

横浜市における2024/2025シーズンのインフルエンザウイルス流行株の解析

- 本市における2024/2025シーズンのインフルエンザの流行は、AH1pdm09ウイルスが主流であり、病原体定点ウイルス調査における分離・検出数の80.0%を占めました。また、流行の後半にAH3ウイルス及びB型ウイルス(ビクトリア系統)が分離・検出される傾向がありました。
- 施設別発生状況調査(集団かぜ調査)では、市内18区における学級閉鎖等の集団発生事例を調査し、16集団からAH1pdm09ウイルスが、2集団からAH3ウイルスが分離・検出されました。
- 分離したウイルスの抗原性状は、AH1pdm09ウイルス及びB型ウイルス(ビクトリア系統)はすべての株でワクチン株に対して4倍以内の反応性を示しました。一方、AH3ウイルスでは19株中4株がワクチン株に対して8倍の反応性の低下を示しました。
- 抗インフルエンザ薬耐性株サーベイランスでは、AH1pdm09ウイルス4株のNA遺伝子にH275Yアミノ酸変異が確認されましたが、耐性株の地域流行はみられませんでした。

【インフルエンザ患者報告数】

今シーズンは2024年第43週(10月21～27日)に定点あたり患者報告数が1.07人となり、流行の目安である1.0人を初めて上回りました。この流行開始は昨シーズン(2023年第36週には流行)よりも遅い開始でしたが、過去10シーズンでは3番目に早い流行開始でした。その後、流行は拡大し、2024年第52週(12月23～29日)における定点あたり報告数は60.52人となり、ピークを迎きました。ピークの報告数は過去10シーズンで上から3番目の高さでした。その後、報告数は2025年第2週(定点あたり24.55人)、第3週(定点あたり10.46人)と急速に減少し、第14週には定点あたり0.89人となり、1.0人を下回りました。

【病原体定点ウイルス調査・ARIサーベイランス】

病原体定点ウイルス調査(2024年第36週～2025年第22週)では313件を検査し、AH1pdm09ウイルス84件(80.0%)、AH3ウイルス10件(9.5%)、B型ウイルス(ビクトリア系統)11件(10.5%)の計105件が分離・検出されました。感染症法施行規則の改正に伴い、2025年4月7日から開始されたARIサーベイランス(2025年第15週～2025年第22週)では249件を検査し、AH1pdm09ウイルス3件、AH3ウイルス4件、B型ウイルス(ビクトリア系統)4件の計11件が分離・検出されました。

今シーズンは2024年第37週に磯子区の小児科定点でAH1pdm09ウイルスが、2024年第41週に港北区の内科定点でAH3ウイルスが、2025年第2週に港北区の内科定点でB型ウイルス(ビクトリア系統)がはじめて分離・検出されました。AH1pdm09ウイルスは今シーズンの流行の主流として、2024年第50週及び2025年第2週をピークとして分離・検出されました。AH3ウイルス及びB型ウイルス(ビクトリア系統)は流行の後半において分離・検出される傾向がありました(図2)。

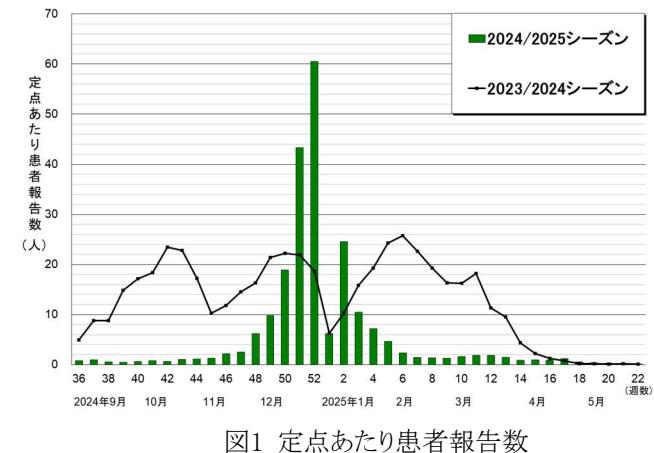


図1 定点あたり患者報告数

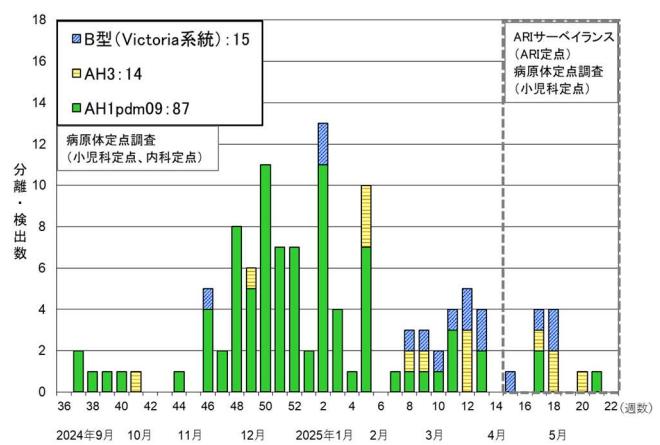


図2 病原体定点及びARI定点におけるインフルエンザ分離・検出状況

【施設別発生状況調査(集団かぜ調査)】

地域流行を捉えるインフルエンザ施設別発生状況調査では、シーズン開始直後の2024年第36週に港南区及び保土ヶ谷区の小学校から報告があり、AH1pdm09ウイルスが分離・検出されました。流行期に入ると10月に3区、11月に5区、12月に5区から発生報告が続き、2024年第50週までに全ての区で調査を実施しました。検査依頼のあった全18集団50人分の搬入検体についてウイルス学的調査を実施したところ、AH1pdm09ウイルス39件(16集団)が、AH3ウイルス5件(2集団)が分離・検出されました(表1)。

表1 施設別発生状況調査(集団かぜ調査)の結果

発生年月日 (採取日)	週	区	施設	ウイルス分離		遺伝子検索		総合判定
				分離 株数	亜型	検出 件数	HA 遺伝子	
2024.09.05	第 36 週	港南	小学校	1	AH1pdm09	1	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.09.06	第 36 週	保土ヶ谷	小学校	4	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.09.10	第 37 週	中	小学校	3	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.09.12	第 37 週	旭	小学校	2	AH1pdm09	0	陰性	AH1pdm09
2024.09.30	第 40 週	都筑	幼稚園	3	AH3	0	陰性	AH3
2024.10.22	第 43 週	金沢	小学校	2	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.10.28	第 44 週	栄	小学校	3	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.10.29	第 44 週	戸塚	小学校	2	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.11.18	第 47 週	青葉	小学校	3	AH1pdm09	3	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.11.22	第 47 週	緑	小学校	3	AH1pdm09	3	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.11.25	第 48 週	鶴見	小学校	2	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.11.25	第 48 週	港北	小学校	3	AH1pdm09	3	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.11.29	第 48 週	西	小学校	2	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.12.05	第 49 週	泉	小学校	3	AH1pdm09	3	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.12.09	第 50 週	磯子	小学校	3	AH1pdm09	1	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.12.10	第 50 週	南	小学校	1	AH1pdm09	1	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.12.13	第 50 週	神奈川	小学校	2	AH1pdm09	2	AH1pdm09	AH1pdm09
2024.12.13	第 50 週	瀬谷	小学校	2	AH3	1	AH3	AH3
合 計				AH1pdm09: 39 株 AH13N2: 5 株		32 件	AH1pdm09: 31 件 AH3: 1 件	AH1pdm09: 39 件 AH3: 5 件

【入院サーベイランス】

入院サーベイランス(その他依頼検査を含む)ではインフルエンザ等を疑う16件を検査し、AH1pdm09ウイルス2件が分離・検出されました(表2)。このうち重症例としての臨床症状は、肺炎1件でした。

全調査の検査合計は628件であり、そのうちAH1pdm09ウイルス128件、AH3ウイルス19件及びB型ウイルス(ビクトリア系統)15件の計162件のウイルスが分離・検出されました(表2)。

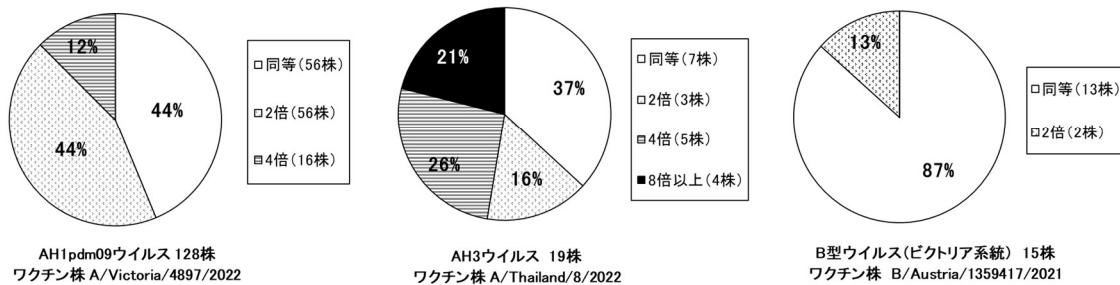
表2 インフルエンザウイルス分離・遺伝子検査結果

各調査項目	インフルエンザ検査数	分離・検出数	AH1pdm09	AH3	B 型 (ビクトリア系統)
病原体定点等調査	313	105	84	10	11
ARI サーベイランス	249	11	3	4	4
施設別発生状況調査	50	44	39	5	0
入院サーベイランス*	16	2	2	0	0
合計	628	162	128	19	15

* その他依頼検査を含む

【分離株の抗原性】

AH1pdm09ウイルス、AH3ウイルス及びB型ウイルス(ビクトリア系統)の分離株の抗原性状について、ウサギ免疫血清によるHI試験結果(参考値)をまとめました(図3)。AH1pdm09ウイルスはワクチン株(A/Victoria/4897/2022)及びB型ウイルス(ビクトリア系統)はワクチン株(B/Austria/1359417/2021)とすべての分離株で同等～4倍差以内の反応性を示し、ワクチン株と類似の傾向がみられました。AH3ウイルスはワクチン株(A/Thailand/8/2022)と19株中4株が8倍の反応性の低下を示しましたが、残りの15株は4倍以内の反応性を示しました。



※ HI試験のワクチン株抗血清はウサギ免疫血清のため、検査結果は参考値である。

図3 2024/2025シーズン分離株のHI試験結果

【抗インフルエンザ薬耐性株サーベイランス】

各調査で分離したAH1pdm09ウイルス、AH3ウイルス、B型ウイルス(ビクトリア系統)におけるキャップ依存性エンドヌクレアーゼ阻害薬(バロキサビル)に対するPA遺伝子の耐性変異部位及びAH1pdm09ウイルスにおけるノイラミニダーゼ阻害薬(オセルタミビル、ザナミビル、ペラミビル、ラニナミビル)に対するNA遺伝子の耐性変異部位を調べました。遺伝子解析の結果、施設別発生状況調査で分離したAH1pdm09ウイルス4株からノイラミニダーゼ阻害薬に対するH275Yアミノ酸変異が検出されました。国立感染症研究所による薬剤感受性試験の結果、オセルタミビルとペラミビルに対し薬剤感受性の低下がみられましたが、ザナミビルとラニナミビルに対しては感受性を保持しており、H275Yアミノ酸変異株の地域流行はみられませんでした。キャップ依存性エンドヌクレアーゼ阻害薬(バロキサビル)に対する耐性変異は検出されませんでした。

【分離株の系統樹解析】

抗原性に関与するHA遺伝子についてPCRで增幅後、ダイレクトシークエンス法により塩基配列を決定し、Neighbor-joining法により系統樹解析を行いました。

AH1pdm09ウイルスの流行株は、HA遺伝子系統樹においてクレード6B.1A.5a.2a (=C.1)(共通アミノ酸置換:K54Q, A186T, Q189E, K308R)内のC.1.9(T120A, K169Q)またはクレード6B.1A.5a.2a.1 (=C.1.1)に含まれるクレードD (T216A)に属しています。C.1.9内ではサブクレードC.1.9.1(P137S)、C.1.9.2(N38D, K480R)、C.1.9.3(S83P, I510T)、C.1.9.4(Q54K, D86N, N125D, I149V)が分岐しており、D内ではサブクレードD.1 (R45K)、D.2(R113K)、D.3(T120A, I372V)、D.4(T120A)、D.5(R45K)が派生しています。解析したAH1pdm09ウイルス株(111株)は、多数の株がC.1(91.0%)に属しており、その他はC.1.1(9.0%)に含まれていました。サブクレードの分類では、C.1.9.3(57.7%)、C.1.9(24.3%)、C.1(8.1%)、C.1.9.1(0.9%)及びD.3(9.0%)でした(図4)。

AH3ウイルス流行株は、HA遺伝子系統樹においてクレード3C.2a1b.2a.2a (=G.1) (H156S)に含まれ、G.1内では、さらにJ (I140K, I223V)、J.1 (I25V, V347M)、J.1.1 (S145N)、J.2 (N122D, K276E)、J.2.1 (F79L, P239S)、J.2.2 (S124N)などが派生しています。解析したAH3ウイルス(16株)は、すべての株がJ.2に属しており、サブクレードの分類では、J.2(68.75%)及びJ.2.2(31.25%)でした(図5)。

B型ウイルス(ビクトリア系統)流行株は、HA遺伝子系統樹において、成熟HAに3アミノ酸欠損をもつクレードV1A.3(=A.3)(162–164アミノ酸欠損, K136E)内のV1A.3a.2(=C)(A127T, P144L, K203R)に属しています。クレードC内では、C.1(H122Q)、C.3(E128K, A154E)、C.5(D197E)などが派生しており、C.5内ではC.5.1(E183K)、C.5.6(D129N)、C.5.7(E183K, E128G)などが分岐しています。解析したB型ウイルス(ビクトリア系統)(15株)は、すべての株がクレードCのC.5に属しており、サブクレードでの分類ではC.5.7(46.7%)、C.5.1(33.3%)、C.5(13.3%)及びC.5.6(6.7%)でした(図6)。

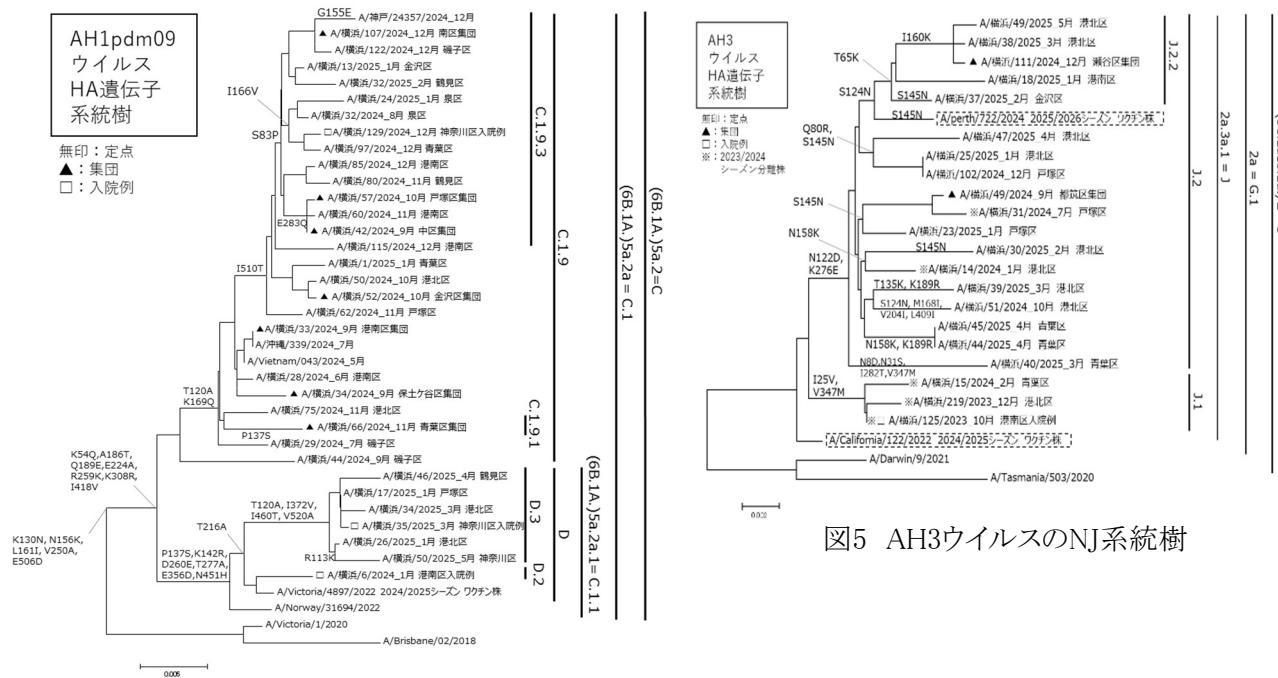


図4 AH1pdm09ウイルスのNJ系統樹

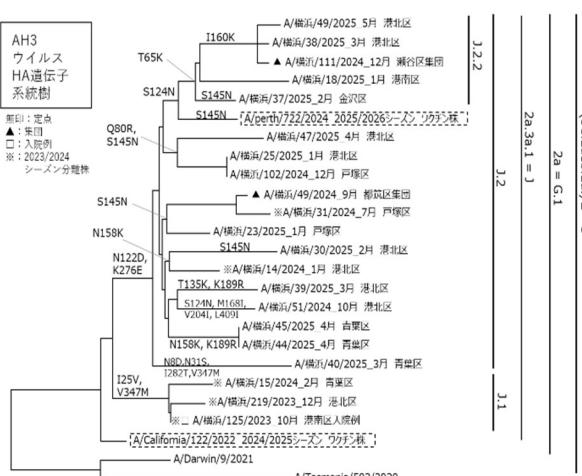


図5 AH3ウイルスのNJ系統樹

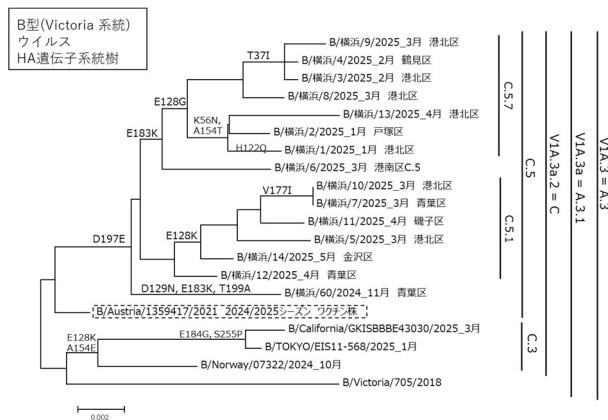


図6 B型ウイルス(ビクトリア系統)のNJ系統樹

【微生物検査研究課 ウィルス担当】