することはない。ブタからヒトに直接感染することはない。ヒトがブタの肉を食べることのリスクもない。一般に、渡り鳥の移動や感染した蚊の移動を介して、しばしば長距離にわたって広がる。マレー川地域に居住している人または訪れようとしている人は、JEVのリスクを認識し、蚊への曝露を大幅に制限する措置を講じるべきである。蚊が媒介する病気から自分と家族を守る簡単な方法は以下のとおりである。 ・屋外では、長くてゆったりした服を着る。 ・すべての露出した皮膚にピカリジンまたはDEETを含む効果的な蚊忌避剤を使用する。 ・蚊が多い場合は屋外での活動を制限する。 ・屋内では「ノックダウンフライ」スプレーやプラグイン式の忌避剤を使用する。 ・家の窓に網戸がない場合や、未処理のテントや屋外で寝ている場合は、殺虫剤を塗布した蚊帳の下で寝る。 ・蚊取り線香は、座ったり食事をしたりするために集まる小さな屋外の場所で効果的である。最もリスクの高い人々を対象とした予防接種プログラムが間もなく開始される。
38	日本脳炎B型	HPS Weekly Report. 56(2022)1903	2022年5月11日現在、オーストラリア保健省は、ニューサウスウェールズ州、クイーンズランド州、南オーストラリア州、ビクトリア州の4州における日本脳炎ウイルス(JEV)の患者は41人(うち死亡者4人)であると報告した。
39	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220305.8701785	Victoria州の保健当局は、2022年2月27日に、New South Wales州との州境に近いEchucaの豚から日本脳炎の証拠が発見され、この病気に関する警告を発令した。それ以後、Victoria州民4人がこのウイルスに感染しており、オーストラリア南部で報告された最初のケースと考えられている。4人全員が入院し、1人は退院している。オーストラリア保健省は、ビクトリア州北部の1つの豚舎、New South Wales州の6つの豚舎、Queensland州の1つの豚舎でこの病気が発見されたことを確認した。

ID	感染症(PT)	出典	概要
40	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220313.8701959	ニューサウスウェールズ州保健省は、ニューサウスウェールズ州の5人目の住民が日本脳炎(JE)に感染していることが確認されたため、地域住民に警戒し、蚊に刺されないようにするよう呼びかけている。今回確認されたのは、Goulburnに住む60歳代の男性で、病院で治療を受けた後、退院し、リハビリテーション施設で回復に向かっている。Goulburn地域からの確定症例は今回が1例目である。現在、患者の曝露地域の緊急調査を行っている。ニューサウスウェールズ州では現在、さらに数人がJEの検査を受けており、今後数日から数週間のうちにさらに多くの患者が確認されると予想される。
41	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220319.8702062	・ニューサウスウェールズ州の8人目の住民が日本脳炎に感染していることが確認され、ニューサウスウェールズ州保健局は、蚊に刺されないように警戒するよう地域住民に呼びかけている。今回確認されたのは、リヴァリーナ地方テモラ地区の50歳代の男性である。彼は病院で治療を受けた後、退院し、地域社会で回復を続けている。 ・南オーストラリア州保健当局は、蚊が媒介する日本脳炎のさらなる患者4人を確認し、うち1人が死亡したと発表した。死亡したのは、当局が以前から感染の疑いがあると指摘していた患者である。南オーストラリア州保健当局によると、同州の日本脳炎ウイルス感染者は合計8人となった。このうち1人は入院中で、2人は退院した。 ・先週、生後4か月の乳児がVictoriaでウイルスに感染したことが確認された。 ・日本脳炎ウイルスは、2022年3月、オーストラリアの18例で診断され、クイーンズランド、ニューサウスウェールズ、ビクトリア、南オーストラリアの4州の28の豚舎で発見された。オーストラリアの極北の外で初めてアウトブレイクが発生し、感染者のうち2例が死亡した。クイーンズランド州の2つの豚舎が感染し、うち1つはグーンディウィンディ地区にある。2番目の場所については、詳細は明らかにされていない。プリズン北部のプリンス・チャールズ病院では、60歳代の女性がウイルスに感染し、重体だが安定した状態が続いている。この女性は、1998年以来、クイーンズランド州で発生した最初の患者である。
42	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220405.8702416	オーストラリア保健省は、2022年3月31日時点で、オーストラリアでヒトの日本脳炎ウイルス症例を34例報告している。このうち、24例が臨床検査で確認された(ニューサウスウェールズ州10人、クイーンズランド州2人、南オーストラリア州3人、ビクトリア州9人)。その他の10例は疫学的及び/又は本疾患の症状があり、臨床検査で示唆された(クイーンズランド州2例、南オーストラリア州5例、ビクトリア州2例、ニューサウスウェールズ州1例)。3例の死亡も報告された(ニューサウスウェールズ州:1例、南オーストラリア州:1例、ビクトリア州:1例)。現在4つの州で50を超える感染養豚場が認められている。またノーザンテリトリー政府は2022年3月、ウェストダリー地域の野生のブタ1頭が日本脳炎陽性であることを確認した。
43	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220408.8702478	ウェストダリーの少数の野生のブタが日本脳炎ウイルス(JEV)の検査で陽性となった後、ノーザンテリトリーで初めてJEVの活動症例が検出された。同ウイルスは2022年2月以降、オーストラリア南部の養豚場に広がっており、これまでにヒトにおいて35例の症例が確認され、3例のヒトが死亡している。ノーザンテリトリーのchief veterinary officerによると2021年3月にティウイ諸島でJEVにより1例のヒトが死亡して以降、同地域では症例は記録されていない。
44	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220512.8703200	オーストラリアの保健当局は、蚊が媒介するウイルス「日本脳炎」による新たな人の死亡を報告した。これまでにニューサウスウェールズ州、南オーストラリア州、ビクトリア州で報告された死亡例に加え、2022/5/4、当局はクイーンズランド州での死亡を報告した。現在、オーストラリアでは38人の日本脳炎のヒトの症例が報告されている。
45	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220521.8703397	2022年5月18日現在、オーストラリアで発生した日本脳炎ウイルスのヒト感染例は42例であり、29例は検査確定例である:ニューサウスウェールズ州(13)、クイーンズランド州(2)、南オーストラリア州(4)、ビクトリア州(10)。その他の13例は疫学的に関連性があり、かつ/又は疾患の症状があり、検査で示唆的なエビデンスを有する可能性がある症例である:クイーンズランド州(3)、南オーストラリア州(5)、ビクトリア州(4)、ニューサウスウェールズ州(1)。また、4例の死亡が報告されている:ニューサウスウェールズ州(1)、南オーストラリア州(1)、ビクトリア州(1)、クイーンズランド州(1)。感染症、ワクチン、アルボウイルスの専門家からなる国のワーキンググループが設立された。このワーキンググループは、日本脳炎の状況に対するオーストラリアの対応を支援する。
46	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220622.8704004	2022年における台湾地域の1例目の日本脳炎症例が台南市で発生した。2022/6/20、台湾疾病管理センター(CDC)は、台南市北門区の50代男性の症例で、平日はほとんど自宅と農地で生活していたと発表した。国内外への渡航歴はなかった。2022/6/7に発熱し、2022/6/9に下肢脱力、意識変化などの症状を呈し、入院となった。これは2022年の台湾における日本脳炎の1例目である。報道によると、台湾のCDC副局長は、「この男性は50代で、2022/6/7に発熱し診療所を受診したが、解熱剤を使用しても症状が緩和されなかった」と述べた。2022/6/9に救急外来に入院し、新型コロナウイルス肺炎の検査は陰性であった。2022/6/19に痙攣と昏睡を起こし、集中治療室に入院した。2022/6/15、日本脳炎が疑われ、検体を送って検査した。結果は2022/6/18に発表された。疫学調査が終了し、2022/6/20に診断確定となった。現在、入院中である。台湾CDC副局長は、今回の症例の主な活動場所は住宅と農地であると指摘した。農地の一つは500メートル(550ヤード)離れたところに豚舎があり、豚舎の裏には放棄された養魚場があった。ベクターである蚊の幼虫が大量に採集され、感染の可能性が高いと判断された。環境浄化と自宅及びその周辺の養豚場に蚊取り器を取付け、地域住民への健康教育支援を強化する対策が行われた。
47	日本脳炎B型	ProMED-mail 20220623.8704031	日本脳炎がクイーンズランド州北部の野生ブタで初めて発見された。蚊を媒介する本疾病の発見は、2022年のこれまでに5例の死亡に関連する、4つの州にわたるアウトブレイクに続くものである。クイーンズランド州の1例を含む5例が2022年にこの疾患で死亡したと報告されており、全国で40例以上のヒト症例が検出されている。
48	日本脳炎B型	WHOホームページ. https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2022-DON365	2022年4月28日現在、オーストラリア政府保健省は、3例の死亡者(確定2例、可能性1例)を含む37例(検査確定例25例、可能性12例)の日本脳炎ウイルス感染確定例および可能性例を報告している。25例の確定症例が4つの州から報告された:ニューサウスウェールズ州(11例、死亡1例)、クイーンズランド州(2例)、南オーストラリア州(3例)、ビクトリア州(9例、死亡1例)。さらに、12例の推定例が報告されている:ニューサウスウェールズ州(2例)、クイーンズランド州(2例)、南オーストラリア州(5例、1名死亡)、ビクトリア州(3例)。

ID	感染症(PT)	出典	概要
49	尿路感染	Front Microbiol. 13(2022)764760	<p>健康な人の尿路(UT)は無菌であると伝統的に信じられてきたが、現在、人体の他の領域よりも低い生物量ではあるが、健康なヒトのUT内に細菌が存続することが知られている。ウシでは泌尿生殖器に関連した細菌感染が、繁殖や酪農業などの分野での途方もない損失の原因となっている。酪農業における尿路感染症(UTI)の重大な影響を考慮して、健康な動物における2つの尿路病原性種、大腸菌と緑膿菌の調査を実施した。本研究ではブラジル Minas Gerais州の健康な若い雌の未経産Gyr乳牛10頭から全尿試料を採取し、大腸菌と緑膿菌の分離と同一、全ゲノム配列決定、ゲノム特性評価、プロファージ分析、他のウシ分離株やヒト尿分離株との比較を行った。4頭のGyr牛の尿から5つの大腸菌株と4つの緑膿菌株が分離された。両種とも通常は尿路感染症や乳房炎と関連しているが、採取したウシはすべて健康であった。過去の研究結果との類似から、大腸菌と緑膿菌がウシUT微生物叢の常在菌である可能性がある。本研究の大腸菌ウシ尿分離株は、ウシや他の農業動物の消化管由来の分離株とゲノム類似性があり、緑膿菌ウシ尿分離株はヒト分離株に最も類似していた。ヒトから分離された志賀毒素産生大腸菌株と腸病原性大腸菌株の80%がウシ系統であり、他の細菌種では感染牛の尿を介した人畜共通感染症が認められることから、本研究の大腸菌分離株がヒトの病原体として出現する可能性がある。本研究の4つの緑膿菌分離株健康なヒトの尿路は無菌であると伝統的に信じられてきたが、現在、人体の他の領域よりも低い生物量ではあるが、健康なヒトの尿路内に細菌が存続することが知られている。ウシでは泌尿生殖器に関連した細菌感染が、繁殖や酪農業などの分野での途方もない損失の原因となっている。酪農業における尿路感染症の重大な影響を考慮して、健康な動物における2つの尿路病原性種、大腸菌と緑膿菌の調査を実施した。本研究ではブラジル Minas Gerais州の健康な若い雌の未経産Gyr乳牛10頭から全尿試料を採取し、大腸菌と緑膿菌の分離と同一、全ゲノム配列決定、ゲノム特性評価、プロファージ分析、他のウシ分離株やヒト尿分離株との比較を行った。4頭のGyr牛の尿から5つの大腸菌株と4つの緑膿菌株が分離された。両種とも通常は尿路感染症や乳房炎と関連しているが、採取したウシはすべて健康であった。過去の研究結果との類似から、大腸菌と緑膿菌がウシ尿路微生物叢の常在菌である可能性がある。本研究の大腸菌ウシ尿分離株は、ウシや他の農業動物の消化管由来の分離株とゲノム類似性があり、緑膿菌ウシ尿分離株はヒト分離株に最も類似していた。ヒトから分離された志賀毒素産生大腸菌株と腸病原性大腸菌株の80%がウシ系統であり、他の細菌種では感染牛の尿を介した人畜共通感染症が認められることから、本研究の大腸菌分離株がヒトの病原体として出現する可能性がある。本研究の4つの緑膿菌分離株は全て、緑膿菌臨床分離株で広く報告されている4つの抗生物質耐性関連遺伝子を保有しており、またヒトの多剤耐性株・流行毒性株に関連するO5血清型に属することから、ヒトの公衆衛生に対する懸念となる。本研究のウシ分離株が保有するプロファージの検査では、ヒト尿由来の遠縁の大腸菌分離株と緑膿菌分離株が保有するプロファージとの類似性が明らかになった。このことは、近縁な尿中ファージが哺乳類間で存続したり共有されたりする可能性を示唆している。大腸菌と緑膿菌がこのニッチの常在菌であるか、あるいはヒトにおける新興病原体の供給源である可能性を確かめるために、ウシ尿微生物叢の研究が必要である。は全て、緑膿菌臨床分離株で広く報告されている4つの抗生物質耐性関連遺伝子を保有しており、またヒトの多剤耐性株・流行毒性株に関連するO5血清型に属することから、ヒトの公衆衛生に対する懸念となる。本研究のウシ分離株が保有するプロファージの検査では、ヒト尿由来の遠縁の大腸菌分離株と緑膿菌分離株が保有するプロファージとの類似性が明らかになった。このことは、近縁な尿中ファージが哺乳類間で存続したり共有されたりする可能性を示唆している。大腸菌と緑膿菌がこのニッチの常在菌であるか、あるいはヒトにおける新興病原体の供給源である可能性を確かめるために、ウシ尿微生物叢の研究が必要である。</p>
50	鼻疽菌感染	BMC Vet Res. 18(2022)132	<p>鼻疽は人畜共通細菌 <i>Burkholderia mallei</i> によって引き起こされる感染症で、主にウマ科動物が感染する。最近では南アジア、中東、南米(ブラジル)で、ウマ科動物の鼻疽の発生が報告されている。<i>B. mallei</i> 感染の症状には、鼻汁、肺炎、皮膚の潰瘍性結節性病変などがあり、気道と皮膚からの分泌物は感染性である。これまでのところネパールではウマ科動物の鼻疽症例は報告されていないが、近隣のインド諸州における鼻疽の再発生と、インド-ネパール間でウマ科動物の移動が制限されていないことから、Adhikariらはネパールでの鼻疽発生の潜在的リスクについて警告している。2020年11月、ネパール中西部Banke地区のウマ科動物で、高熱(最大40-41°C)、努力性呼吸、乾性咳嗽、食欲喪失、跛行、粘液膿性の黄色がかかった鼻汁、体の様々な部分、特に大腿部の膿の詰まった小結節などの臨床徴候や症状が認められた。その後、2020年12月に、同様の臨床症状と徴候がBagmati州のDhading地区とLalitpur地区のラバで観察された。Lumbini州Nepalgunjでも数頭のウマ科動物の死亡が報告されている。感染したウマ科動物の一部では、潰瘍化した小結節や黄色がかかった粘り気のある膿の痂皮からの排出が認められ、ラバはウマよりも重篤な症状を示した。全感染動物を隔離し対症療法を行ったが、大半はしばらくすると症状が再発し、重症化して死亡した。診断と検討のため、異なる所有者のウマ3頭とラバ2頭から血清試料と組織試料を採取した。1頭のウマ(L/157)はLalitpur地区から、残り4頭のウマ科動物はBanke地区(B/113、B/115、B/117、B/120)からやって来た。これら5頭のウマ科動物由来の血清を5つの異なる血清学的試験で分析した結果、ウマ2頭とラバ1頭が全ての試験で陽性を示した。またこれら5頭の鼻スワブと膿スワブを採取し、4つの異なるPCRシステムに用いた結果、すべての血清学的検査で陽性であった3頭のウマ科動物(L/157、B/113、B/120)では2つのPCRシステムで陽性シグナルを検出した。さらに、これら3つのPCR陽性試料から <i>B. mallei</i> 株の遺伝子型を同一システム、近縁な分枝、亜分枝へと分類した結果、全ての試料はインドとパキスタンで広まっている <i>B. mallei</i> 株が含まれるL2B2sB2分枝と一致した。また、4つの新しいSNPマーカーを用いた分析では、3つのPCR陽性試料が全てこれまで分類されたほとんどのインド株と同じグループにクラスター化した。2021年5月、ネパールは初めての鼻疽の発生をOIEに報告した。疫学調査はインド-ネパール間の解放された国境を通じたウマ科動物の管理されていない輸入や、ネパール極西部からインドのUttar Pradesh地域へ戻るウマとラバの季節性の移動を示している。この疾患の予防と抑制のための政策は実施されておらず、国家サーベイランスプログラムと強化された国境管理措置を促進すべきである。</p>