

平成 28 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

平成 29 年 6 月 29 日
高病原性鳥インフルエンザ
疫 学 調 査 チ ム

<目 次>

1. はじめに.....	5
2. 平成28年度における高病原性鳥インフルエンザの発生及び対応の概要.....	6
1) 発生及び対応の概要.....	6
2) 関係機関との連携及び民間団体等の協力.....	7
3. 平成28年度における高病原性鳥インフルエンザの発生の特徴.....	8
1) 海外における高病原性鳥インフルエンザの発生状況.....	8
(1) 近隣諸国における高病原性鳥インフルエンザ（H5N6亜型、H5N8亜型）の発生状況	8
(2) 高病原性鳥インフルエンザ（H5N8亜型及び関連亜型）の発生経緯.....	10
(3) 中国における高病原性鳥インフルエンザ（H7N9亜型）の発生状況.....	11
2) 発生農場周辺における野鳥の調査.....	13
(1) 調査方法.....	13
(2) 調査結果.....	14
3) 2016年～2017年の野鳥等における高病原性鳥インフルエンザの感染状況.....	17
(1) 野生鳥類及び飼育下感染の概要.....	17
(2) 感染の確認された種.....	18
(3) 確認例数の推移.....	21
(4) 感染事例の集中地.....	21
(5) 感染の確認と鳥の渡り.....	24
(6) 2010～2011年との比較.....	25
4) 分離されたウイルス株の特徴.....	27
(1) ウイルス遺伝子の解析.....	27
(2) ウイルスの病原性について.....	34
4. 発生事例の詳細.....	38
1) 青森県1例目（青森市）の事例.....	38
(1) 概要.....	38
(2) 経緯.....	38
(3) 発生時の状況.....	38
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	39
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	40
(6) 疫学サンプル.....	41
2) 新潟県1例目（関川村）の事例.....	43
(1) 概要.....	43
(2) 経緯.....	43
(3) 発生時の状況.....	43
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	44
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	45
(6) 疫学サンプル.....	46

3) 新潟県2例目 (上越市) の事例.....	48
(1) 概要.....	48
(2) 経緯.....	48
(3) 発生時の状況.....	48
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	49
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	50
(6) 疫学サンプル.....	51
4) 青森県2例目 (青森市) の事例.....	53
(1) 概要.....	53
(2) 経緯.....	53
(3) 発生時の状況.....	53
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	53
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	55
(6) 疫学サンプル.....	56
5) 北海道 (清水町) の事例.....	58
(1) 概要.....	58
(2) 経緯.....	58
(3) 発生時の状況.....	59
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	59
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	61
(6) 疫学サンプル.....	61
6) 宮崎県1例目 (川南町) の事例.....	63
(1) 概要.....	63
(2) 経緯.....	63
(3) 発生時の状況.....	63
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	64
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	65
(6) 疫学サンプル.....	66
7) 熊本県 (南関町) の事例.....	68
(1) 概要.....	68
(2) 経緯.....	68
(3) 発生時の状況.....	68
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	69
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	71
(6) 疫学サンプル.....	72
8) 岐阜県 (山県市) の事例.....	74
(1) 概要.....	74
(2) 経緯.....	74
(3) 発生時の状況.....	74

(4) 発生農場に関する疫学情報.....	75
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	76
(6) 疫学サンプル.....	77
9) 宮崎県2例目（木城町）の事例.....	79
(1) 概要.....	79
(2) 経緯.....	79
(3) 発生時の状況.....	79
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	80
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	81
(6) 疫学サンプル.....	82
10) 佐賀県（江北町）の事例.....	84
(1) 概要.....	84
(2) 経緯.....	84
(3) 発生時の状況.....	84
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	85
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	86
(6) 疫学サンプル.....	88
11) 宮城県（栗原市）の事例.....	90
(1) 概要.....	90
(2) 経緯.....	90
(3) 発生時の状況.....	90
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	91
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	92
(6) 疫学サンプル.....	93
12) 千葉県（旭市）の事例.....	96
(1) 概要.....	96
(2) 経緯.....	96
(3) 発生時の状況.....	96
(4) 発生農場に関する疫学情報.....	96
(5) 野鳥等の野生動物対策.....	98
(6) 疫学サンプル.....	99
5. 総合的考察.....	101
1) 発生の概要.....	101
(1) 発生農場の特徴.....	101
(2) 分離ウイルスの特徴.....	101
2) 国内への侵入時期・経路.....	105
3) 農場・家きん舎への侵入.....	106
(1) 侵入時期.....	106
(2) 侵入経路.....	107

4) 平成28年度の発生における我が国の防疫対応.....	108
(1) 防疫体制の構築.....	108
(2) 発生時の対応.....	108
(3) まとめ.....	109
6. 提言.....	110
(1) 人・車両、野鳥を含む野生動物を介したウイルスの農場内及び家きん舎内 への侵入防止	110
(2) 水際検疫における携帯品等を介したウイルスの侵入防止.....	112
(3) 国内の研究体制及び国際的な協力関係の強化.....	112
(4) 迅速で的確な初動対応.....	112
<引用文献>.....	114
<参考資料>.....	117
参考1：「2. の1) 発生及び対応の概要」関連.....	117
参考2：「3. の1) 海外における高病原性鳥インフルエンザの発生状況」関連	119
参考3：「5. 総合的考察」関連.....	126
参考4：「6. 提言」関連.....	127

1. はじめに

2016年（平成28年）11月28日、H5N6亜型のウイルスによる高病原性鳥インフルエンザが青森県下で発生した。本亜型のウイルスによる発生は我が国では初めてであったが、高病原性鳥インフルエンザの国内発生としては、2014年12月から翌年1月にかけて発生したH5N8亜型のウイルスによる流行以来、およそ2年ぶりのことであった。その後、本年3月までの約4か月間に、青森でさらに1例、新潟及び宮崎で各2例、北海道、熊本、岐阜、佐賀、千葉、宮城で各1例の合計12例の発生が確認された。

世界的に見れば、1996年中国広東省に突如出現したH5N1亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルスは、20年が経過した今も尚、一部の国々で終息が望めない状況のまま流行が繰り返されている。また一方では、そのH5N1亜型のウイルスとの遺伝子再集合体と考えられるH5N2、H5N6あるいはH5N8亜型のウイルスの出現のほか、2013年から中国本土で人への感染を続けているH7N9亜型のウイルス等も含め、鳥インフルエンザの流行状況は、近年ますます多様化の様相を呈している。

今回、初の国内発生の原因となったH5N6亜型のウイルスは、2013年に中国江蘇省で初めて検出され、その後翌2014年にはすでに中国国内に広く蔓延していたと考えられている。そのため我が国においても、特に野鳥の秋の渡りのシーズンには他のH5亜型のウイルス同様、その国内侵入に一層の警戒を強めていたところであった。

そのような状況下で、2016年10月28日、まず韓国において先に、野鳥の糞便からH5N6亜型のウイルスが検出され、それが瞬く間に全国に広がって、合計発生件数383件、殺処分羽数3,787万羽を数える過去最大規模の流行となった（平成29年5月末時点）。一方、我が国においても、野鳥等においては過去最多となる218例の発生が確認された。このことは、この時期、我が国にも韓国と同様に、家きん農場への極めて高い、本ウイルスの侵入リスクが存在していたことを示している。

そこで今回の家きん農場における国内発生12事例について、発生原因の究明を目的として、専門家からなる「高病原性鳥インフルエンザ疫学調査チーム」が直ちに編成された。発生農場及びその周辺環境を含めた現地調査や関係者からの聞き取り調査等、さらには分離されたウイルスの遺伝子解析や感染試験等を含む性状検査が実施された。また、我が国に先行して発生していた中国や韓国、台湾の流行状況についても、そのウイルスの遺伝子性状、疫学情報、野鳥の調査状況等の情報を収集したところである。それら一連の情報の分析結果を踏まえて、今回報告書の取りまとめを行うこととした。

本報告書ではウイルスの農場内侵入ルート等の可能性の絞り込みとともに今後の発生予防対策についての提言をさせていただいた。これまでの諸外国の流行状況から、来シーズンも我が国への新たなウイルスの侵入リスクは依然として高いと言わざるを得ないが、本調査結果が今後の我が国の高病原性鳥インフルエンザ防疫対策の更なる強化に繋がることを期待するものである。

最後に、本報告書の作成に当たりご尽力いただいた疫学調査チーム委員諸氏並びに発生時に防疫対応に当たられた関係者及び現地調査にご協力いただいた関係各位に深謝申し上げたい。

平成29年 6月 29日

高病原性鳥インフルエンザ疫学調査チーム座長 伊藤壽啓
国立大学法人鳥取大学農学部共同獣医学科獣医公衆衛生物学分野教授

2. 平成28年度における高病原性鳥インフルエンザの発生及び対応の概要

農林水産省消費・安全局動物衛生課

1) 発生及び対応の概要

高病原性鳥インフルエンザ（以下「本病」という。）については、我が国においては、平成27年（2015年）2月以降、発生がなかったが、平成28年度には、6月にロシアで水鳥からH5亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルス（以下「本病ウイルス」という。）が、8月に米国アラスカ州でマガモからH5N2亜型の本病ウイルスが検出された。このため、農林水産省は、平成28年（2016年）9月、都道府県あて通知を発出するとともに、都道府県の家畜衛生担当者を参考した全国会議を開催し、本病対策に万全を期すよう注意喚起を行った。

また、同年10月以降、欧州、韓国等において、家きん及び野鳥で本病ウイルスが検出されたこと、さらに、11月18日には鹿児島県出水市で採取された水（ツルのねぐらの水）からH5N6亜型の本病ウイルスが検出されたことから、それについて、環境省とも情報を共有し、改めて全国への注意喚起を行った。

このような中、11月28日、青森県青森市のあひる農場（飼養羽数約1.8万羽）において本病の発生が確認され、翌29日には、新潟県関川村の採卵鶏農場（約31万羽）においても発生が確認された。この時点で、韓国では、11月16日から21までの間に、H5N6亜型による本病の発生が家きんでは14件確認（11月24日付で国際疫事務局（OIE）に通報）されており、我が国においても、11月18日以降、岩手県、秋田県、鳥取県及び鹿児島県において、前述のツルのねぐらの水も含めて、野鳥、展示鳥類等から本病ウイルスの検出事例が19件確認されていた。

その後、11月30日に新潟県上越市の採卵鶏農場（約24万羽）で発生が確認されると、12月に4件（青森県青森市のあひる農場（約4.7千羽）、北海道の採卵鶏農場（約28万羽）、宮崎県川南町の肉用鶏農場（約12万羽）、熊本県の採卵鶏農場（約9.2万羽））、翌年1月に2件（岐阜県の採卵鶏農場（約8.1万羽）、宮崎県木城町の肉用鶏農場（約17万羽））、2月に1件（佐賀県の肉用種鶏農場（約7.1万羽））、3月に2件（宮城県の採卵鶏農場（約22万羽）、千葉県の採卵鶏農場（約6.2万羽））の発生が確認された。平成28年度の我が国の家きんにおける本病の発生事例は、計12例（9道県、約166.7万羽）となったが、迅速な初動対応を含めた防疫措置が講じられた。

一方、非発生都府県においても、家きん飼養農場をはじめとする関係者に対し国内外における本病の発生状況について情報提供を行うとともに、発生予防対策の助言・指導、消石灰等による緊急消毒を実施し、防疫体制の強化が図られた。

全国において、本病に対する厳格な防疫対策が講じられたことにより、本年6月28日、OIEの陸生動物衛生規約に基づき、我が国は高病原性鳥インフルエンザの清浄国に復帰した。

2) 関係機関との連携及び民間団体等の協力

今回の家きんでの9道県における発生に際して、農林水産省と発生道県は、政務レベルも含めて密接に連絡を取り、感染拡大防止に向けて連携を確認するとともに、現地対策本部に農林水産省から職員が派遣された。また、国段階においては、鳥インフルエンザ関係閣僚会議及び関係府省庁連絡会議が開催され、総理指示の下、関係府省庁間の連携が確認された。

具体的な防疫措置については、発生道県の関係機関・団体、市町村が協力して実施された。青森県の2例を除く全ての事例について、自衛隊の災害派遣が実施された。また、農林水産省（地方農政局等・県域拠点、動物検疫所等）、独立行政法人家畜改良センター及び他都道府県から、防疫措置従事者の派遣、防疫資材の提供等が行われた。

このほか、建設業界等から、人員の派遣、大型重機の供給等が行われるとともに、消毒ポイントにおける車両消毒の実施に当たっては、市町村、ペストコントロール協会等の関係者からの協力があった。

加えて、迅速な防疫対応の開始のために、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時間体制で都道府県における検査結果の確認や確定検査の実施に当たった。

3. 平成28年度における高病原性鳥インフルエンザの発生の特徴

1) 海外における高病原性鳥インフルエンザの発生状況

農林水産省消費・安全局動物衛生課

(1) 近隣諸国における高病原性鳥インフルエンザ（H5N6亜型、H5N8亜型）の発生状況

近隣諸国におけるH5N6亜型の高病原性鳥インフルエンザ（以下「本病」という。）は、2014年（平成26年）に中国、ラオス及びベトナムで初めて発生が確認され、その後2015年（平成27年）4月には香港の野鳥でもウイルスが検出された。2016年（平成28年）10月以降、韓国及び日本の家きんや野鳥においても、初めて本病が確認されている。

ア. 韓国[1, 2]

2016年10月28日、忠清南道（ちゅうせいなんどう）天安（ちよなん）市の鳳岡川で採取された野鳥の糞便から、H5N6亜型ウイルスが検出された。その後も全国の広い範囲で野鳥の検体からH5N6亜型ウイルスが検出されており、韓国では同冬、野鳥において、52件の検出事例が確認されている（2017年5月12日現在）。

2016年11月16日、忠清北道（ちゅうせいほくどう）陰城（うむそん）郡の肉用あひる農場及び全羅南道（ぜんらなんどう）海南（へなむ）郡の採卵鶏農場で、H5N6亜型の本病の発生が確認された。家きんにおける発生も全国の広い範囲で見られ、12月をピークとして3月までに343件（鶏198件、あひる136件、うずら等8件、混合飼育1件）の発生が報告されている（図1）。

韓国で分離されたウイルスは、遺伝子解析の結果、中国で流行しているH5N6亜型ウイルスのうち、広東省の生鳥市場のあひるから2016年1月に分離されたG1.1.9型と最も類似し、中国のH5N6亜型ウイルスと98.42～99.93%の相同性を有し、同じ遺伝子型であることが示された。

なお、韓国では、2016年12月以降、野鳥からのH5N8亜型ウイルスの検出が13件報告されている。家きんにおいては、2017年2月6日に全羅北道（ぜんらほくどう）の金堤（きむじえ）市の採卵鶏農場での発生以降、4月までに40農場（鶏16件、あひる23件、がちょう1件）でH5N8亜型の本病の発生が確認されている。韓国当局の発表によると、韓国で分離されたH5N8亜型ウイルスは、2016年半ばから2017年初頭にかけてロシア、インド、中国、欧州で分離されたH5N8亜型と同系統であり、一方、2014年から2015年にかけて韓国で分離されたウイルスとは系統が異なるとされており、野鳥を介して韓国国内に侵入したものと推定されている。

韓国においては、2017年4月4日以降、高病原性鳥インフルエンザ（H5N8亜型）の発生報告はなかったが、6月2日、済州島で初めてとなる発生が確認された。当局の調査により、本発生は生鳥市場から購入した地鶏によって伝播したものと推定され、出荷元農場である全羅北道の農場から移動した地鶏の追跡調査により、

全羅北道、農京畿道、釜山市、蔚山市、慶尚南道でも本病の発生が確認されている。

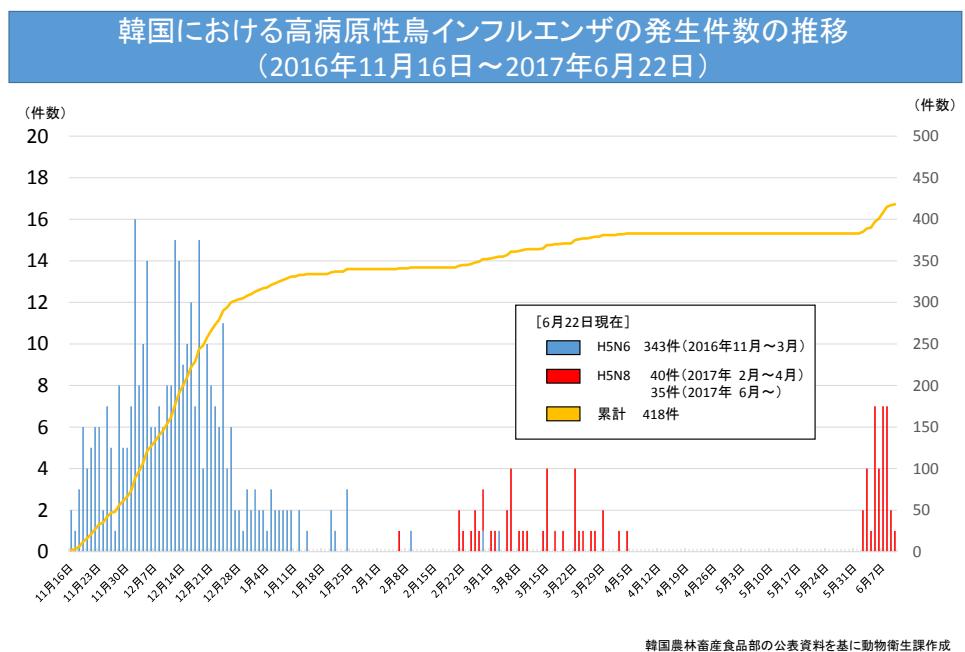


図1 韓国の家きんにおける高病原性鳥インフルエンザの発生件数の推移

韓国では、本病の発生農場、疫学関連農場及び発生農場から半径500m（管理区域）以内で飼養されていた家きん及び卵について殺処分・廃棄、施設の消毒、移動制限等の措置が講じられる。2016年11月から2017年4月までの発生事例（H5N6亜型及びH5N8亜型）に関連して、3,787万羽の家きんが殺処分された。

イ. 中国[3, 4]

2014年4月に四川省南充（なんじゅう）市の鶏農場においてH5N6亜型ウイルスによる本病の発生が確認された。遺伝子分析の結果、このウイルスは数か月以上前から中国に存在していたことが示唆された。文献によると、2013年12月に江蘇省鎮江（ちんこう）市の生鳥市場で採取された環境試料1件からのH5N6亜型ウイルスの検出が報告されている。また、2014年10月には、北東部の黒竜江省から南西部のチベット自治区まで計12省での発生が報告されており、この時点でH5N6亜型の本病ウイルスが中国国内に広くまん延していた可能性がある。その後も発生は継続し、これまでに42件の発生が確認されている。2016年10月以降は、5件の発生が確認されている。

なお、H5N8亜型について、2016年12月に山西省の野生のコブハクチョウで、また2017年1月には、湖北省の動物園のコクチョウから検出されたとの報告がある。

ウ. 台湾

2017年2月に花蓮（かれん）県の野生のガンからH5N6亜型ウイルスが検出され

た。家きんについては、2017年2月に花蓮県のあひる農場においてH5N6亜型ウイルスが確認され、これまでに13件が確認されている。

なお、台湾においては、2016年11月以降これまでに、H5N8亜型ウイルスによる家きんでの発生が19件確認されている。

エ. その他

2015年4月、香港では、元朗（げんろう）区の野生のハヤブサからH5N6亜型ウイルスが検出され、これまでに8件のH5N6亜型ウイルスが検出されている。

2016年10月以降では、元朗区においてオナガガモで2件及び九龍においてコウラウン1件でH5N6亜型ウイルスが検出されている。

2014年4月、ベトナムのランソン省の家きん農場においてH5N6亜型ウイルスによる本病の発生が確認されて以降、これまでに41件の発生が確認されている。

2016年10月以降では、家きんにおいて5件の発生が確認されている。

（2）高病原性鳥インフルエンザ（H5N8亜型及び関連亜型）の発生経緯

平成28年度、日本で確認されたH5N6亜型ウイルスによる本病のほかに、海外ではH5N8亜型を含むH5亜型の高病原性鳥インフルエンザが確認されている。

ア. 2014年1月以降[5]

2014年1月、韓国において、H5N8亜型ウイルスによる本病の発生が初めて確認された。韓国では、同年7月までに同亜型のウイルスによる本病の発生が212件確認された。

また2014年4月には、日本の熊本県において本病が発生した。

なお、アジア系統のH5N1亜型ウイルスに由来するH5N8亜型ウイルスが2010年に中国東部で検出されたとの報告がある。

イ. 2014年9月以降

2014年9月、中国遼寧省及びロシア・シベリア地域のサハ共和国の野鳥からH5N8亜型の本病ウイルスが分離された。

同じく9月には、韓国の家きんにおいてH5N8亜型ウイルスによる本病の発生が確認された（翌年6月まで162件）。アジア地域においてはその後、12月から翌年1月にかけて日本で発生、台湾においても1月に発生が確認されて以降継続的に発生が認められている。

欧州においては、2014年11月以降、ドイツ、オランダ、英国、イタリアで発生、翌年2月にはスウェーデン、ハンガリーでも発生が確認された。

北米では、2014年12月に米国ワシントン州の野鳥でユーラシア系統のH5N8亜型ウイルスが検出されたが、その後、渡り鳥の移動に伴い北米系統のウイルスとの遺伝子再集合と推定されるウイルス（H5N2亜型ウイルス）による発生が、西海岸地域（ワシントン州、オレゴン州、アイダホ州、カリフォルニア州）、そして中

部（ミネソタ州、ミズーリ州、カンザス州、アイオワ州等）で確認されている。

ウ. 2016年6月以降[6, 7]

2016年6月、ロシア連邦のウブス・ヌール湖（モンゴル国境付近）において、野鳥からH5N8亜型の本病ウイルスが検出された。

その後、2016年10月にインドでH5N8亜型ウイルスによる発生が確認された後（散発的に発生）、同ウイルスによる発生はイラン（11月）、カザフスタン（11月）、イスラエル（11月）、クウェート（12月）、ネパール（翌3月）においても確認されている。

欧洲においては、2016年10月にハンガリー、ポーランド、クロアチアで野鳥から同ウイルスが検出された後、11月以降には、ハンガリー、スイス、ドイツ、オーストリア、オランダ、デンマーク、スウェーデン、フランス、英国、イタリア等20か国以上で野鳥又は家きんから同ウイルスによる多くの発生が確認されている。

また、文献によると、2016年にドイツで分離されたH5N8亜型のウイルスは、2014年から2015年にかけてドイツを含む欧洲で発生したH5N8亜型とは異なる系統であることから、地域内で循環されたものでなく、中央アジアから侵入してきたものとしている。

なお、欧洲では、同時期に同じH5亜型（クレード2.3.4.4）のウイルス（H5N5亜型（ドイツ、オランダ、チェコ、ポーランド、オーストリア、ハンガリー、クロアチア等）及びH5N6亜型（ギリシャ（※アジアのH5N6亜型とは異なる））による発生も確認されている。

また、アフリカにおいても、ナイジェリア（11月）、エジプト（11月）、カメルーン（2017年1月）、ニジェール（同2月）で発生している。

（3）中国における高病原性鳥インフルエンザ（H7N9亜型）の発生状況[8, 9]

2013年3月、中国において人の死亡事例から初めてH7N9亜型ウイルスが検出された。その後、H7N9亜型ウイルスへの感染者は毎年報告されており、現在までに1,439名の感染（うち死者545名）となっている（2017年5月9日現在）。人への感染ルートは特定されていないが、多くの感染者は生鳥市場への訪問や感染鳥類との接触が確認されている。

中国では、生鳥市場等でサーベイランスが実施されており、2013年4月4日に上海市の卸売市場の鶏、ハト及び環境サンプルから、また、江蘇（こうそ）省、浙江（せっこう）省及び安徽（あんき）省の生鳥市場から、人で分離されたH7N9亜型の鳥インフルエンザウイルスと高い相同意を示すウイルスが検出されている。

ア. 低病原性鳥インフルエンザの発生状況

2013年4月から2014年6月にかけて、上海市、江蘇省など12省・市・自治区の生鳥市場及び農場において、43件のH7N9亜型の低病原性鳥インフルエンザウイルス

の検出がOIEに報告された。

香港においても、2014年1月から6月にかけて、市場の糞便サンプル及び輸入家きんからH7N9亜型の低病原性鳥インフルエンザウイルスが3件検出されている。

イ. 高病原性鳥インフルエンザの発生状況[10]

H7N9亜型ウイルスは低病原性ウイルスとして知られていたが、2017年1月、広東省及び湖南省の生鳥市場で採取された家きん、あひる及び環境サンプルから、鶏への病原性が高いことが示唆される遺伝子的特徴を有するウイルスが検出された。その後、他の生鳥市場でのサーベイランスからも高病原性のウイルスが検出され、さらに本年3月以降、採卵鶏農場の鶏からの本ウイルスの検出も、湖南省、河北省及び河南省で報告されており、中国各地でH7N9亜型の高病原性の鳥インフルエンザウイルスが検出されている状況にある。

なお、OIE情報によると、分離された高病原性ウイルスの静脈内病原性指数（IVPI）は2.8から3（24時間以内に全ての鶏が死亡）であるとしている。

表1 中国におけるH7N9亜型の高病原性鳥インフルエンザの発生事例（OIE報告）

	月日	地域	場所	種類
1	2017年1月10日	広東省梅州市	生鳥市場	鶏
2	2017年1月10日	広東省中山市	生鳥市場	鶏
3	2017年1月10日	広東省惠州市	生鳥市場	鶏
4	2017年2月28日	広東省中山市	生鳥市場	鶏、環境
5	2017年2月28日	広東省東莞市	生鳥市場	環境
6	2017年2月28日	広東省汕尾市	生鳥市場	鶏、環境
7	2017年2月28日	広東省梅州市	生鳥市場	家きん、環境
8	2017年3月19日	湖南省東安県	採卵鶏農場	採卵鶏
9	2017年2月23日	湖南省郴州市	裏庭農場	採卵鶏
10	2017年2月23日	湖南省郴州市	生鳥市場	鶏、あひる、環境
11	2017年3月2日	広東省広州市	生鳥市場	鶏
12	2017年3月2日	広東省中山市	生鳥市場	鶏
13	2017年3月2日	広東省梅州市	生鳥市場	鶏
14	2017年4月28日	河北省邢台市	採卵鶏農場	採卵鶏
15	2017年5月3日	河南省平頂山市	採卵鶏農場	採卵鶏
16	2017年5月13日	天津市武清区	採卵鶏農場	採卵鶏

※事例はOIEへの報告順。日付は検体採取日

ウ. 中国政府の対応状況[11, 12]

2013年4月以降、中国農業部はH7N9ウイルスのモニタリング調査を実施しているほか、2016年冬以降の人への感染事例の増加を受け、本年2月、生鳥市場から家きん農場への疾病的拡散リスクを低減するため、生鳥市場における夜間留め置きの禁止、定期的な清掃・消毒、休場日の設定等のバイオセキュリティ対策を強化した。

2) 発生農場周辺における野鳥の調査

米田 久美子

環境省は高病原性鳥インフルエンザウイルスが野鳥又は家きんから検出された場合には、「野鳥における高病原性鳥インフルエンザに係る対応技術マニュアル（平成27年9月）」[13]（以下「マニュアル」という。）に則り、野鳥回収地点又は家きんの発生地から半径10kmの野鳥監視重点区域を指定し、野鳥生息状況等調査及び野鳥における異状の有無等を把握するための緊急調査を実施している。平成28年11月以降の12件の家きんにおけるH5N6亜型高病原性鳥インフルエンザウイルス感染確認に関しても、関連する県や関連団体の協力のもと、平成28年12月から平成29年3月にかけて現地調査が実施された。その結果の概要を以下にまとめた。

（1）調査方法

調査内容は野鳥生息状況等調査と、大量死や異常行動等の異状の有無の観察である。

野鳥監視重点区域内の調査地点の選定においては、平成26年度の発生時緊急調査と同様に、環境省マニュアルのリスク種に注目した。リスク種は、主にH5N1亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスに対して感受性が比較的高く、死亡野鳥調査で感染個体を検出しやすいと考えられる種をリスク種1、それ以外で過去に国内外で感染が確認されている種等をリスク種2及び3に挙げている。カモ目カモ科、ペリカン目サギ科、チドリ目カモメ科、タカ目、フクロウ目、ハヤブサ目¹は全種がいずれかのリスク種に指定されている。これらの鳥類は発症する前にウイルスを運搬する可能性も考えられている。今回発生したのはH5N6亜型ウイルスであるが、過去の発生と同様にHA遺伝子は1996年に中国で分離されたH5N1亜型高病原性ウイルスに由来し、平成26年度に発生したH5N8亜型ウイルスと同様のクレード2.3.4.4に属することから、野鳥の感受性に関しても過去に発生がみられたウイルスと大差ないと推測した。また、現在までにH5亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスの検出が報告されている野鳥種で日本に生息する種は、そのほとんどがマニュアルのリスク種に該当している。

青森県青森市の発生地2か所及び宮崎県川南町と木城町の2か所の発生地は近接しており、1例目の発生地を中心とした野鳥監視重点区域で2例目の発生地周辺もカバーされることから、2例目患畜確認後に再調査は実施しなかった。このため12件の発生に対して10回の調査を実施した。調査では、野鳥監視重点区域内で主なリスク種である水鳥類の生息が予想される場所、河川やダム、ため池等を地図上で選定し、その地点で双眼鏡と望遠鏡により確認された鳥類の種、個体数を記録した。原則として各調査地域において3日間調査したが、北海道清水町ではす

¹ 本項目では鳥類の分類体系、種の配列及び和名、学名に関しては、日本鳥類目録改訂第7版（日本鳥学会 2012）に準拠した。

でに凍結していて水鳥類が少なかったため、また千葉県旭市は2チームで実施したため1日間の調査とし、宮城県栗原市は野鳥の感染確認に伴い12月に近隣で調査を実施していたことから今回は2日間の調査とした。各調査地域における調査日数及び調査地点数は表1の通りである。観察時間は原則として1地点15～20分間とした。また、調査地点を含め、調査期間中は野鳥の死体や異常行動等の有無に注意して観察を行った。なお、ウイルス拡散防止の観点から、調査地点間の移動に際して靴底等をアルコール消毒するとともに、消毒ポイントにおいて車両を適宜消毒した。

本調査では、調査地点周辺にどのような種が多く生息しているかをある程度推測すること、また調査範囲において大量死や異常行動があったかを確認することはできるが、種により活動時間が異なったり、開けた場所を好むものや林内に隠れているもの等の差があり、生息状況の正確な把握にはなっていない。また、調査地点により有視界範囲や調査時刻などが異なり、各調査地域における調査地点数も異なるため、調査地点間や調査地域間で出現鳥類種数や個体数の比較をすることは困難である。

(2) 調査結果

各発生農場周辺における調査結果の概要を表1に、また、移動中に確認した鳥種も含めて確認した鳥類の一覧を表2に示した。10か所の調査地域で合計15目38科109種の鳥類を確認し、そのうちリスク種は50種であった。いずれの地域でも、集団死は確認されなかった。しかし、野鳥の感染確認地域（34か所）周辺における同様の調査では、鹿児島県出水市でオナガガモのメス1羽（11月22日）、新潟県阿賀野市でコハクチョウ1羽（12月11日）の2回、神経症状とみられる旋回遊泳運動が観察された。こうした症状は国内の過去の高病原性鳥インフルエンザ発生時の野鳥の緊急調査では見られたことがなく、今回が初めてであった。

表1 調査結果概要

発生農場所在地	疑似患畜確定日	調査期間	調査地点数	確認した鳥類の種数			リスク種 種数
				目	科	種	
青森県青森市	平成28年11月28日	12月1日～3日	15カ所	11	20	39	25
新潟県関川村	平成28年11月29日	12月1日～3日	9カ所	10	21	46	23
新潟県上越市	平成28年11月30日	12月6日～8日	14カ所	10	20	44	28
青森県青森市	平成28年12月 2日	－					
北海道清水町	平成28年12月16日	12月22日	8カ所	4	9	14	5
宮崎県川南町	平成28年12月19日	12月22日～24日	26カ所	14	29	52	22
熊本県南関町	平成28年12月27日	12月28日～30日	19カ所	13	26	51	22
岐阜県山県市	平成29年 1月14日	1月17日～19日	18カ所	11	22	53	19
宮崎県木城町	平成29年 1月24日	－					
佐賀県江北町	平成29年 2月 4日	2月7日～9日	25カ所	14	33	69	30
宮城県栗原市	平成29年 3月24日	3月28日～29日	10カ所	9	22	39	18
千葉県旭市	平成29年 3月24日	3月27日	10カ所	7	16	28	17

表2 確認された鳥類一覧

※ このリストは発生鶏舎から10km圏内で確認された鳥類で、調査地点間の移動途中のみで確認された鳥類も含まれる(表中○印)

※ 渡り区分には地域差があり、ここでは日本鳥類目録第7版(2012)の記述を参考にした。(冬鳥、夏鳥、留鳥、旅鳥を最初の文字で略し、稀に見られるものは「稀」、分布しない場合は「-」で示した。)

発生農場の周辺には、いずれの地域においても河川やため池があった。北海道の発生農場近くの佐幌川や十勝川では、調査時には凍結はしていなかったものの川幅が狭く、水鳥類はほとんど確認されなかつた。8調査地点中1か所、農場から約8km離れた幅の広い水路で冬鳥のマガモが確認された。北海道を除く地域では7種以上のカモ類が確認され、9地域すべてでマガモの他、冬鳥のコガモやカルガモ（留鳥と考えられているが、一部韓国と移動している個体が確認されている。）が確認された。他に8地域でホシハジロ、キンクロハジロが、7地域でオナガガモ、ヒドリガモが確認された。平成22年度の発生時に多数の死亡が認められたオシドリは5地域、オオハクチョウは4地域で確認された（表2）。

各調査地域で確認個体数の多い種を見ると、調査地域10か所中、青森県と岐阜県を除く8地域でマガモが確認数上位3位までに入つており、コガモは5地域、カルガモは4地域で上位3位に入つていた（表3）。また、今回の発生では12件中7件で発生農場から100m以内に池があり、疫学調査時又は野鳥緊急調査時にそうした池でもマガモ、コガモ、カルガモ等のカモ類が多く確認された（表3）。この他に宮崎県木城町では、発生農場から約300mに位置する一級河川でマガモが多数確認された。

毎年1月に実施される環境省のガンカモ類生息調査[14]で観察されるカモ類の数の過去5年間の平均は、全国的にみるとマガモが約40万羽と一番多く、コガモ、カルガモ、ヒドリガモが17-18万羽でそれに続き、スズガモ、オナガガモが14-15万羽である。県別に見ても、今回の調査結果はいずれの調査地域もそれらの結果と大きく異なると考えられる傾向は認められなかつた。

表3 各調査地域の確認数上位3位の鳥類種

確認数順位	青森県 青森市	新潟県 関川村	新潟県 上越市	北海道 清水町	宮崎県 川南町	熊本県 南関町	岐阜県 山県市	佐賀県 江北町	宮城県 栗原市	千葉県 旭市
1	オナガガモ	オナガガモ	マガモ	オオハク チョウ	カルガモ	カルガモ	オオバン	マガモ	カルガモ	マガモ
2	オオハク チョウ	マガモ	コガモ	マガモ	マガモ	マガモ	コガモ	コガモ	マガモ	コガモ
3	オオセグロ カモメ	コガモ	ヒシクイ	ハシボソ ガラス	ヒドリガモ	ヒドリガモ	オシドリ	ヒドリガモ	ホシハジロ	カルガモ
調査時期	12月	12月	12月	12月	12月	12月	1月	2月	3月	3月
鶏舎隣接池 (約100m以内) で複数 確認された 水鳥類	カモ類*	マガモ コガモ	カモ類*		カルガモ オシドリ カワウ	カルガモ		オシドリ カワウ マガモ	カルガモ コガモ ホシハジロ オナガガモ	
*聞き取りのみ										

水場の周囲の森林では森林性鳥類も見られ（表2）、冬鳥のツグミ、シロハラ、ジョウビタキ等が確認された。また、鶏舎周辺で良く見られる留鳥のヒヨドリ、ハクセキレイ、ハシボソガラス、ハシブトガラス、スズメは10地域中、9~10地域で確認された。

結論として、発生農場周辺ではカモ類等多くの野鳥が確認されたが、その種構成には、例年の調査結果と大きく異なる傾向は認められなかつた。

3) 2016年～2017年の野鳥等における高病原性鳥インフルエンザの感染状況

金井 裕、森口 紗千子

(1) 野生鳥類及び飼育下感染の概要

2016年11月から2017年3月の間に確認された、養鶏場の家きん以外の野鳥や動物園等の飼育下の鳥類における高病原性鳥インフルエンザ（以下「HPAI」という。）の感染について、環境省発表の報道資料及び水戸市と盛岡市の発表資料からまとめた。また、感染確認地の市民利用については、新聞記事も参考にした。

感染確認は、北海道から九州までの22都道府県54市町村で26種218例と広範囲で多数が確認された（図1、表1）。218例の内訳は、感染個体数210羽、カモ類の糞5（種不明2、コガモ1、オナガガモ1、ヒドリガモ又はヨシガモ1）、環境試料として採取された水から3件であった。

感染が確認された地点は、河川及び湖沼の他、2か所の動物園、岩手県盛岡市の高松の池や茨城県水戸市の千波湖、新潟県阿賀野市の瓢（ひょう）湖、兵庫県伊丹市の昆陽（こんよう）池といった市民が多数訪れる公園施設や観光地となっている場所も多くみられた。

HPAIウイルスは、2016年11月6日に鳥取市で採取されたオナガガモの糞で最初に検出され、2017年3月31日現在、3月8日の盛岡市で回収されたオオハクチョウが最後の発生例とされているため、秋の渡り時期から越冬期、春の渡り時期を通じて、野外にHPAIウイルスが存在していたと考えられる。

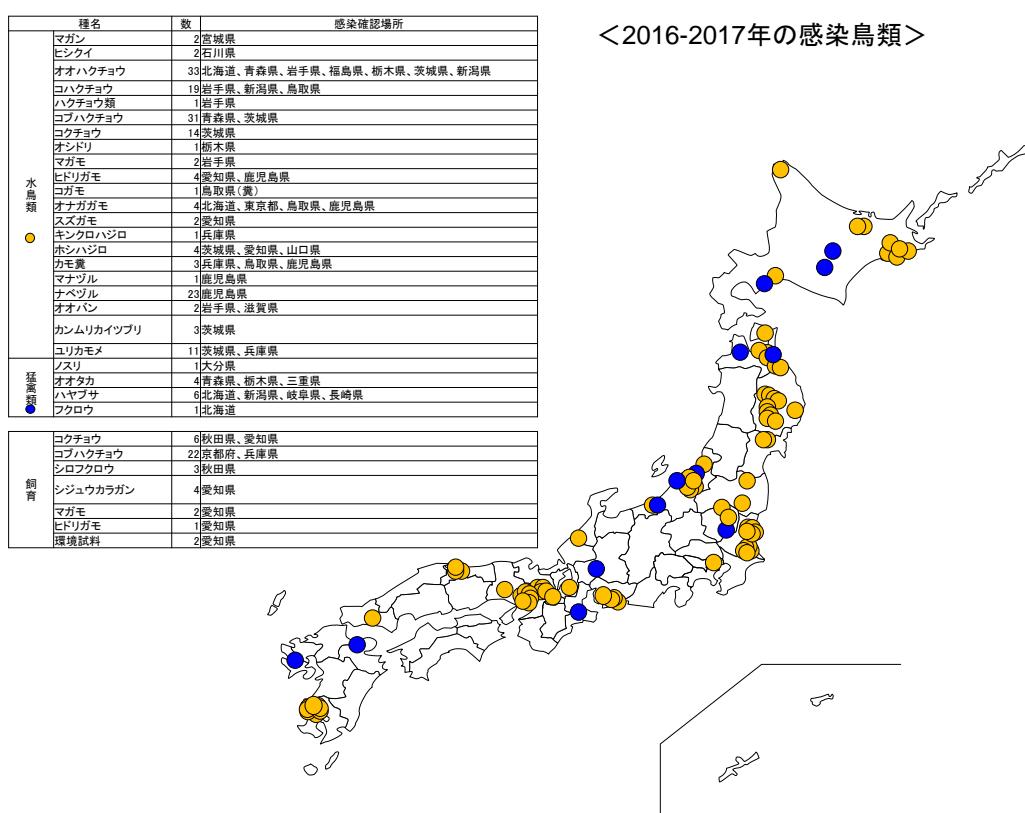


図1 国内における家きん以外の野鳥と飼育鳥の高病原性鳥インフルエンザの発生・検出状況

表1 地域別感染種とHPAIウイルス確認例数

		北部	中部	西南部	総計
ガン・ハクチョウ類	マガン	2			2
	ヒシクイ		2		2
	オオハクチョウ	26	7		33
	コハクチョウ	3	14	2	19
	ハクチョウ類	1			1
	コブハクチョウ	1	52(22)		53(22)
	コクチョウ	3(3)	17		20(3)
	シジュウカラガン		4(4)		4(4)
カモ類	オシドリ		1		1
	マガモ	2	2		4
	ヒドリガモ		2	3	5
	コガモ			1(糞1)	1(糞1)
	オナガガモ	1	1	2(糞1)	4(糞1)
潜水力モ類	スズガモ		2		2
	キンクロハジロ		1		1
	ホシハジロ		3	1	4
カモ糞	カモ糞		1	2	3
ツル類	マナヅル			1	1
	ナベヅル			23	23
その他の水鳥類	オオバン	1	1		2
	カンムリカツブリ		3		3
	ユリカモメ		11		11
猛禽類	ノスリ			1	1
	オオタカ	2	2		4
	ハヤブサ	2	3	1	6
	フクロウ	1			1
	シロフクロウ	3(3)			3(3)
その他	ハシボソガラス		1		1
環境試料(水)			2	1	3
総計		48(6)	132(26)	38	218(32)

()は飼育下個体、(糞)は糞便からの確認

北部: 北海道・東北、中部: 関東甲信越・東海・近畿、西南部: 中国・四国・九州

(2) 感染の確認された種

ア. ガン・ハクチョウ類

大型の水鳥であるガン・ハクチョウ類はマガン（2例）、ヒシクイ（2例）、オオハクチョウ（33例）、コハクチョウ（19例）、コブハクチョウ（53例）、コクチョウ（20例）、シジュウカラガン（4例）の7種、136例であった。主に、北部と中部で感染が報告され、西南部でのHPAI感染の報告は鳥取県の2例だけであったが、ガン・ハクチョウ類は四国・九州ではほとんど越冬していないため、西南部での越冬数が少ないとから感染数も少なかったと考えられる。

シジュウカラガンは飼育管理下のみ、コブハクチョウとコクチョウは飼育管理下にあるものと、野生化しているものが含まれる。ガン・ハクチョウ類は感染事例の61%を占めたが、飼育下及び野生化個体に給餌が行われている場所で集中的に感染が起こったコブハクチョウやコクチョウが含まれること、大型のために傷病個体が発見されやすく、通報が多かったことが考えられる。

53例と感染事例が最も多かったコブハクチョウは、飼育下にあった京都市の7羽と伊丹市の15羽のほか、野生化個体に給餌活動が行われていた水戸市の30羽でほとんどの感染が発生している。20例感染のコクチョウも6羽が動物園での飼育

下、残りの14羽がコブハクチョウとともに給餌が行われていた水戸市での感染であった。

33例感染のオオハクチョウは、北海道から東北、本州の中部が主な越冬域であり、感染事例も越冬域全体に散らばっているが、岩手県の盛岡市では9羽と集中している。コハクチョウは感染19例中13羽が、給餌が行われている新潟県阿賀野市瓢湖だった。

マガソは宮城県で2例、ヒシクイは石川県で2例の感染が確認された。オオハクチョウ、コハクチョウに比較して感染確認例は少ない。ガソ類は羽色が目立たないために傷病個体が発見されにくいことがあるが、感染しても発症しにくい可能性もある。

イ. 水面採食カモ類

潜水せずに主に水面で採食するカモ類は、オシドリ（1例）、マガモ（4例）、ヒドリガモ（5例）、コガモ（糞1例）、オナガガモ（3例及び糞1例）の5種、15例が確認された。国内での越冬数に比較して、感染確認例は少ないが感染数が少なかつたとは言えない。これは、オシドリ以外4種のマガモ属は、鳥インフルエンザウイルスの自然宿主とされており、HPAIウイルスに感染しても発症しにくいとされる[15]。感染個体が確認されずに糞便からHPAIウイルスが検出された事例があること、ハクチョウ類が集中発生した千波湖や高松の池、昆陽池ではカモ類の生息数も多いが、カモ類の感染確認例が極めて少ないとから、不顕性感染が多数あったことが推測される。

オシドリは、2010年-2011年のH5N1亜型では多数の感染事例があったが、今期は1例と少ない。今期流行したH5N6亜型のオシドリに対する病毒性について検証が望まれる。

ウ. 潜水カモ類

潜水して水中で採食するスズガモ属は、スズガモ（2例）、キンクロハジロ（1例）、ホシハジロ（4例）の3種、7例の感染事例があった。スズガモ属は、HPAIでの発症リスクの高い種とされ、2010年-2011年ではキンクロハジロで多数の感染事例があったが、今期はマガモ属の感染事例よりも少ない。H5N6亜型のスズガモ属への病毒性について検証が望まれる。

エ. ツル類

ツル科のマナヅル（1例）、ナベヅル（23例）の2種、24例の感染が確認された。ツル類は鹿児島県出水市の集中越冬地での感染例であった。最初の感染確認は11月18日で最後は12月14日と11月・12月に感染が起こった。ツル類のねぐらの水からもHPAIウイルスが検出されている。ねぐらではカモ類も多数生息しているので、ねぐらでカモ類とツル類でウイルスの感染が広がった可能性が高い。

オ. その他の水鳥類

ガン・カモ・ハクチョウ類、ツル以外の水鳥では、オオバン（2例）、カンムリカイツブリ（3例）、ユリカモメ（11例）の感染が確認された。オオバンは植物食性の水鳥で、水草や藻類を主に食べる。カモ類も水草や藻類を食物としているので、両種は同所的に生息していることが多い。オオバンは国内で一年中みられる留鳥であるが、越冬期には数百羽以上の大きな群れも各地にみられ、時田ら（2016）[16]による人工衛星の追跡で中国への移動が確認されているため、中国大陆から渡って来るものも多いと考えられている。カンムリカイツブリは比較的大きい魚食性の鳥類で、多くのカモ類とは食性が異なるが、日中にカモ類の群れ内にいることもある。国内での繁殖する地域もあるが、多くは越冬のために渡つて来る。ユリカモメは11例中10例が茨城県内で、その中の7例が水戸市の感染だった。ユリカモメは給餌に集まる習性が強いため、給餌場所で感染した可能性が考えられる。

カ. 猛禽類

鳥類や小型哺乳類などの小動物を捕食する猛禽類では、ノスリ（1例）、オオタカ（4例）、ハヤブサ（6例）、フクロウ（1例）、シロフクロウ（3例）の5種、13例の感染確認があった。シロフクロウは飼育下の感染で、野生個体ではない。猛禽類は、感染した動物を捕食して2次的に感染したと考えられる。猛禽類の感染は全国でみられた。

オオタカとハヤブサは主に鳥類を食物とし、カモ類も主要な食物のひとつである。ハヤブサの感染確認が多いのは、大型の鳥類であることに加えて、開けた場所の鉄塔や建築物の屋根などを見張り場や休み場とするため、目立つ場所で発症し発見されることが多いことによると考えられる。オオタカは、休息場所が林内であることが多いため傷病個体が発見されにくいので、実際の感染個体はかなり多く存在すると考えられる。

ノスリは地表性のネズミ類を主な食物とするが、水辺で動きの鈍くなったカモ類も捕食する。フクロウは夜行性で、主にネズミ類を森林内で捕食する。フクロウがカモ類を捕食する可能性は否定しきれないが、ネズミ類の捕食により感染が起こった可能性は考慮すべきである。

猛禽類の感染時には、感染源となった食物の特定が重要である。捕食から発症までの時間がどの程度であるか不明だが、胃内容の分析は行っておくべきであろう。

キ. その他の陸生鳥類

陸生鳥類では、ハシボソガラスの感染が1例確認された。これは、新潟県上越市の家きん感染地で回収されたものである。ハシボソガラスは穀類など植物食性があるが、基本的には雑食性のため、感染した動物の死体やウイルスの付着した穀類や果実などを食べたものと考えられる。

他の陸生鳥類の感染事例では、過去に国内でハシブトガラスの感染が起きている。腐肉食性の強いカラス類は、感染個体の採食により感染し、ウイルスが伝播される可能性については注意する必要がある。

(3) 確認例数の推移

野外でHPAIウイルスが確認されたのは、2016年11月6日に鳥取市で採取されたオナガガモの糞が最初であり、2017年3月31日現在で最終の確認は3月8日に盛岡市で回収されたオオハクチョウであった。秋の渡りの時期から越冬期を通して春の渡りの時期まで感染が確認された。

確認例数の推移を見ると、11月中旬から1月中旬にかけて発生のピークとなり、2月以降は少なくなった。これは、これまでの環境省による糞便調査で示された低病原性のウイルスの確認例数の推移と似ている。

地域別にみると、北部と中部は全期間を通じて感染があり、感染のピークは12月から1月中旬だったが、西南部は感染のピークは11月で、2月以降は感染が確認されなかった（図2）。

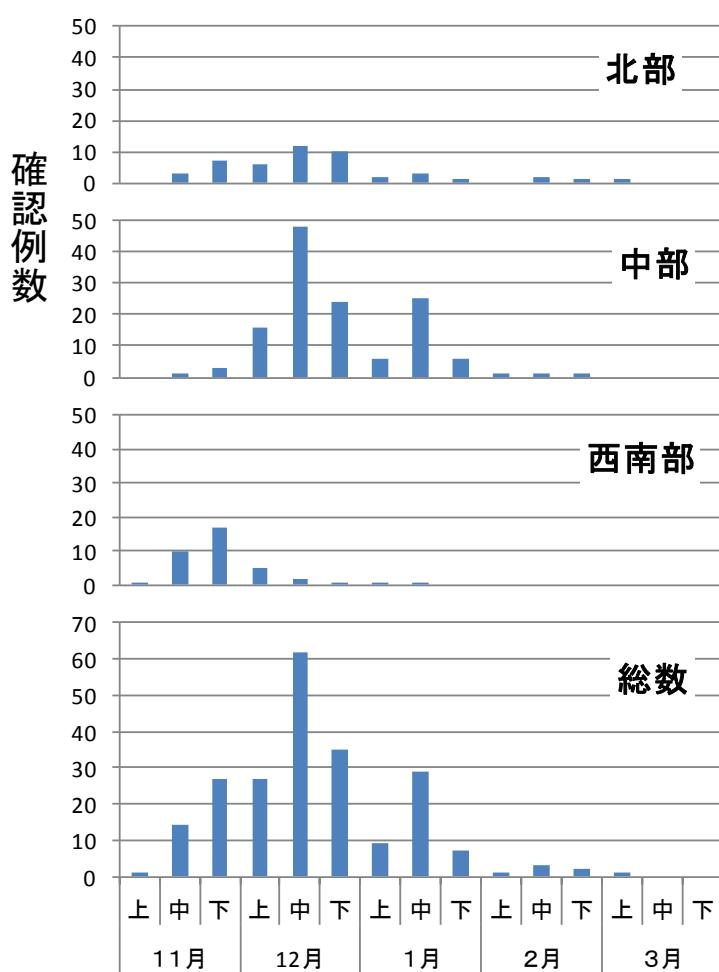


図2 2010-2011年における地域別のHPAIウイルス確認例数の推移

(4) 感染事例の集中地

22都道府県54市町村と、四国と沖縄を除くほぼ全国でHPAIの感染が発生した

が、市町村別のウイルス確認例数を見ると、集中して確認された場所があった。大部分の33市町村では1例のみだったが、複数の確認があったのは2例が7市、3例が4市町、4例以上は10市あった。4例以上の集中した確認があったのは茨城県水戸市（56例）、鹿児島県出水市（30例）、兵庫県伊丹市（15例）、新潟県阿賀野市（15例）、愛知県名古屋市（12例）、岩手県盛岡市（10例）、京都府京都市（7例）、秋田県秋田市（6例）、茨城県鹿嶋市（4例）、岩手県花巻市（4例）である（表2）。

兵庫県伊丹市では、昆陽池公園で1月13日から23日までの10日間に15例の飼育コブハクチョウの感染が起こった。伊丹市は公園の一部を立ち入り禁止とする対策を行った。愛知県名古屋市では東山動物園でいずれも飼育下のコクチョウ3例、シジュウカラガン4例、マガモ2例、ヒドリガモ1例、飼育施設の水2例で、12月6日から12月17日までの間に感染が確認された。京都府京都市では12月22日に中央競馬会京都競馬場で飼育していたコブハクチョウ7例で感染が起り、23日にはコブハクチョウ43羽、コクチョウ3羽を殺処分した。秋田県秋田市では大森山動物園で飼育下のコクチョウの3例とシロフクロウの3例の感染が11月15日から23日の間に生じ、同居個体や家きんの殺処分を行った。

もっとも確認例数が多かった水戸市では、11月29日に大塚池で回収されたオオハクチョウからHPAIウイルスが確認されてから2017年1月24日に回収されたコクチョウまで2か月間に渡り、感染個体の回収が続いた。感染種とその羽数は、ハクチョウ類ではオオハクチョウ1例、コブハクチョウ30例、コクチョウ14例、カモ類ではホシハジロ1例、その他水鳥類ではカンムリカツブリ3例、ユリカモメ7例であった（表3）。また、隣接するひたちなか市でもユリカモメの感染が確認されており、水戸市周辺で合わせて57例と極めて多くの感染確認があった。

水戸市内の感染確認地は、千波湖、泉町、桜川下流、大塚池、田野町の5地点である（表3）[17]が、千波湖と桜川下流と泉町は同一の個体群が移動していると考えられる。千波湖と桜川下流で45例の感染が確認され、コブハクチョウのすべてとコクチョウの感染例の半数はこの地域で感染が生じた。大塚池では水戸市最初のオオハクチョウの確認例が11月29日にはあったあと一か月半後の1月16日から24日にコクチョウの7例の感染例があった。大塚池はオオハクチョウの越冬地となっていて、市民による給餌が行われていた。給餌場所ではコブハクチョウやコクチョウに加えてカモ類やユリカモメも集中するので、ここでウイルスの感染が生じた可能性がある。

鹿児島県出水市では11月14日に採取した環境試料（ツル類のねぐらの水1例）からHPAIウイルスが確認されて以降、マナヅル（1例）、ナベヅル（23例）、ヒドリガモ（3例）、オナガガモ（1例）、カモ類糞（1例）、の合計30例が、12月14日までの1か月間に確認された。出水市では、2か所のツル類のねぐらを合計1万8千羽のツル類と1万羽以上のカモ類が利用しており、そのねぐらの水でウイルスが確認されたことから、ねぐらの水を介してカモ類からツル類へ感染が起こったことが考えられる。

岩手県盛岡市では、オオハクチョウ9例とマガモ1例の感染が11月23日から3月8日までの間に感染が生じた。このうちオオハクチョウ6例の感染が高松の池で確認された[18]。高松の池では、ハクチョウへの餌やりを行わないように呼びかけが行われていたが、パンの給餌が行われていたとの情報もある[19]。

阿賀野市瓢湖では、11月27日から1月12日の間にオオハクチョウ2例、コハクチョウ13例の感染確認があった。このうち14例は11月27日から12月16日の間で起こり、その後、約一月後の1月12日のオオハクチョウの確認例があった。瓢湖では阿賀野市による給餌が毎年実施されており、HPAI感染が確認されて以降は休止されていた[20, 21]。

確認例数が多かった場所は、飼育施設での感染や給餌が行われるなどで特定の場所に鳥類が集中する状況が生じていた。ただし、給餌が行われている湖沼は周囲を含め整備された都市公園が多く、他の湖沼よりも死骸の発見率が高いことが推測されるため、野鳥におけるHPAI発生と給餌の有無の関連性が非常に強いと一概には言うことはできない。

表2 複数羽で確認された市町村と確認例数

	総計
水戸市	56
出水市	30
伊丹市	15
阿賀野市	15
名古屋市	12
盛岡市	10
京都市	7
秋田市	6
鹿島市	4
花巻市	4
鳥取市	3
西尾市	3
厚岸郡厚岸町	3
一関市	3
北見市	2
米子市	2
八戸市	2
西宮市	2
上越市	2
三沢市	2
加賀市	2

表3 水戸市内における確認例数

	桜川	千波湖	泉町	大塚池	田野町	総計
オオハクチョウ				1		1
カンムリカツブリ		2			1	3
コクチョウ	2	5		7		14
コブハクチョウ		30				30
ホシハジロ					1	1
ユリカモメ		6	1			7
総計	2	43	1	8	2	56

(5) 感染の確認と鳥の渡り

秋の渡りの時期にあたる11月初旬から中旬の11月20日までに、秋田県秋田市、兵庫県小野市、鳥取県鳥取市及び米子市、鹿児島県出水市と東北から九州までの広い範囲で感染が起きていた。HPAIウイルスが、ほぼ同時に日本全域に到着していたと考えられる。

秋の渡りにおいては、日本への渡りルートとして、冬鳥の繁殖域であるロシア東部からサハリン経由で北海道に至るルートと、ロシアの沿海州や中国東北部から日本海を渡って東北から中国地方の日本海側に至るルートが想定される（図3）。

HPAIウイルスが、ロシア東部の繁殖域に存在していた場合、あるいは渡り中継地のロシア沿海州や中国東北部に存在していた場合には、カモ類によって渡り初期に日本全域にウイルスが運搬される可能性が考えられる。

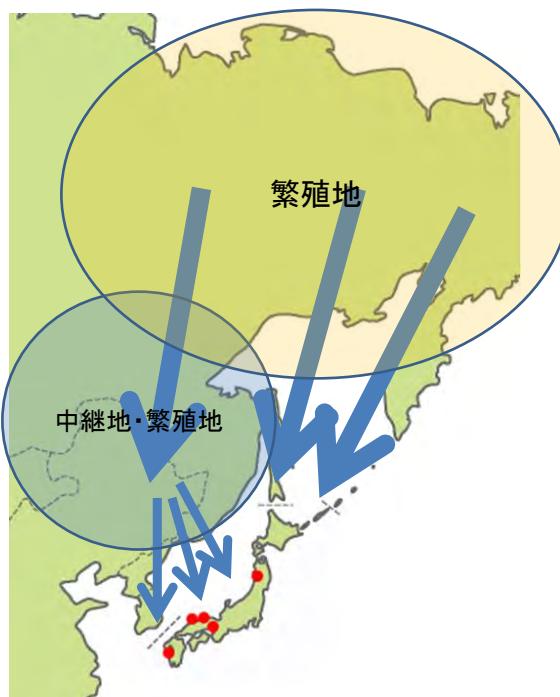


図3 2016年11月中旬までの感染確認地と秋の渡りルート

注：赤丸は、11月1日から20日までのHPAIウイルス確認地

春の渡りは2月中旬より移動が始まり、3月から4月には北上の移動が活発となる。野鳥における感染の確認は3月8日の盛岡市におけるオオハクチョウが最後で、野鳥間でのウイルスは少なくなっていたと考えられる。家きんでは3月24日に千葉県旭市と宮城県栗原市で感染が発生している。渡りの期間は、越冬地に残存していたウイルスの長距離の移動が起こる可能性があるので、防疫の注意は怠るべきではない。

(6) 2010～2011年との比較

ア. 感染種と例数

2010～2011年のH5N1亜型HPAIウイルスの感染では、家きん以外で15種62事例(64羽/件)の感染が確認された(図4)。この時に感染があった種は今期の感染種に含まれるが、確認例数では違いが見られる。今期の確認例数は総数218例から飼育下の32例と同一場所で集中発生のあったコブハクチョウ30例、コクチョウ17例をのぞいても139例と、約2倍となり、野外におけるウイルスの量は多かったと推定される。

2010～2011年では、最も確認例数が多かったのはキンクロハジロの12例で次いでオシドリの11例だった。感染の発生地周辺ではキンクロハジロやオシドリの生息も多数確認されているため、これらの種がHPAIウイルスに暴露されていたと考えられるが、今期の感染ではキンクロハジロ、オシドリとともに1例のみと少なかった。

種名	例数	感染確認場所
水鳥類	2	兵庫県、宮崎県
	1	兵庫県
	1	大分県
	7	鹿児島県
	6	北海道
	2	福島県、鳥取県
	11	高知県、長崎県、大分県、宮崎県
	1	北海道
	3	兵庫県、鳥取県
	12	福島県、鳥取県、島根県、山口県、
	1	北海道
	1	北海道
	1	北海道
	1	鳥取県
猛禽類	1	栃木県
	9	青森県、栃木県、京都府、長崎県、宮崎県、鳥取県、愛知県
	1	徳島県
飼育		
コブハクチョウ		2 富山県、兵庫県
コクチョウ		1 山口県

<2010-2011年の感染鳥類>

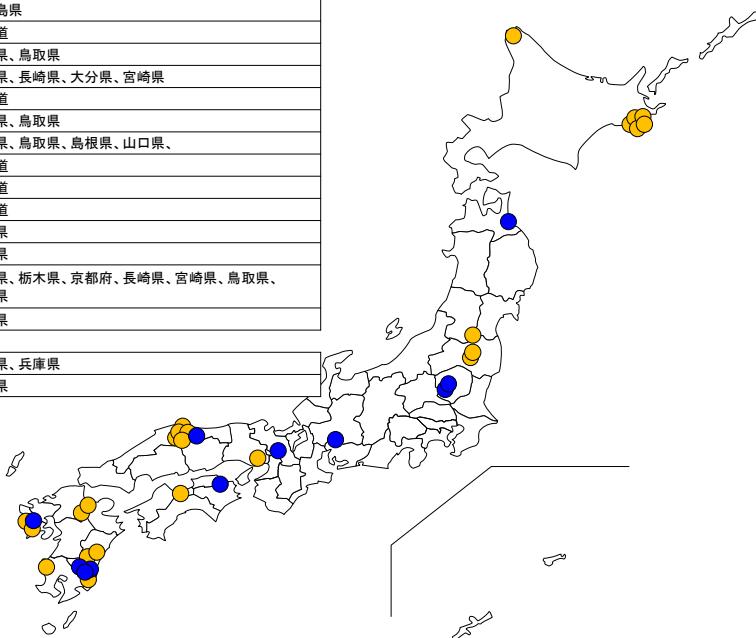


図4 2010-2011のHPAI感染が確認された野鳥と飼育鳥

イ. 感染時期

2010～2011年の感染では、日本全国で越冬期を通じて感染が起こった（図5）。これは西南日本の中国・四国・九州でも同様で、確認例数のピークは2月であった。今期の感染では、中部以北では2月も感染が継続していたが、確認例数のピークは12月で、西南日本では1月下旬以降の感染は確認されていない。西南日本の確認例数の推移は異なっていた。

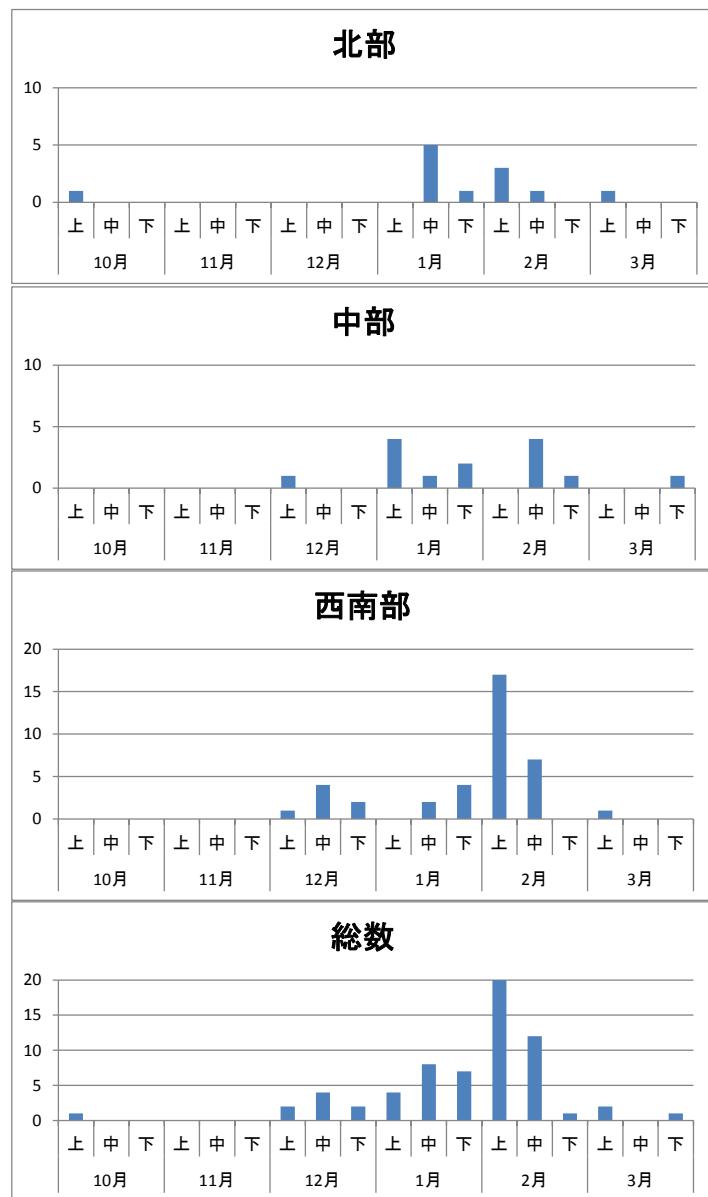


図5 2010–2011年の感染例数の推移

4) 分離されたウイルス株の特徴

西藤 岳彦

平成28年度に国内で発生した高病原性鳥インフルエンザ(以下「HPAI」という。)事例の病性鑑定検体から各道県の家畜保健衛生所で分離されたHPAIウイルス(以下「HPAIV」という。)(表1)を用いた遺伝的、ウイルス学的解析を行った。

表1 各調査地域の確認数上位3位の鳥類種

株名	由来			
	発生県	種	採材日	発生農場における飼養羽数
A/muscovy duck/Aomori/1-3T/2016	青森1例目	フランスガモ	2016/11/28	18,000
A/chicken/Niigata/1-1T/2016	新潟1例目	採卵鶏	2016/11/29	310,000
A/chicken/Niigata/2-5C/2016	新潟2例目	採卵鶏	2016/11/30	240,000
A/muscovy duck/Aomori/2-1C/2016	青森2例目	フランスガモ	2016/12/2	4,700
A/chicken/Hokkaido/1-1C2C/2016	北海道	採卵鶏	2016/12/16	280,000
A/chicken/Miyazaki/1-4C/2016	宮崎1例目	肉用鶏	2016/12/19	120,000
A/chicken/Kumamoto/1-2C/2016	熊本	採卵鶏	2016/12/27	92,000
A/chicken/Gifu/1-1C/2017	岐阜	採卵鶏	2017/1/14	81,000
A/chicken/Miyazaki/2-2C/2017	宮崎2例目	肉用鶏	2017/1/24	160,000
A/chicken/Saga/1-1C/2017	佐賀	肉用鶏	2017/2/4	71,000
A/chicken/Chiba/1-1T/2017	千葉	採卵鶏	2017/3/24	63,000
A/chicken/Miyagi/1-5T/2017	宮城	採卵鶏	2017/3/24	220,000

(1) ウィルス遺伝子の解析

家畜保健衛生所で分離され農研機構動物衛生部門に搬入されたウイルスの全ゲノム配列を決定し、分節ごとに系統樹解析を行ってウイルスの由来について検討した。赤血球凝集素タンパク質(HA)遺伝子の系統樹解析によって、今回国内に侵入したH5N6亜型HPAIVのHA遺伝子はFAO(国連食糧農業機関)/OIE(国際獣疫事務局)/WHO(世界保健機関)の専門家が定めた遺伝子分類法[22]に従うと、図1左の赤い分枝で示されるクレード2.3.4.4内のサブグループに分類されことが示された。このクレードには、図1の青い分枝で示した平成26年～平成27年に世界的に流行し、国内でも19件(家きん6件、野鳥13件)のHPAIを引き起こしたH5N8亜型HPAIVが含まれているが、系統樹解析によって明白に区別が可能であった。また、このサブグループには、韓国で同一時期に発生した家きん、野鳥でのH5N6亜型HPAIの発生株(図1右 黄色分枝)も含まれていた。また、青森1例目と2例目の分離株は同じクラスターを形成していたことから、二つの発生に関与したウイルスが極めて近縁であることが示された。それぞれの発生農場における代表株間でのHA遺伝子の相同性は塩基レベル・アミノ酸レベルで共に98.9%以上であり(表2)、同一農場内で分離されたウイルスのHA遺伝子の相同性は、塩基レベ

ル・アミノ酸レベルで共に99.8%以上であった。

NA, PB2, PB1, NP, M遺伝子の系統樹解析によって国内家きん発生株のこれらの遺伝子の由来は、HA遺伝子と同様に中国で循環しているH5N6亜型HPAIVに由来していることが明らかになった。

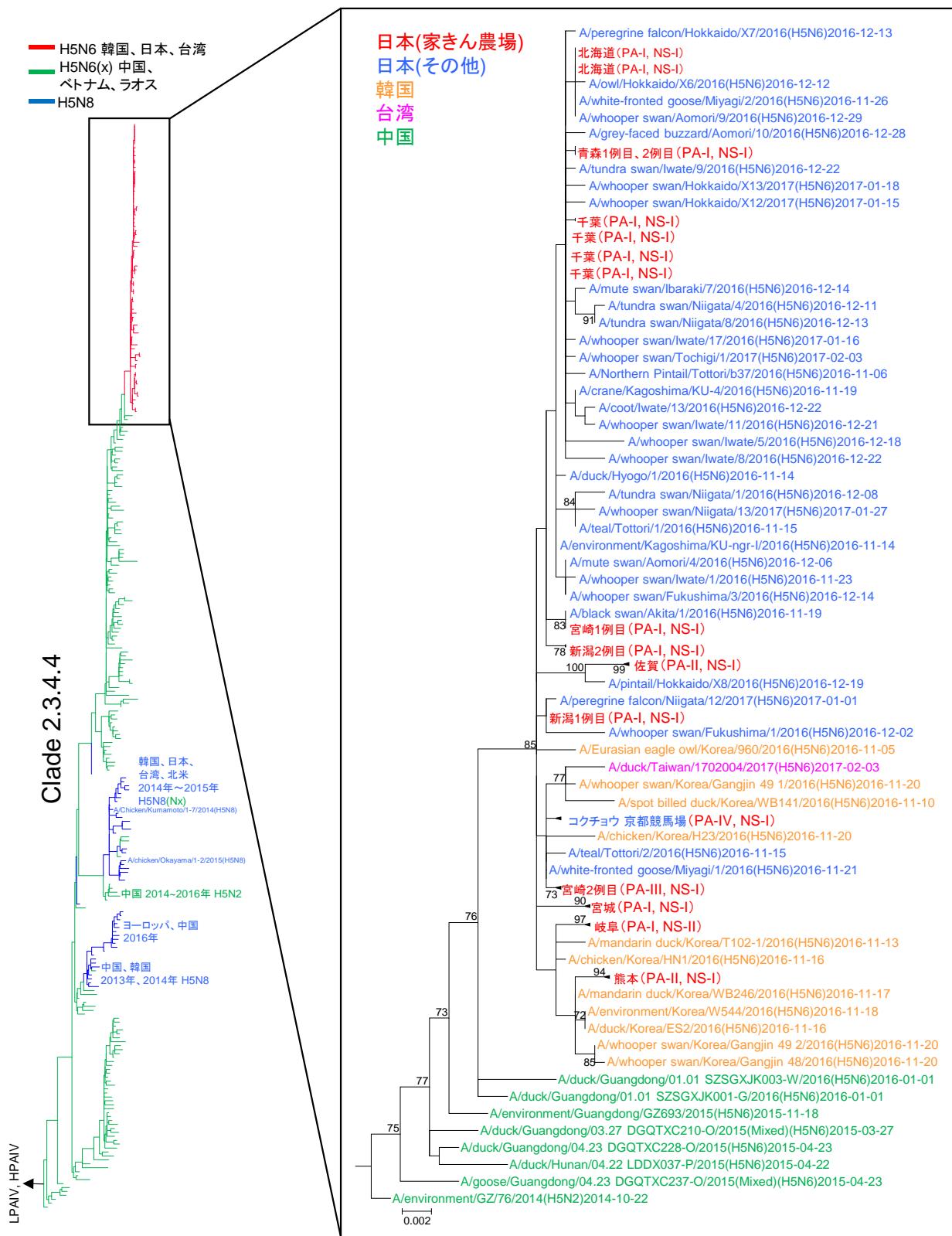


図1 H5遺伝子系統樹

表2 グループ別HA遺伝子の塩基/アミノ酸配列の相同性（%）

		塩基												
		Aomori/1/9T	Aomori/2/9C	Niigata/1/9T	Niigata/2/9C	Hokkaido/1/9C9T	Miyazaki/1/9C	Chiba/1/9T	Miyagi/1/9T	Gifu/1/9C	Kumamoto/1/9C	Saga/1/9C	Miyazaki/2/9C	Kyoto/9T
		PA&GNSグループ												
アヒ/鶴	PA-E/NS-I	MD/Aomori/1/9T/2016	99.8%	99.6%	99.5%	99.5%	99.7%	99.5%	99.7%	99.2%	99.1%	99.0%	99.4%	99.4%
		MD/Aomori/1/9C/2016	99.8%	99.6%	99.5%	99.5%	99.7%	99.5%	99.7%	99.2%	99.1%	99.0%	99.4%	99.4%
		Cl/Nagata/1/9C/2016	99.4%	99.6%	99.6%	99.6%	99.7%	99.4%	99.7%	99.5%	99.4%	99.3%	99.7%	99.8%
		Cl/Hokkaido/1/9C/2016	99.4%	99.6%	99.6%	99.6%	99.7%	99.5%	99.7%	99.4%	99.3%	99.2%	99.6%	99.7%
		Cl/Miyazaki/1/9C/2016	99.6%	99.6%	99.8%	99.8%	100.0%	99.7%	99.6%	99.4%	99.4%	99.3%	99.6%	99.6%
		Cl/Chiba/1/9T/2017	99.4%	99.6%	99.6%	99.6%	99.8%	99.8%	99.8%	99.3%	99.3%	99.2%	99.5%	99.4%
		Cl/Miyazaki/1/9T/2017	99.3%	99.4%	99.6%	99.6%	99.6%	99.6%	99.4%	99.2%	99.1%	99.0%	99.4%	99.4%
		Cl/Gifu/1/9C/2017	99.8%	99.1%	99.1%	99.1%	99.2%	99.2%	99.1%	99.1%	99.4%	99.0%	99.4%	99.4%
PA-E/NS-II	PA-E/NS-II	Cl/Kumamoto/1/9C/2016	99.1%	99.2%	99.2%	99.2%	99.4%	99.4%	99.2%	99.1%	99.4%	99.8%	99.3%	99.3%
		Cl/Saga/1/9C/2017	99.1%	99.2%	99.2%	99.4%	99.4%	99.2%	99.2%	99.1%	99.7%	88.9%	99.3%	99.1%
		Cl/HI-NS-I	99.4%	99.5%	99.6%	99.6%	99.8%	99.6%	99.6%	99.4%	99.1%	99.2%	99.5%	99.7%
		MS/Kyoto/1/T/2016	99.4%	99.6%	99.6%	99.6%	99.6%	99.6%	99.6%	99.4%	99.1%	99.5%	99.6%	99.7%

PA遺伝子の由来は、国内家きん由来株の間で3種類に区別され、更に京都で12月22日にコブハクチョウから採取された検体から分離されたウイルスA/mute swan/Kyoto/1T/2016（京都株）を含めると4つの遺伝的に異なるグループ（PA-I, II, III, IV）に分類された（図2）。国内での家きんでの発生に関与したウイルスのほとんど（青森1、2例目、新潟1、2例目、北海道、宮崎1例目、千葉、宮城、岐阜発生株）がPA-Iのグループに属しており、このグループのPA遺伝子の由来は2000年代後半から広がってきた遺伝型のH5N1亜型に由来しており、2013年以降中国で循環しているH5N6亜型HPAIVを直接の先祖としている。PA-IIのグループに属する熊本、佐賀発生株のPA遺伝子は、日本国内、モンゴルや極東ロシアで分離されているH1, H3, H4, H10, H11亜型の鳥インフルエンザウイルスと高い相同意を示している。PA-IIIのグループには、宮崎2例目のウイルスが属しており、モンゴル由来のH2, H3, H10亜型の鳥インフルエンザウイルスと高い相同意を示している。京都株は、これらとは異なるグループ（PA-IV）に属しており、香港、中国南部などで分離された鳥インフルエンザウイルスと高い相同意を示している。PA-Iグループ内での塩基配列の相同意は、99.4%以上であり、またPA-IIに属する2株の間の塩基配列の相同意は99.7%であった。一方で、グループ間での塩基配列の相同意は、PA-I vs PA-IIで92.3-92.5%、PA-I vs PA-III, PA-IVでそれぞれ92.1-92.4%, 91.5-91.6%、PA-II vs PA-IIIで94.5%、PA-II vs PA-IVで93.6%であった（表3）。

表3 グループ別PA遺伝子の塩基/アミノ酸配列の相同意（%）

		塩基												
		Aomori/1/9T	Aomori/2/9C	Niigata/1/9T	Niigata/2/9C	Hokkaido/1/9C9T	Miyazaki/1/9C	Chiba/1/9T	Miyagi/1/9T	Gifu/1/9C	Kumamoto/1/9C	Saga/1/9C	Miyazaki/2/9C	Kyoto/9T
		PA&GNSグループ												
アヒ/鶴	PA-E/NS-I	MD/Aomori/1/9T/2016	100.0%	99.5%	99.5%	99.5%	99.4%	99.7%	99.4%	99.5%	92.4%	92.4%	92.4%	91.6%
		MD/Aomori/1/9C/2016	99.7%	99.7%	99.5%	99.5%	99.4%	99.7%	99.4%	99.5%	92.4%	92.4%	92.4%	91.6%
		Cl/Nagata/1/9C/2016	99.8%	99.8%	99.8%	99.5%	99.6%	99.6%	99.8%	99.5%	92.4%	92.4%	92.3%	91.5%
		Cl/Hokkaido/1/9C/2016	99.8%	99.6%	99.8%	99.6%	99.4%	99.6%	99.8%	99.5%	92.4%	92.4%	92.3%	91.6%
		Cl/Miyazaki/1/9C/2016	99.5%	99.5%	99.5%	99.7%	99.7%	99.7%	99.5%	99.5%	92.4%	92.4%	92.3%	91.6%
		Cl/Chiba/1/9T/2017	99.6%	99.5%	99.7%	99.7%	99.4%	99.5%	99.4%	99.5%	92.3%	92.3%	92.1%	91.5%
		Cl/Gifu/1/9C/2017	99.8%	99.5%	100.0%	99.5%	99.5%	99.5%	99.5%	99.5%	92.4%	92.4%	92.3%	91.5%
		Cl/Kumamoto/1/9C/2016	97.3%	97.3%	97.0%	97.3%	96.9%	96.9%	97.0%	97.3%	92.5%	92.5%	92.3%	91.6%
PA-E/NS-II	PA-E/NS-II	Cl/Saga/1/9C/2017	97.0%	97.0%	96.9%	97.0%	96.7%	96.7%	96.7%	97.0%	99.3%	99.7%	94.5%	98.8%
		Cl/HI-NS-I	97.3%	97.3%	97.0%	97.3%	97.3%	96.9%	96.9%	97.0%	99.0%	98.8%	94.5%	98.6%
		Cl/Miyazaki/1/9T/2017	96.8%	96.6%	96.6%	96.6%	96.8%	96.8%	96.8%	96.5%	98.7%	98.6%	98.6%	98.6%
		MS/Kyoto/1/T/2016	96.8%	96.6%	96.6%	96.6%	96.8%	96.8%	96.8%	96.6%	98.7%	98.6%	98.6%	98.6%

NS遺伝子についても、系統遺伝的解析によって二つのグループ（NS-I, NS-II）に分けられることが示された（図3）。NS-I, NS-IIはともに中国で流行しているH5N6亜型HPAIVに由来しているが、岐阜発生株と他の発生株はそれらの遺伝子相同意から明確に異なるグループとして認識された。NS-Iに属するウイルス間での塩基レベルでの相同意は、98.9%以上であったが、NS-IIに属する発生株とのそれは、97.2-97.6%であった（表4）。

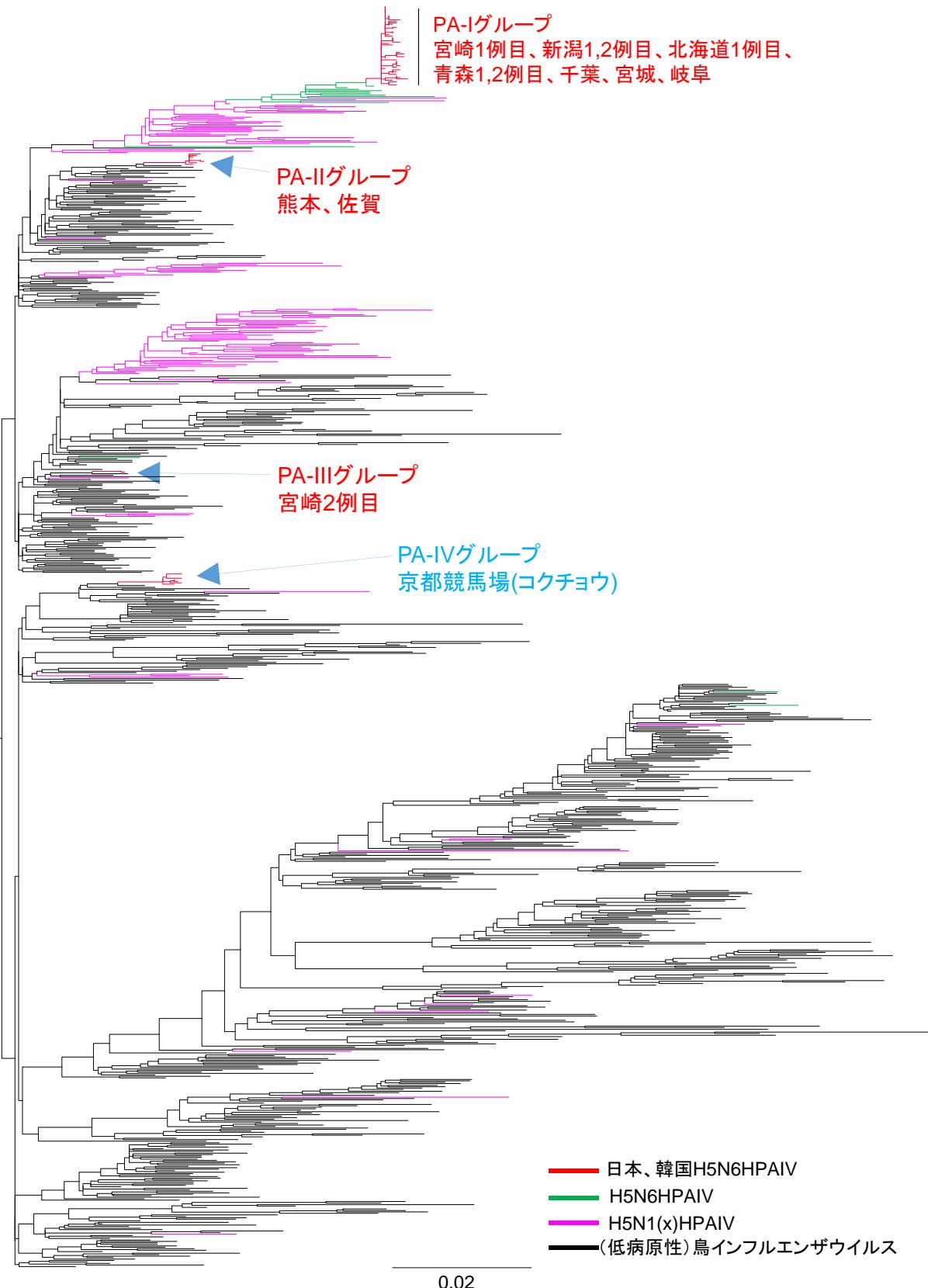


図2 PA遺伝子の系統樹

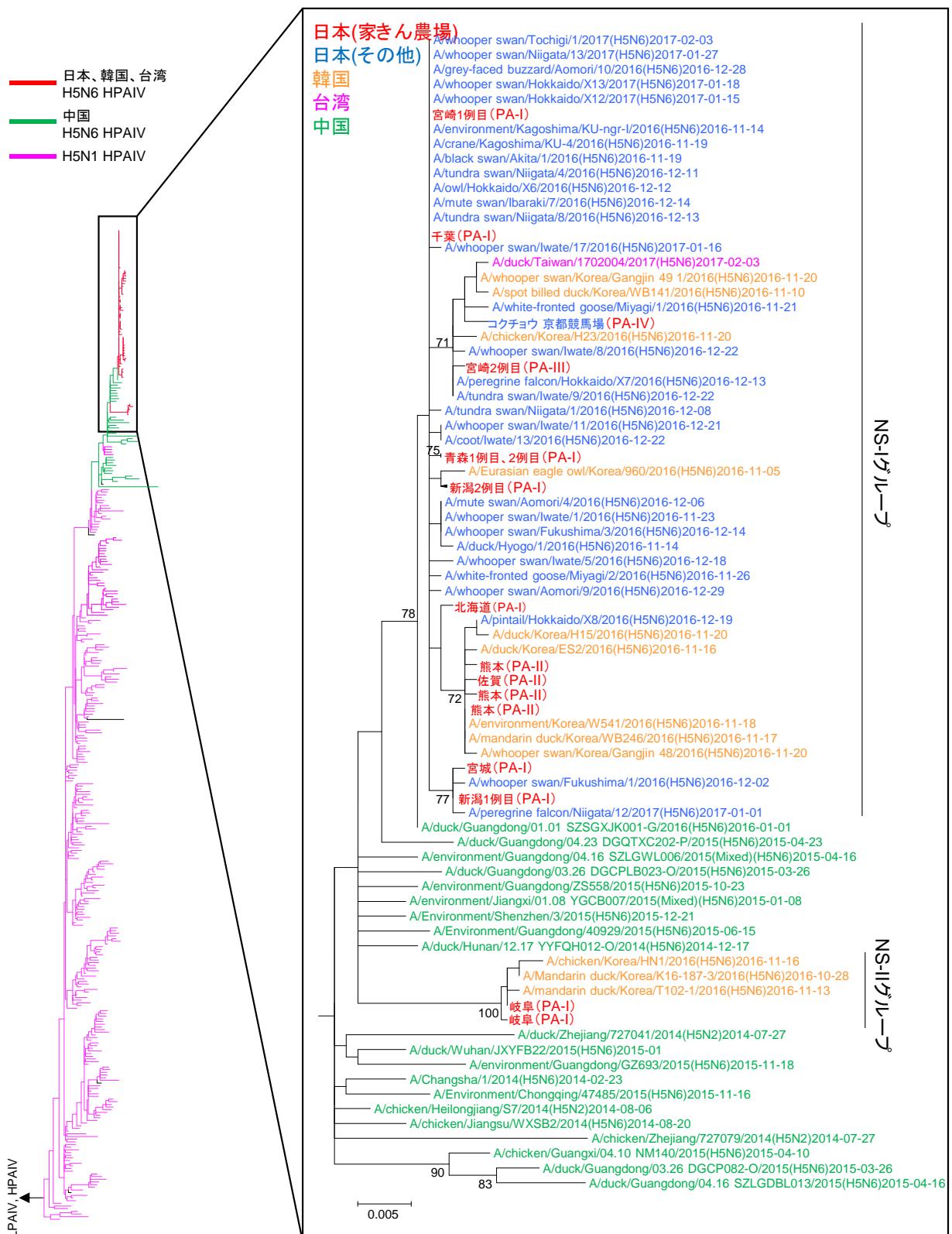


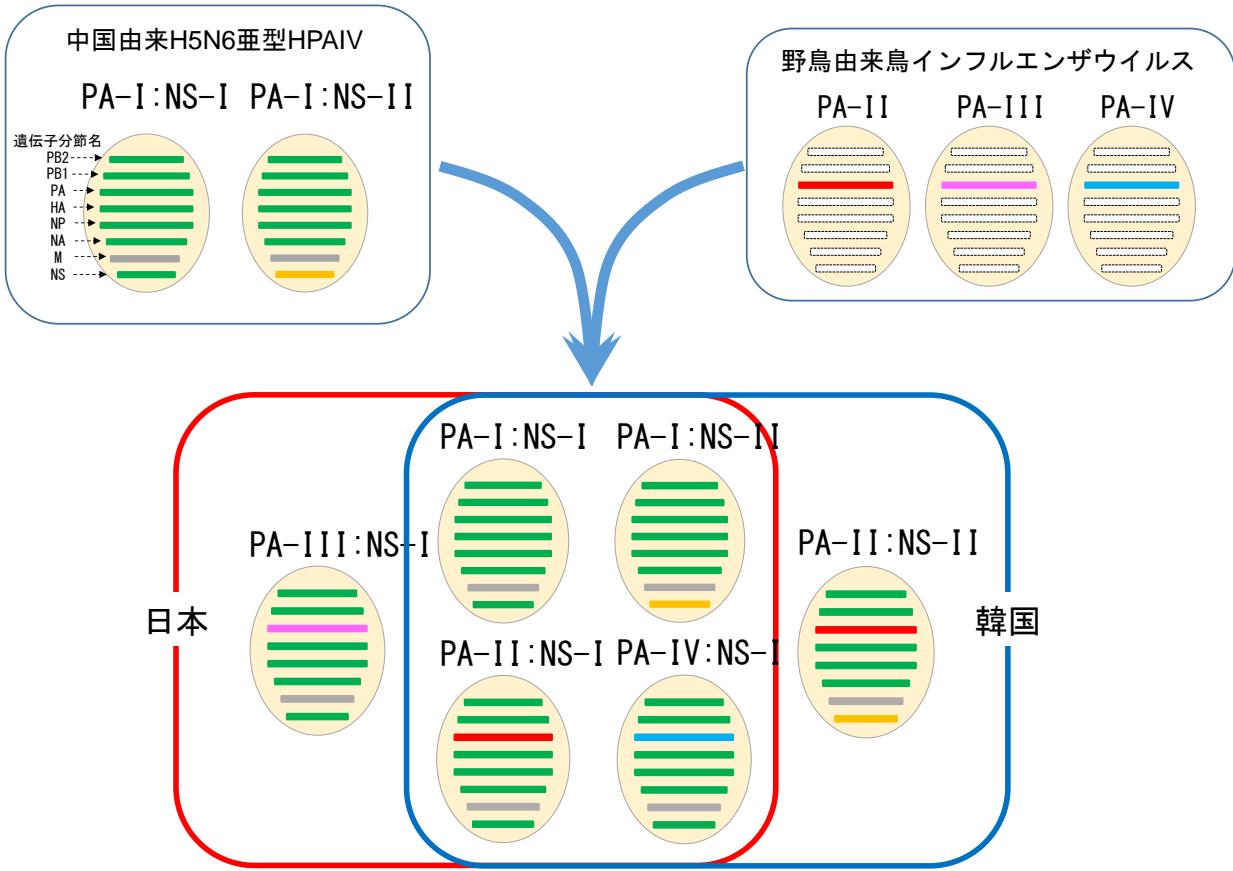
図3 NS遺伝子系統樹

表4 グループ別NS遺伝子の塩基/アミノ酸配列の相同性(%)

	PA&UNSGループ	Aomori/1/FT	Aomori/2/IC	Niigata/1/FT	Niigata/2/9C	Hokkaido/1/IC/3C	Miyazaki/1/4C	Chiba/1/FT	Miyagi/1/FT	Gifu/1/IC	Kumamoto/1/2C	Saga/1/IC	Miyazaki/2/9C	Kyoto/1/FT
		99.8%	99.5%	99.5%	99.5%	99.7%	99.7%	99.8%	97.4%	99.3%	99.3%	99.3%	99.1%	
MD/Aomori/1-FT/2016		99.8% (100%)	99.5% (100%)	99.5% (100%)	99.5% (100%)	99.7% (100%)	99.7% (100%)	99.8% (100%)	97.4% (100%)	99.3% (100%)	99.3%	99.3%	99.1%	
MD/Aomori/2-1C/2016				99.6% (100%)	99.6% (100%)	99.6% (100%)	99.6% (100%)	99.6% (100%)	97.5% (100%)	99.3% (100%)	99.3%	99.3%	99.3%	
Ck/Niigata/1-FT/2016		99.5% (100%)	100% (100%)		99.5% (100%)	99.5% (100%)	99.7% (100%)	99.7% (100%)	97.6% (100%)	99.2% (100%)	99.2%	99.2%	99.1%	
Ck/Niigata/2-5C/2016		99.8% (100%)	100% (100%)	100% (100%)		99.5% (100%)	99.5% (100%)	99.7% (100%)	97.4% (100%)	99.2% (100%)	99.3%	99.3%	99.1%	
Ck/Hokkaido/1-1C/2016	PA-ENS-I	99.4% (100%)	99.5% (100%)	99.5% (100%)	99.5% (100%)	99.7% (100%)	99.7% (100%)	99.8% (100%)	97.4% (100%)	99.5% (100%)	99.5%	99.5%	99.1%	
Ck/Miyazaki/1-4C/2016		99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	99.5% (100%)	100.0% (100%)	99.6% (100%)	97.6% (100%)	99.5% (100%)	99.5%	99.6%	99.5%	
Ck/Chiba/1-1T/2017		99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	99.5% (100%)	100% (100%)	99.8% (100%)	97.6% (100%)	99.5% (100%)	99.5%	99.6%	99.8%	
Ck/Miyagi/1-5T/2017		99.8% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	97.5% (100%)	99.1% (100%)	99.1%	99.2%	99.0%	
Ck/Gifu/1-1C/2017	PA-ENS-II	99.4% (98.2%)	99.5% (98.2%)	99.5% (98.2%)	99.5% (98.2%)	99.5% (98.2%)	99.5% (98.2%)	99.5% (98.2%)	97.3% (98.2%)	97.3% (98.2%)	97.5%	97.5%	97.5%	
Ck/Kumamoto/1-2C/2016	PA-II:ENS-I	99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	96.5% (98.2%)	99.7% (100%)	99.1%	99.1%	98.9%	
Ck/Saga/1-1C/2017		99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	99.5% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	100% (100%)	99.1%	99.1%	98.9%	
Ck/Miyazaki/2-2C/2017	PA-III:ENS-I	98.3% (100%)	98.8% (100%)	98.8% (100%)	98.8% (100%)	98.2% (100%)	98.8% (100%)	98.6% (100%)	98.1% (100%)	98.6% (100%)	98.6%	98.6%	98.5%	
MS/Kyoto/1T/2016	PA-IV:ENS-I	97.7% (96.2%)	98.2% (96.2%)	98.2% (96.2%)	97.7% (96.2%)	98.2% (96.2%)	98.2% (96.2%)	94.6% (96.2%)	97.3% (96.2%)	94.6% (96.2%)	98.5%	98.5%	98.4%	

* NS1のアミノ酸配列相異性、NS2のアミノ酸相異性は括弧内に示した。

このように系統遺伝学的解析によって、国内家きん発生株はPA-I:NS-I, PA-I:NS-II, PA-II:NS-I, PA-III:NS-Iの4つの遺伝型に区別され、PA-IV:NS-Iに分類される京都株を含めると2016年度冬期に国内に侵入したH5N6亜型HPAIは、少なくとも5つの遺伝型に分けられることが明らかになった（図4）。



また、図5（未公表を含む野鳥の解析結果を含む）に示すように、PA-I:NS-Iの遺伝型のウイルスによるHPAIは全国的に分布していた一方、PA-II:NS-Iの遺伝型ウイルスは熊本県と佐賀県の発生から分離されており、他の遺伝型のウイルスは、家きんでの発生は岐阜(PA-I:NS-II)、宮崎 (PA-III:NS-I) の発生とそれぞれ単発であった。

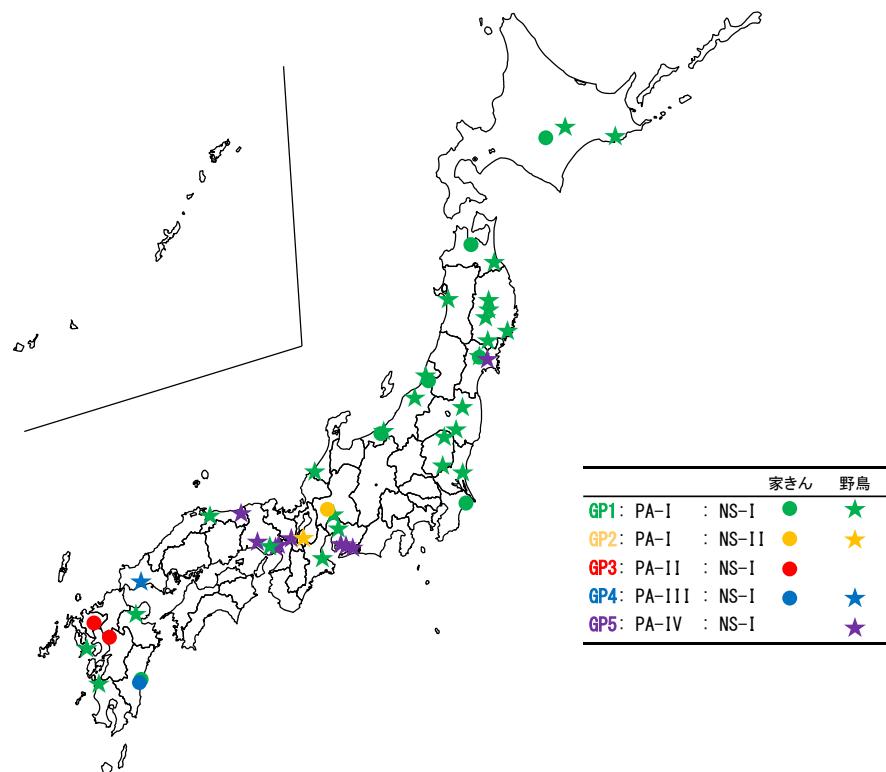


図5 各遺伝型ウイルスの国内での分布

2016年度冬期に韓国で発生したH5N6亜型HPAIVに関してこれまでに報告されている情報によると、PA-I:NS-I, PA-I:NS-II, PA-II:NS-I, PA-IV:NS-Iのグループに属するウイルスは韓国でも報告されているが、宮崎2例目に見られたPA-III:NS-Iの遺伝型のウイルスは報告されていない。一方で、国内の発生株で見られなかったPA-II:NS-IIの遺伝型のウイルスが韓国で報告されている[23, 24, 25, 26]。

以上のような系統解析の結果から、HA遺伝子が比較的均一であるにもかかわらず複数の由来を持つPA遺伝子の存在が明らかになり、また4つのPA遺伝子のグループのうち3つが野鳥に存在する鳥インフルエンザウイルスに由来していることから、2016年夏期に野鳥の営巣地又は中継地において広範囲にわたってH5N6亜型HPAIVが拡散して野鳥の持つ鳥インフルエンザウイルスと遺伝子再集合を起こしていた可能性が考えられた。PA-I:NS-I, PA-I:NS-IIのそれぞれの遺伝子分節は全て中国で分離されたH5N6亜型HPAIVに由来しているため、営巣地又は中継地での遺伝子再集合が最も簡単な組み合わせによって起こったとすると、PA-I:NS-I及びPA-I:NS-IIの二つの遺伝型を生み出した遺伝子再集合は、2016年の夏以前に中国で起こっており、それによって生じた遺伝子再集合ウイルスであるPA-I:NS-I及びPA-I:NS-IIが中国で野鳥に感染して、営巣地又は中継地に運ばれたと考えられる。営巣地又は中継地に運ばれた二つのウイルスはさらに由来の異なる3種類の鳥インフルエンザウイルスとの間でそれぞれ遺伝子再集合を起こすことによってPA-II:NS-I, PA-II:NS-II, PA-III:NS-I, PA-IV:NS-Iが生じて、それらが秋の渡り等の移動に伴って、日本、韓国に運ばれたと考えられる。今回解析したウイルスと韓国でこれまでに報告されたウイルスでNS-IIの遺伝型を持つウイルス

は、PA-I:NS-II, PA-II:NS-IIであることから、PA-I:NS-II遺伝型のウイルスはPA-IIを持つウイルスと遺伝子再集合を起こしたものだけが検出されていることになる。一方、NS-Iの遺伝型を持つウイルスは、PA-I:NS-I, PA-II:NS-I, PA-III:NS-I, PA-IV:NS-Iであり、PA-I:NS-I遺伝型のウイルスは遺伝型の異なるPA遺伝子を持つ3種類の鳥インフルエンザウイルスと遺伝子再集合を起こしたことになる。遺伝子再集合の頻度がウイルスの広がりと関連しているとすると、PA-I:NS-I遺伝型のウイルスはより広い範囲の営巣地又は中継地に拡散していたと考えられる。また、PA-I:NS-I遺伝型のウイルスの分布とPA-I:NS-II遺伝型のウイルスの分布は一部重なっていたと考えられる。しかしながらこの仮説は、ウイルスの遺伝型と家きんで発生を引き起こす能力が無関係であり、今回解析したウイルスやこれまでに韓国から報告されているウイルスの遺伝型が、2016–17年冬期に国内及び韓国で分離されたウイルスを代表している場合に成立するということに注意しなければならない。

(2) ウイルスの病原性について

HPAI発生農場由来のウイルスの病原性を調べるために、OIEの定める手技に従つて、新潟1例目由来株、宮崎2例目由来株、熊本由来株、青森1例目由来株について4週齢から8週齢の白色レグホン8羽を用いて、静脈内接種試験を行った。その結果、ウイルス感染性漿尿膜腔液を静脈内接種して24時間以内に全ての鶏が死亡した。また、HAタンパク質の塩基配列から推定されるアミノ酸配列に関しては、全ての発生農場由来ウイルスについてHPAIVの特徴であるHAタンパク質開裂部位に連続した塩基性アミノ酸配列が認められた。

表5 国内分離HPAIV経鼻投与時の鶏50%致死量及び静脈内接種試験

感染ウイルス株名	由来	鶏50%致死量 (\log_{10} CLD ₅₀)	静脈内接種試験
A/chicken/Niigata/1-1T/2016 (H5N6)		3.25	全羽24時間以内に死亡
A/chicken/Miyazaki/2-2C/2017 (H5N6)		4.75	全羽24時間以内に死亡
A/chicken/Gifu/1-1T/2017 (H5N6)	2016–2017年家きん由来分離株	5.00	-
A/chicken/Kumamoto/1-2C/2016 (H5N6)		5.00	全羽24時間以内に死亡
A/muscovy duck/Aomori/1-3T/2016 (H5N6)		5.25	全羽24時間以内に死亡
A/mute swan/Kyoto/1T/2016 (H5N6)	2016–2017年野鳥由来分離株	3.00	-
A/duck/Hyogo/1/2016 (H5N6)		5.00	-
A/chicken/Miyazaki/7/2014 (H5N8)		4.50	文献6
A/duck/Chiba/26-372-48/2014 (H5N8)		3.50	
A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 (H5N8)		5.00	文献7
A/chicken/Miyazaki/S4/2011 (H5N1)	過去シーズンの国内家禽、野鳥由来分離株	4.30	
A/chicken/Shimane/1/2010 (H5N1)		3.00	文献8
A/mandarin duck/Miyazaki/22M-765/2011 (H5N1)		3.00	
A/chicken/Yamaguchi/7/2004 (H5N1)		2.00	文献9

次に、家きん発生由来株としてA/chicken/Niigata/1-1T/2016（新潟1例目株）、A/chicken/Miyazaki/2-2C/2017（宮崎2例目株）、A/chicken/Gifu/1-

1T/2017（岐阜株）、A/chicken/Kumamoto/1-2C/2016（熊本株）、A/muscovy duck/Aomori/1-3T/2017（青森1例目株）及び野鳥由来株として京都株、兵庫県で厚生労働省のインフルエンザウイルス感染源調査事業で採取されたカモ糞便に由来するA/duck/Hyogo/1/2016（兵庫株）を用いて、鶏50%致死ウイルス量(CLD₅₀)を決定した（表5）。その結果、家きん由来株である新潟1例目株、野鳥由来株である京都株のlog₁₀CLD₅₀は、比較的低くそれぞれ3.25、3.0であった。その他の株については、4.75-5.25と高い値を示した。特に注目すべきこととして、10⁶EID₅₀のウイルスを接種した群において、青森1例目株を除くすべての株では、接種したニワトリ全羽が投与2日後から4日後に死亡したが、青森1例目株では5羽中1羽のニワトリが二週間の観察期間を生残した。この鶏については、観察期間中に肉冠のチアノーゼ（投与3日後から11日後）と沈鬱（投与4日後から6日後）を示すとともに、観察期間終了時（投与14日後）に採取した血清は、ELISA試験において抗インフルエンザウイルス抗体陽性を示した。また、観察期間中に投与2、3、5、7、10日後に採取されたクロアカスワブ、投与2、3、5日後の気管スワブにおいてウイルス排泄が認められた。このことから、今回の発生株の中には、ニワトリに感染しても必ずしも鶏を殺さないウイルスが存在している可能性が示された。

過去のHPAI発生に由来するウイルスのlog₁₀CLD₅₀は、平成15年度の国内発生株であるA/chicken/Yamaguchi/7/2004(H5N1)が2.0と最も低く、平成22年度の野鳥由来株 A/mandarin duck/Miyazaki/22M-765/2011(H5N1)と家きん発生株 A/chicken/Shimane/1/2010(H5N1), A/chicken/Miyazaki/S4/2011(H5N1)が3.0-4.3で、平成26年度のカモ糞便由来株A/duck/Chiba/26-372-48/2014(H5N8), 家きん発生株 A/chicken/Miyazaki/7/2014(H5N8), A/chicken/Kumamoto/1-7/2014, (H5N8)は3.5-5.0であった。これらの比較から、近年のHPAIVは鶏に対する感染性、致死性が低下している可能性が考えられた。

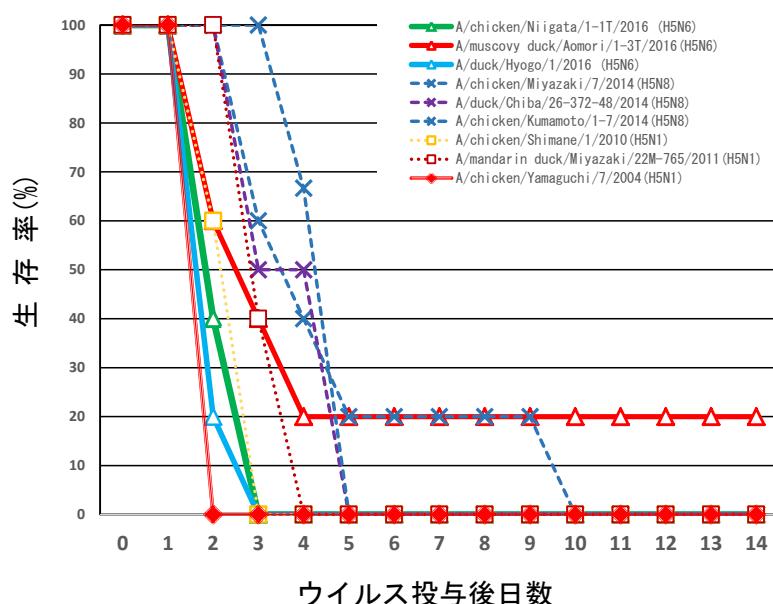


図6 10⁶EID₅₀経鼻投与による鶏の生存曲線

青森1例目、新潟1例目株及び兵庫株を 10^6 EID₅₀で経鼻投与することによってあひる（アヒル（マガモが家畜化されたもの。学名：*Anas platyrhynchos domesticus*）及びフランスガモ（ノバリケンが家きん化されたもの。マスコビーダック、バリケンともいう。学名：*Cairina moschata domestica*））に対する感染性、死亡率を検索した（表6）。青森1例目は、アヒル及びフランスガモに対する致死性を示さなかった。新潟1例目株はアヒルには致死性を示さなかつたが、フランスガモの半数を死亡させた。兵庫株はアヒルの半数を死亡させたが、フランスガモに対する致死性はなかつた。青森1例目の発生農場では、フランスガモの死亡例が認められたが、農場で死亡したフランスガモから分離された青森1例目株は、感染実験では 10^6 EID₅₀という高濃度のウイルスの投与でもフランスガモを死亡させなかつた。原因として、フランスガモの週齢や環境ストレスの違いが考えられた。その他の原因として、農場に侵入したウイルスがフランスガモを一旦経由することで、フランスガモに対して、弱毒化した可能性も否定できない。

表6 アヒル、フランスガモ 経鼻投与試験

感染ウイルス株名	アヒル死亡率	フランスガモ死亡率
A/muscovy duck/Aomori/1-3T/2016 (H5N6)	0%	0%
A/chicken/Niigata/1-1T/2016 (H5N6)	0%	50%
A/duck/Hyogo/1/2016 (H5N6)	50%	0%

表7 フランスガモ感染後血清の抗インフルエンザウイルス抗体の検索

	投与前			投与後			
	HI	ELISA	ゲル沈	HI	ELISA	ゲル沈	
A/muscovy duck/Aomori/1-3T/2016	<10	-	-	<10	+	+	投与5日後
	<10	-	-	<10	+	+	
	<10	-	-	<10	+	-	
	<10	-	-	<10	+	+	
	<10	-	-	<10	+	+	
	<10	-	-	20	+	+	投与7日後
	<10	-	-	20	+	+	
	<10	-	-	20	+	+	
	<10	-	-	20	+	+	
	<10	-	-	10	+	-	
A/chicken/Niigata/1-1T/2016	<10	-	-	80	+	+	投与14日後
	<10	-	-	10	+	+	
	<10	-	-	10	+	+	
	<10	-	-	d	d	d	
A/duck/Hyogo/1/2016	<10	-	-	10	+	+	
	<10	-	-	20	+	+	
	<10	-	-	10	+	+	
	<10	-	-	20	+	+	

表8 アヒル感染後血清の抗インフルエンザウイルス抗体の検索

	投与前			投与14日後		
	HI	ELISA	ゲル沈	HI	ELISA	ゲル沈
A/muscovy duck/Aomori/1-3T/2016	<10	-	-	10	+	+
	<10	-	-	10	+	+
	<10	-	-	10	+	+
	<10	-	-	40	+	+
A/chicken/Niigata/1-1T/2016	<10	-	-	<10	+	+
	<10	-	-	<10	+	+
	<10	-	-	10	+	+
	<10	-	-	20	+	+
A/duck/Hyogo/1/2016	<10	-	-	20	+	+
	<10	-	-	10	+	+
	<10	-	-	d	d	d
	<10	-	-	d	d	d

青森1例目株をフランスガモに経鼻投与後、5日後、7日後に3羽を安楽死させて血清を採取し、2週間後に生残した7個体の血清とともに赤血球凝集阻止(HI)試験、ELISA、寒天ゲル内沈降反応(ゲル沈)によって、血中抗体を検索した(表7)。投与5、7日後では、投与株に対するHI抗体は認められなかつたが、投与後14日後には全ての個体で10倍以上のHI抗体が検出された。ELISA及びゲル沈で検出される抗インフルエンザウイルス抗体は、投与5日後でそれぞれ全個体と3個体中2個体で認められ、投与7日後ではELISA、ゲル沈ともに全個体陽性を示した。投与14日後では、ELISAでは全個体陽性、ゲル沈では、7個体中6個体で陽性であった。このことから、青森1例目株に感染したフランスガモは感染の比較的早い時期から抗インフルエンザ抗体を産生していることが明らかになった。投与14日後まで生残した新潟1例目株、兵庫株投与フランスガモでは、全例で抗インフルエンザウイルス抗体が検出された。新潟1例目株投与フランスガモのうち、一例でHI抗体が検出されなかつた。

青森1例目株、新潟1例目株、兵庫株を投与し、投与14日後まで生残したアヒルについても同様に血中抗体の検索を行つた。投与14日後まで生残した個体では、全例でELISA、ゲル沈で抗インフルエンザウイルス抗体が検出された。新潟1例目株を投与、生残した個体の半数、青森1例目株、兵庫株を投与して生残した個体全例でHI抗体が検出された(表8)。

アヒル、フランスガモを用いた感染実験の結果、用いた3株ともに 10^6 EID₅₀のウイルス量で全ての個体が感染することが示されるとともに、株ごとにそれぞれの宿主に対して異なる致死性を示すことが明らかになった。このことは、遺伝子レベルで相同性が高いウイルスの間でも、感染する鳥類の種類によって異なる病原性を示すことを示唆している。

(本項目全体に関する参考文献：27, 28, 29, 30)