

4シーズン連続で確認された 高病原性鳥インフルエンザ

(2023年～2024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)

2023 年～2024年シーズン（以下「今シーズン」という。）には、4シーズン連続となる高病原性鳥インフルエンザの発生がありました。野鳥での発生は昨シーズンに次ぐ発生数となった一方、家きんにおける発生は10県11事例にとどまりました。

家きんにおける発生状況

今シーズンは、2023年11月25日に佐賀県の採卵鶏農場で最初の発生事例が確認されました。2024年4月29日に最後の感染事例が確認されるまでに10県の採卵鶏、肉用鶏、肉用種鶏、あひる（あいがもを含む）及びがちょうを飼養する農場・施設で計11事例（H5N1亜型が10事例、H5N6亜型が1事例）の発生が確認され、約86万羽の家きんが殺処分対象となりました。過去最大規模となった前シーズンの26道県84事例の発生と比較すると発生事例数、殺処分対象羽数ともに少なかったものの、2020年～2021年シーズ

ン以降、我が国では初めて4シーズン連続の発生となりました。

九州地方（佐賀県）での発生以降、関東地方（茨城県、埼玉県、群馬県、千葉県）、九州地方（鹿児島県）、東海地方（岐阜県）、中国地方（広島県、山口県）、四国地方（香川県）と全国的に発生が見られました（図表特1-1）。一方、同一都道府県内で複数発生が確認されたのは鹿児島県の2例のみで、その2例についても発生農場間の距離は70km以上離れていました。これらの点から、発生農場から近接する農場に感染拡大した事例はなかったと考えられます。

経営別では採卵鶏が8例で最も多く、肉用鶏が1例、肉用種鶏が1例、その他が1例となりました。農場規模については群馬県で発生した5例目の約36万羽が最大で、その他の事例については10万羽未満の規模でした。前シーズンの発生では採卵鶏における発生61事例中4例は100万羽を超える大規模農場における発生でしたが、今シーズンはそうした大規模農場での発生はありませんでし

た。これまでと同様、多くの発生農場の周辺にカモ類等の水鳥が飛来する可能性のあるため池、河川・水路、水田等を認めたほか、周辺にカラス等の野鳥や野生動物の住みかとなる雑木林がある農場も多く見られました。農場周辺又は農場敷地内で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。

いずれの事例も国・県、関係機関・団体・市町村・自衛隊等が協力して迅速な防疫対応を行い、全ての防疫措置は2024年5月4日に完了し、同月26日には全ての移動制限措置が解除されました。この結果、6月2日付けで日本は高病原性鳥インフルエンザの清浄国への復帰を国際獣疫事務局に宣言しました。

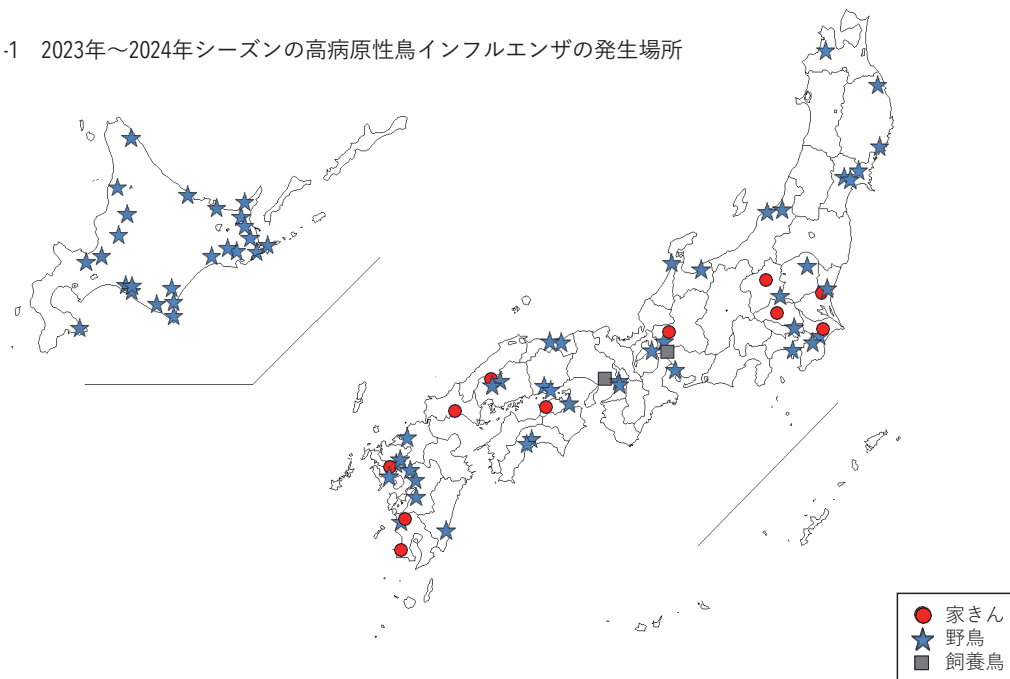
野鳥における発生状況

野鳥における高病原性鳥インフルエンザウイルス感染については、2023年10月4日に

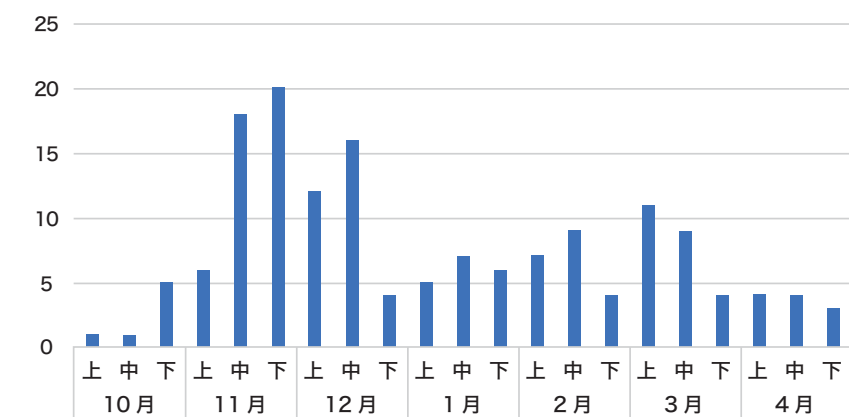
北海道美唄市で回収されたハシブトガラスにおける感染が最初の報告となりました。次いで、10月18日には北海道釧路市で回収されたノスリで確認され、その後、2024年4月30日に北海道札幌市で回収されたハシブトガラスでの確認まで、28道府県64市区町、156例で野鳥等における発生が確認されました。156例には回収された野鳥の死体のほか、カモ類等の糞便5例、環境試料（水）8例、オオクロバエ1例が含まれます。ウイルス型は、H5N1亜型が123例、H5N5亜型が31例、H5N1亜型とH5N5亜型の同時検出が1例、H5N6亜型が1例でした。

また、発生時期については、10月上旬から発生が始まり、11月中旬から12月中旬の最初のピークの後、2月中旬から3月中旬に次のピークが認められました（図表特1-2）。これらのピークは、日本では秋の渡りにより冬鳥が国内に到着する時期と、春の渡りで越冬地から繁殖地に移動する時期と一致しています。野鳥の種別では、カモ類が8種38例、カモ類以外の水鳥類が5種14例、猛さん類が7種20例、カラス類が3種74例となりました。

図表特1-1 2023年～2024年シーズンの高病原性鳥インフルエンザの発生場所



図表特1-2 野鳥における感染例数の推移



分離されたウイルスの性状

今シーズンの家きんにおける発生事例11例中、1例（9例目）はH5H6亜型、それ以外の10例ではH5N1亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルスが分離されました。家きんでの発生事例の全てについて、高病原性鳥インフルエンザウイルスのHA遺伝子分節のゲノム解析を行った結果、いずれもClade2.3.4.4bに属していました。また、H5N1亜型のHA遺伝子は、2021-2022年欧州分離株に近縁なグループ（G2d）、H5N6亜型のHA遺伝子は2021年西シベリア及び中国中南部分離株に近縁なグループ（G2c）の2つのグループに分類されました。一方、野鳥のみで検出されたH5N5亜型のHA遺伝子は2020 - 2021年欧州分離株に近縁なグループ（G2a）とG2dグループの2つに分類されました。

さらに、8本の遺伝子分節の組み合わせに基づいて分類したところ、家きんでの発生事例から検出された2つのグループはそれぞれG2d-0とG2c-12に分類されました。また、

野鳥・環境に由来する高病原性鳥インフルエンザウイルスについては、家きんで検出された2種類の遺伝子型に加え、G2a-2及びG2d-4に分類されるウイルスが検出されました。したがって、今シーズンはG2a-2、G2d-0、G2d-4及びG2c-12の計4種類の遺伝子再集合ウイルスが国内に侵入したことが明らかになりました（図表特1-3）。

家きんの発生のほとんどの事例で検出されたG2d-0のウイルスは、2021年～2022年シーズンおよび2022年～2023年シーズンの家きん発生事例でも検出されていますが、前シーズンに流行していたウイルスが、気温が上昇する夏の間に野鳥や家きんで維持されていた可能性は低いことなどから、今シーズンに流行したウイルスは、渡り鳥によって新たに国内に侵入した可能性が高いと考えられています。

また、G2c-12ウイルスは、野生水きん類の間で循環する鳥インフルエンザウイルス由来の遺伝子分節を保有していたことから、渡り鳥の北帰行の際にG2cのウイルスがシベリ

アの繁殖地や中継地に持ち込まれ、これらの地点で渡り鳥の間で流行した結果、水きん類で流行するウイルスとの間で遺伝子再集合を起こしたことによって生じたと考えられます（図表特1-4、図表特1-5）。

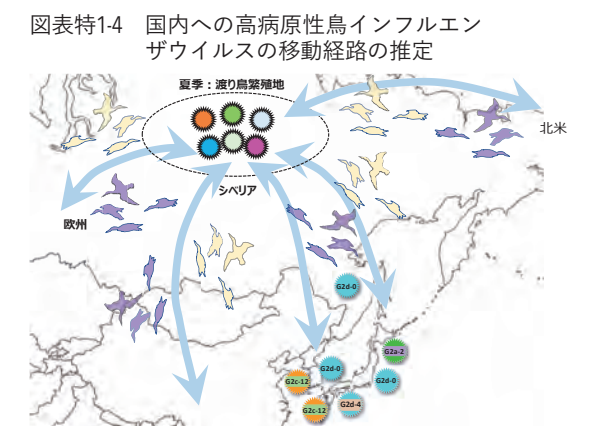
なお、3か所の家きん発生事例の農場敷地内や農場近くで死亡していたカラス類、ハエを含む環境材料、農場の発生鶏舎とは別の鶏舎で死亡していたクマネズミから得られた鳥インフルエンザウイルスは、それぞれの発生農場の家きん由来H5N1亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスと極めて高い一致率を示しました。このことは、これらの動物が農場へのウイルスの侵入要因となった可能性を示す一方、農場での発生により、発生農場内や周辺の野鳥や小動物が感染した可能性が考えられます。

今シーズンの家きんの発生事例で検出された2つの遺伝子型のウイルスを高い濃度で鶏に接種すると、いずれのウイルスも感染した個体は全て死亡しました。発生事例では時間の経過とともに死亡羽数が増加する

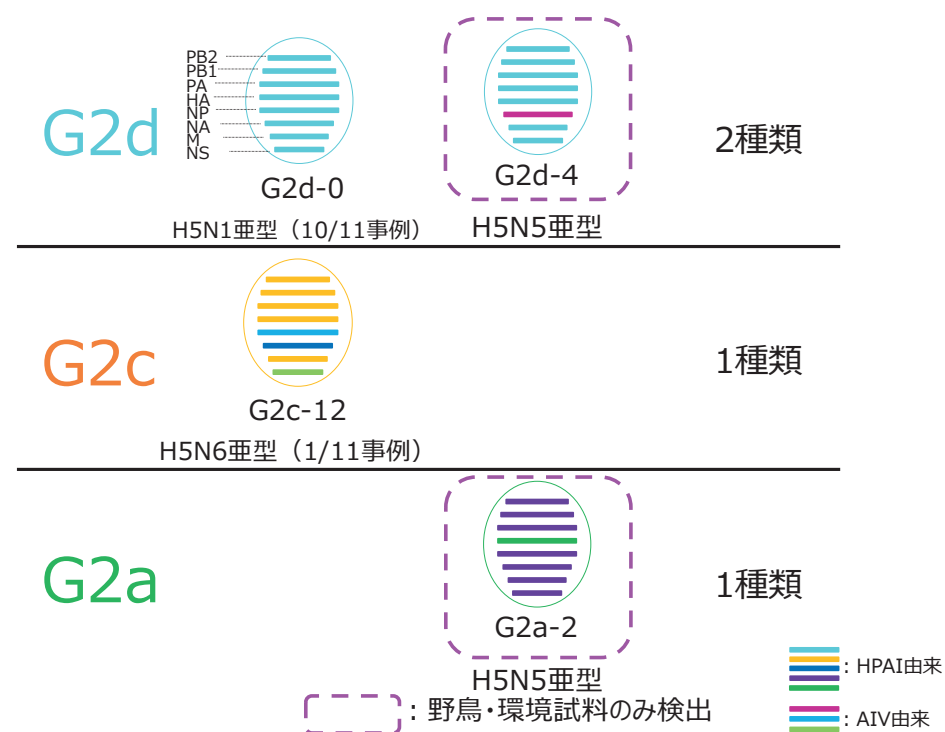
などの所見が見られ、死亡羽数の増加が高病原性鳥インフルエンザ疑いの早期発見・早期通報のための有効な指標であると考えられました。

詳細は2023年～2024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。

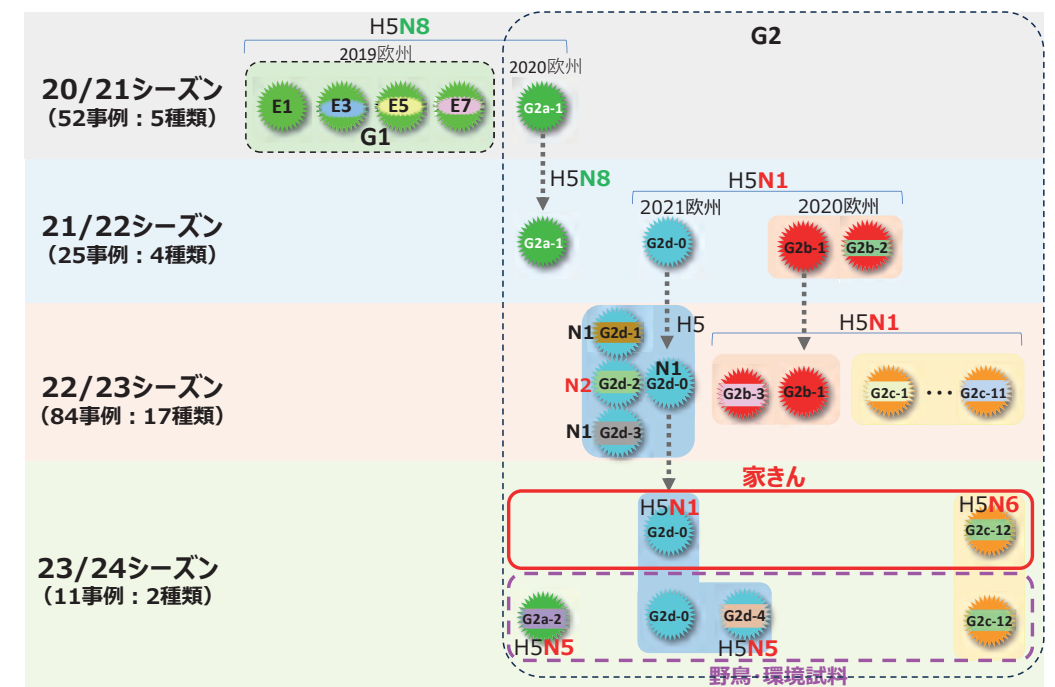
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/attach/pdf/r5_hpai_kokunai-153.pdf



図表特1-3 2023年～2024年シーズン8分節の遺伝子系統樹解析に基づく国内のH5N1亜型、H5N5亜型及びH5N6亜型のHPAIVの遺伝的多様性



図表特1-5 2020年～2021年から2023年～2024年シーズン発生ウイルス遺伝子分節組み合わせによる遺伝子型の推移



出典：令和2年度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
2021年～2022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
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
2023年～2024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