

過去最大規模の高病原性鳥インフルエンザの発生

(2022年～2023年シーズンにおける高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書より)

2022 年～2023年シーズン（以下「今シーズン」という。）の高病原性鳥インフルエンザは、家きん飼養農場において、2022年10月28日に国内1例目が確認されてから翌年4月7日の最終発生までの間に26道県84事例の発生が確認され、約1,771万羽が殺処分対象となるとともに、野鳥においても計242例の感染が確認され、過去最大規模の発生となりました。

家きんにおける発生状況

今シーズンの初発事例は2022年10月28日の岡山県の採卵鶏農場及び北海道の肉用鶏農場における発生であり、過去最も早い発生となりました。その後、翌年4月7日までに採卵鶏、肉用鶏、肉用種鶏、あひる（あいごを含む）、うずら、だちょう（エミューを含む）及びほろほろ鳥を飼養する農場・施設で計84事例（H5N1が83事例、H5N2が1事例）の発生が確認され、約1,771万羽の家きんが殺処分対象となりました。本疾病は、

過去に2016年～2017年と2017年～2018年の2シーズン連続の発生が確認されたことはありましたが、今回は2020年～2021年シーズンから数えて、初めて3シーズン連続の発生となりました。

中国地方及び北海道での発生に始まり、四国地方、関東地方、近畿地方、九州地方、北陸地方、東北地方そして東海地方と発生が続き、最終的に北海道から沖縄まで計26道県で発生が確認されました(特1-1図)。発生都道府県数、事例数、殺処分数のいずれも過去最大規模の発生となりました。北海道、群馬県、千葉県、新潟県、愛知県、滋賀県、岡山県、広島県、香川県、福岡県、鹿児島県の11道県においては、3km圏内で複数の発生が認められ、近隣の農場間での感染が起こった可能性が否定できません。過去に発生を経験している農場における再発生事例も見られました。

発生農場を用途別に見ると、採卵鶏が61例で最も多く、このうち10例は50万羽以上の大規模農場における発生であり、これら

大規模採卵鶏農場における殺処分羽数が、全体の殺処分羽数のうちの54%を占めました。既存の農場情報を用いて、採卵鶏農場における発生割合と肉用鶏農場における発生割合を比較した結果、採卵鶏農場は肉用鶏農場よりも発生が多い傾向が見られました。また、採卵鶏農場と肉用鶏農場のそれぞれについて、発生農場とその近隣の非発生農場の飼養規模を比較した結果、採卵鶏農場では、発生農場における飼養規模が非発生農場より大きい傾向が見られました。

発生農場の周辺環境については、これまでと同様、農場のすぐそば又は近隣に渡り鳥が渡来する可能性のあるため池、川、水路、水田等がある事例が多く、海岸に近い事例も見られました。また、周辺に雑木林等の野鳥を含む野生動物の生息に適した環境のある発生農場も多く、発生時に実施された農場の疫学調査においても、農場敷地内や周辺の雑木林等においてカラス等の野鳥の存在や野生動物の痕跡が多く確認されています。農場周辺又は農場敷地内におい

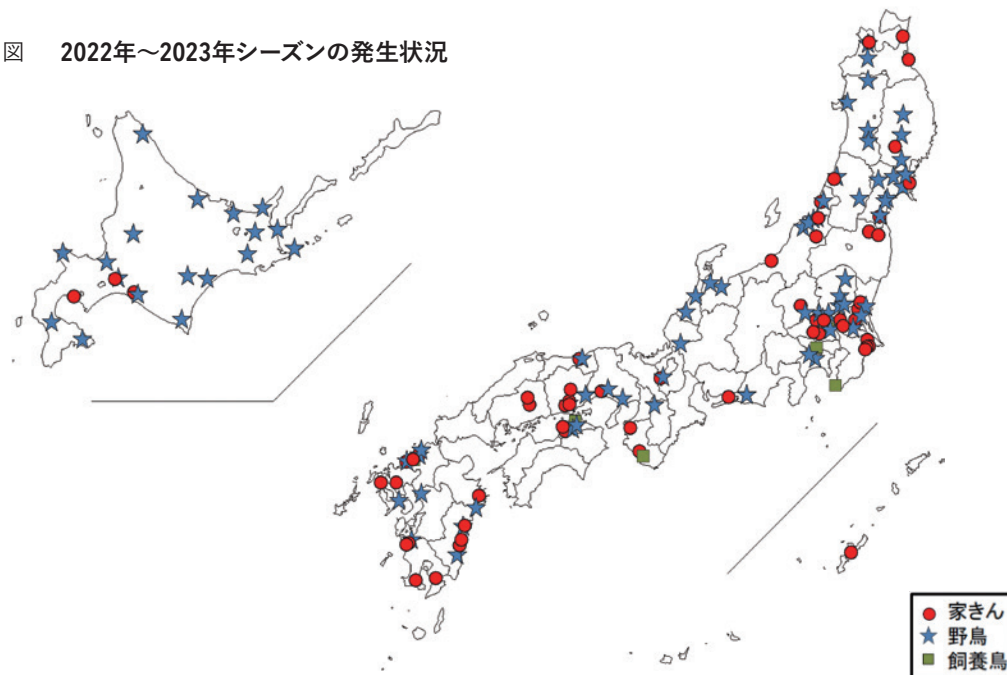
て発見された死亡カラスから高病原性鳥インフルエンザウイルスが検出された事例もあり、カラス類が感染源となった可能性も考えられています。

また、鶏以外の家きんでの発生も多く確認され、ほろほろ鳥など鶏以外の家きん種における発生事例が全体の13%を占めました。なお、展示施設等における家きん以外の飼養鳥での発生についても、6都県10例での発生が確認されました。

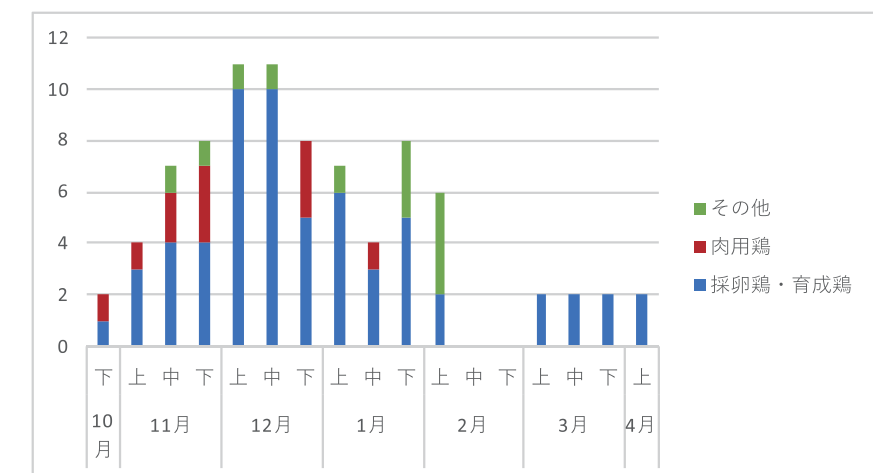
特1-1表 用途毎の発生事例数

用途	事例数
採卵鶏（育成含む）	61
肉用鶏	11
肉用種鶏	1
あひる	7
うずら	1
エミュー	2
ほろほろ鳥	1
合計	84

特1-1図 2022年～2023年シーズンの発生状況



特1-2図 家きんにおける月毎の発生件数



野鳥における発生状況

今シーズンの野鳥における高病原性鳥インフルエンザウイルス感染は、2022年9月25日に神奈川県で回収されたハヤブサで最初に確認されました。野鳥等における感染が確認された都道府県は北海道から鹿児島まで28道県にわたり、このうち19道県では家きんにおける発生も確認されました。

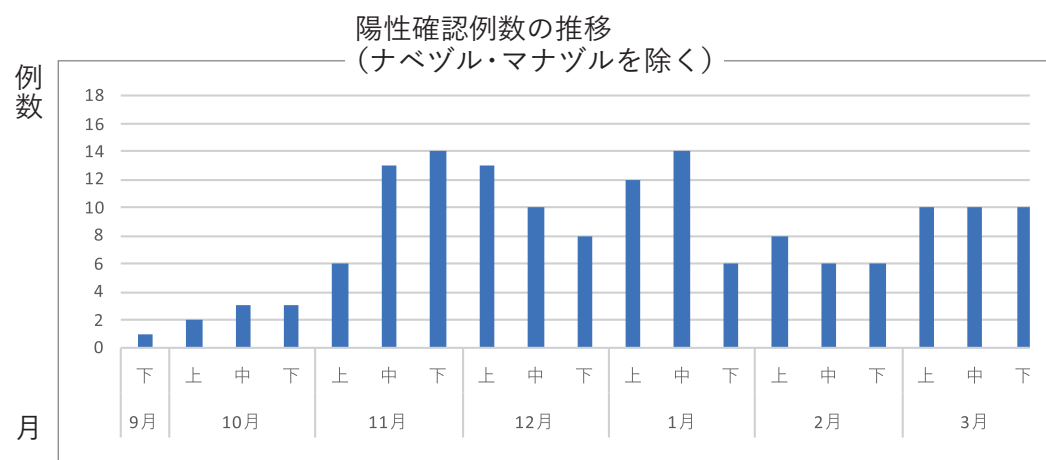
県別では、242例中79例が鹿児島で確認されていますが、これは出水市のツル類における大規模な感染が起こったことに加え、ツル類のねぐらで定期的なウイルス監視を行っていることによるものと考えられます。

種類別では、カモ類（ハクチョウ類、ガン類、カモ類）が8種39例、カモ類以外の水鳥

類が8種79例、猛きん類が7種28例、カラス類3種72例を含む合計26種242例と、鳥種、例数ともにこれまでの最大規模となりました。9月の初発例が留鳥の猛きん類であるハヤブサであったことや、10月に他県でも猛きん類の感染が複数確認されたことから、秋の渡りの時期の初期には、猛きん類の捕食対象となる野鳥等にある程度感染が広がっていたことが推察されています。また、昨シーズンに続きカラスからの検出例が多く認められ、これまで以上に家きんへの感染源としてのカラス類の存在が注目されました。

なお、野鳥以外の野生動物では、北海道で死亡したキタキツネの陽性事例が報告されました。

特1-3図 野鳥における陽性確認例数の推移



発生時の防疫対応

家きん農場における高病原性鳥インフルエンザの発生時には、「高病原性鳥インフルエンザ及び低病原性鳥インフルエンザに関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和2年7月1日付け農林水産大臣公表）を踏まえ、都道府県と農林水産省、関係省庁、独立行政法人家畜改良センター、関係機関・団体、市町村、自衛隊等が協力して、発生農場における飼養家きんの殺処分や死体の埋却等の防疫措置が実施されました。

一連の作業においては、都道府県の家畜衛生担当部局以外の部局や市町村、JAをはじめとする農業関係団体、建設業関係団体、炭酸ガス供給業者、衛生害虫対策業関係団体、ホームセンター等の資材供給業者等の積極的な協力が得られ、また、人員の派遣や防疫資材の提供等、都道府県間の協力も得られた結果、迅速かつ円滑に進められました。

今シーズンは過去最大規模の発生となりましたが、これらの取り組みにより、防疫措置完了までに平均日数は、2020年～2021年シーズンは11.0日であったのに対し、今シーズンは7.1日であり、特に50万羽以上の規模の農場において2020年～2021年シーズンは28.0日であったのに対し、今シーズンは19.6日と過去シーズンと比較して迅速な防疫措置が行われました。加えて、速やかに病性を判定し、防疫措置を開始するため、発生道県が実施した病性鑑定結果の確認や確定検査について国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構動物衛生研究部門が24時間体制で対応しました。

2023年4月7日の北海道の採卵鶏農場での発生事例以降新たな発生はなく、すべての防疫措置は同月14日に完了し、本事例を含むすべての移動制限措置は5月6日に解除されました。このことを踏まえ、我が国は5月13日を開始日として高病原性鳥インフルエンザ清浄国に復帰しました。



写真提供：鹿児島県

分離されたウイルスの性状

家きんでの発生事例において分離された全ての高病原性鳥インフルエンザウイルスについて、HA遺伝子分節のゲノム解析を行った結果、2020年シーズンの欧州株、2021年シーズンの欧州株及び2021年シーズンの西シベリア・中国分離株に近縁な3つのグループ（20E、21E及び21RC）に分類され、さらに8本の遺伝子分節の全ゲノム解析の結果から、その組み合わせによる遺伝子型に分類すると、20Eが2種類、21Eが4種類、21RCが11種類の計17種類のウイルスが侵入したことが明らかとなりました（特1-4図）。

20E、21RC及び21Eグループのウイルスは、今シーズンに日本国内で野鳥から分離されたウイルスと近縁であることが示されました。また、21RC及び21Eグループについては、今シーズン、国外の野鳥又は家きんから分離されたウイルスとも近縁であることが示されました。一部のウイルスは、昨シーズンの家きん発生事例由来のウイルスと8つの遺伝子分節の由来が全て一致していましたが（特1-5図）、ウイルスの環境中での生存が困難であること、ウイルスの循環・維持に關与する渡り鳥がいない夏季（2022

年5月から9月中旬）にウイルスの検出がなかったことから、昨シーズンのウイルスが国内の野鳥や家きんの間で維持されていた可能性は低いと考えられ、これらのウイルスが夏季に国外の渡り鳥の繁殖地に運ばれた後、今シーズン渡り鳥の飛来と共に再び国内に持ち込まれた可能性が考えられました。これら3グループのウイルスは日本にほぼ同時に侵入し、日本全国においてある程度の期間、維持・拡散したと考えられます。

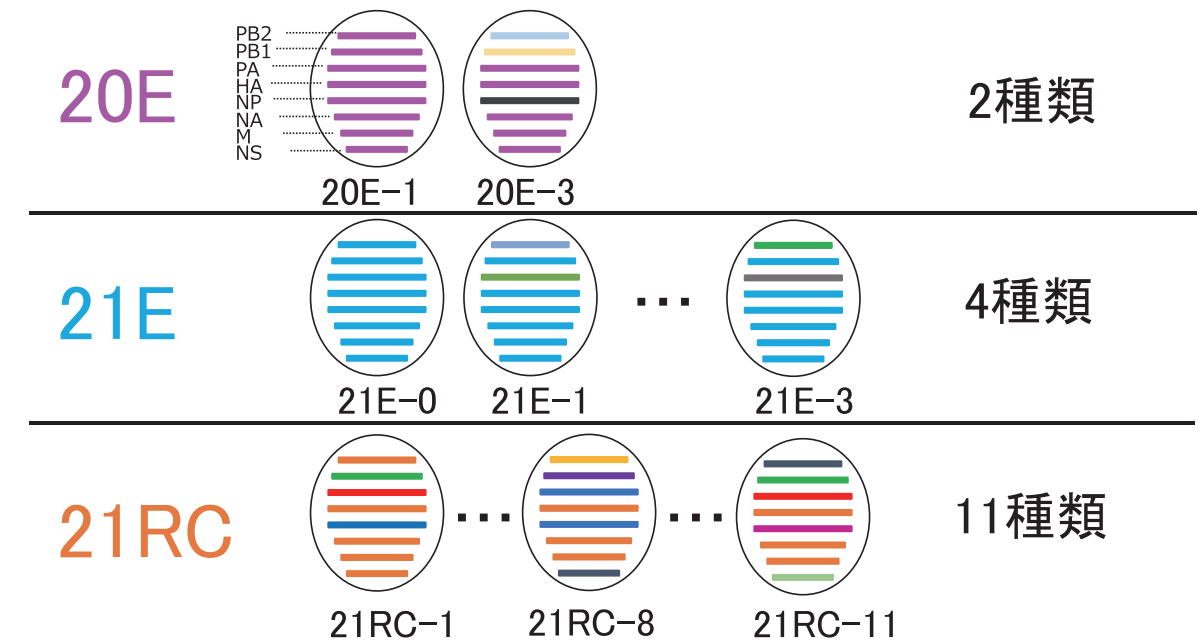
ウイルスの病原性については、今シーズンは今までになく多様な遺伝子型のウイルスが複数国内に侵入し、いずれも鶏の接種試験では感染が成立した場合の致死率は100%でしたが、死亡までの時間や感染の広がりやすさには違いが見られました。

世界各地での発生状況や多様なウイルスが出現している現状を踏まえると、我が国における高病原性鳥インフルエンザの発生リスクは依然として高い状況と考えられます。

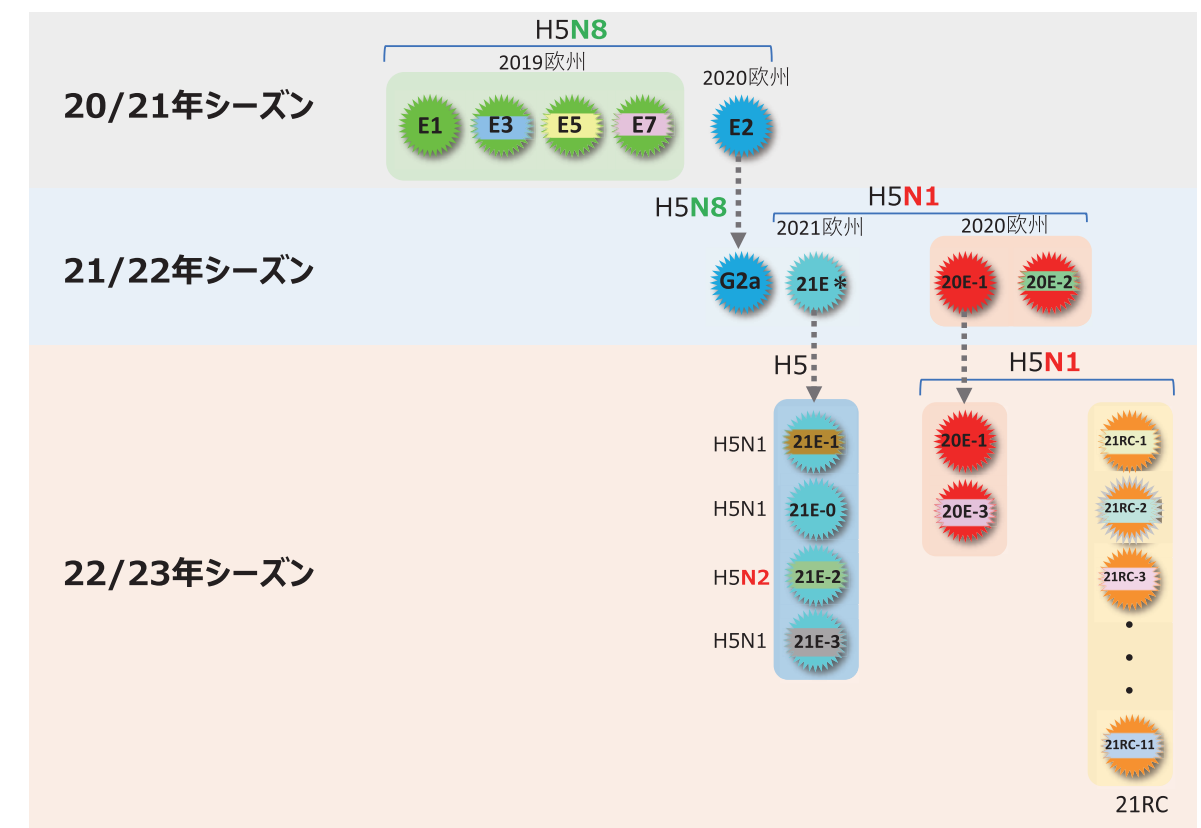
詳細は、2022年～2023年シーズンにおける高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書をご確認ください。

<https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/attach/pdf/220929-301.pdf>

特1-4図 8分節の遺伝子系統樹解析に基づく国内H5N1亜型及びH5N2亜型のHPAIVの遺伝的多様性



特1-5図 20/21年、21/22年、22/23年シーズン発生ウイルス遺伝子分節の組み合わせによる遺伝子型の推移



*21E=21E-0