

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

令和 3 年 9 月 24 日
高病原性鳥インフルエンザ
疫 学 調 査 チ ー ム

1. はじめに.....	2
2. 令和2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.....	3
3. 令和2年度における高病原性鳥インフルエンザの発生の特徴.....	5
1) 海外における高病原性鳥インフルエンザの発生状況.....	5
2) 発生農場周辺における野鳥の調査.....	14
3) 2020年—2021年のシーズンにおける野鳥の高病原性インフルエンザ感染状況...	27
4) 分離されたウイルス株の特徴.....	34
4. 総合的考察.....	46
5. 令和2年度の高病原性鳥インフルエンザの発生を踏まえた提言.....	52

1. はじめに

2020 年(令和 2 年)11 月 5 日、H5N8 亜型のウイルスによる高病原性鳥インフルエンザが香川県下で発生した。本病の発生は 2018 年 1 月 11 日の香川県の肉用鶏飼養農場での H5N6 亜型のウイルスによる発生以来、2 年 10 カ月ぶりのことであった。その後、翌年 3 月 13 日までにさらに香川県での 12 例、宮崎県での 12 例、そして千葉県での 11 例を含む計 52 例(18 県)の発生が確認された。

世界的に見ると、欧州においては H5N8 亜型のウイルスによる本病が多発しており、フランスでは 492 例、ドイツでは 223 例、英国 24 例、オランダ 12 例などが報告されている。また、東アジアにおいても昨シーズン発生がなかった韓国において、あひる農場を中心とした 109 例、野鳥においても計 234 例の発生が確認されている。

一方、我が国の野鳥等においても、2020 年 10 月 24 日の北海道紋別市における野鳥糞便からのウイルス分離陽性例を皮切りに、翌年 3 月 3 日までに合計 18 道県 58 事例において同じく H5N8 亜型の高病原性鳥インフルエンザの感染が確認されており、我が国の家きんに対する極めて高いウイルス侵入リスクがあったものと考えられる。

結局のところ、我が国の今回の一連の発生では計約 987 万羽が殺処分の対象となるなど、これまでにない規模での流行となった。また、100 万羽を超える大規模農場でも複数の発生が認められるなど、農場単位でも過去に例のない発生規模であった。さらに比較的狭い地域での連続発生も過去にない今回の流行の特徴となった。

このような状況から、我が国では本病発生後直ちに原因究明を目的として、疫学調査チームによる各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が行われた。また、分離ウイルスの病原性や遺伝子解析等を含む性状検査も実施された。それらの分析結果を踏まえて、今回疫学調査報告書の取りまとめを行い、発生予防・まん延防止対策の強化・徹底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、次シーズンもまた我が国への新たなウイルス侵入及び本病の発生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高病原性鳥インフルエンザ流行予防対策の一層の強化に繋がることを期待したい。

最後に、本報告書の作成に当たり御尽力いただいた疫学調査チーム委員諸氏並びに発生時の防疫対応に当たられた全ての関係者各位に深く感謝申し上げたい。

令和 3 年 9 月 24 日

高病原性鳥インフルエンザ疫学調査チーム座長 伊藤^{としひろ}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学分野教授

2. 令和2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

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30年1月以降、発生がなかった。しかしながら、令和2年に入ってから中国では1月及び2月に、フィリピンでは3月及び7月に、ベトナムでは1月から8月まで、台湾では1月から9月まで、ロシアでは7月から9月まで、家きんにおいて本病の発生が確認されていたこと、野鳥においても8月には韓国において低病原性鳥インフルエンザウイルス、ロシアにおいては本病ウイルスの感染が確認されたことから、農林水産省は本病に対する警戒のため、我が国への侵入リスクが高まる秋の渡り鳥が本格化する前の9月24日に、都道府県等宛てに注意喚起の通知を发出するとともに、10月には都道府県の家畜衛生担当者等を参集した全国会議においても注意喚起を行った。

また、同年10月以降、韓国や欧州において野鳥から本病ウイルスが検出されたこと、同月24日には北海道紋別市で採取された野鳥の糞便からも本病ウイルスが検出されたことから、農林水産省は10月30日に改めて全国への注意喚起を行い、飼養衛生管理基準の遵守と異常家きんの早期発見・早期通報を呼び掛けるとともに、発生時の的確な初動対応が可能となるよう、人員の確保、各都道府県内における連携体制の確認等を都道府県に要請した。

このような中、11月5日、香川県の採卵鶏農場（飼養羽数約31.7万羽）において本病の発生が確認された。その後、令和3年3月13日までに18県において52事例の発生が確認され、約987万羽が殺処分の対象となった。各事例において、飼養家きんの殺処分、焼埋却、消毒等の防疫措置が講じられたが、100万羽を超える規模の農場における発生事例や、養鶏密集地域における続発では、埋却場所・焼却先の確保に苦慮するなど防疫措置に時間を要するケースが見られた。

全国的な対応としては、11月5日の発生以降、多数の農場で発生が確認されたことから、12月9日に農林水産省から都道府県宛てに全国一斉の家畜伝染病予防法に基づく緊急消毒の実施について通知を行うとともに、令和3年1月7日には農林水産省ホームページに注意すべき事項を図示した生産者向けのリーフレットを掲載するとともに各都道府県に周知した。

令和2年度の防疫措置は、令和3年3月29日に終了し、すべての移動制限が4月20日に解除された。その後、6月30日に国際獣疫事務局（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・民間団体等の協力

農林水産省と各発生県は、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、国レベルにおいては、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、関係府省庁間の連携が確認された。

各事例の防疫措置は、自衛隊の他、関係機関・団体、市町村が協力して実施された。農業関係以外の団体からも協力が得られ、農業関係者・非農業関係者が一体となった全県的な対応を実施した事例においては、大規模農場での発生にも関わらず円滑かつ迅速な防疫が行われた。また、農林水産省（農政局、動物検疫所、動物医薬品検査所）、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。加えて、迅速な防疫対応の開始のため、都道府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時間体制で対応した。

3. 令和2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) 概況

2020年秋から2021年春にかけての鳥インフルエンザ流行期（以下、秋から春にかけての鳥インフルエンザ流行期を「シーズン」という。また、2020年～2021年シーズンを「今シーズン」という。）にユーラシア大陸では、その東西において過去最大規模の高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の発生がみられた。

ユーラシア大陸東側をみると、韓国では、今シーズン、家きんにおいて109件（観賞用鳥類飼養農場1件を含む。）のHPAIが発生し、これら発生農場における殺処分数は約1,043万羽とされ、加えて報道情報によると予防的殺処分を含めた総殺処分数は約2,993万羽に達したとされている。前回大発生のあった2016年～2017年シーズンでは、HPAIの家きんでの発生件数は383件、総殺処分数は約3,787万羽であり、今シーズンの発生は韓国における過去2番目の規模の発生となった[1, 2, 3, 4, 5]。日本では、今シーズン、家きんにおいてHPAIが52件発生し、関連農場及び施設含め76戸、合計約987万羽が殺処分され、24農場で約183万羽の殺処分が行われた2010年～2011年シーズンを超える過去最大の発生規模となった[6, 7]。

ユーラシア大陸西側の欧州では、今シーズン、家きんにおいてHPAIが1,248¹戸で発生し、これにより約2,240万羽が殺処分され、2016年～2017年シーズンの1,152戸、約283万羽（2016年10月～2017年4月）を超える過去最大の発生規模となっている。[8, 9, 10]

今シーズン、ユーラシア大陸東西で確認されたHPAIウイルスの主要な血清亜型はH5N8亜型であり、HA遺伝子配列に基づく遺伝子型により分類すると、2016年～2017年シーズンにユーラシア大陸で大発生がみられたウイルスと同じClade 2.3.4.4bに属していた²。さらに、Clade 2.3.4.4bをより詳細に分類し、分子疫学的分析を行うと、発生地域により違いが認められ、日本及び韓国では、今シーズン欧州で主にみられた遺伝子型であるG2クラスター系統に属するウイルスではなく、2019年～2020年のシーズンに欧州で主要な遺伝子型系統であったG1クラスター系統に属するウイルスが比較的多く発生していた。（図2）[11, 12, 13, 14]

(2) 東アジア地域での発生状況

ア. 韓国

① 野鳥

2020年10月21日に忠清南道（ちゅうせいなんどう）天安（ちよなん）市の鳳岡川

¹ 公表されている報告書では、1,247戸とされているが、アイルランドの集計（1件）を含んでいないことから、1,248戸とした。

² 2017年～2018年シーズンの国内家きん及び野鳥発生事例でもClade 2.3.4.4b系統のウイルスが検出されている。

で採取された野鳥の糞便から、H5N8亜型のHPAIウイルスが検出された[1, 2, 3, 4]。その後、2021年5月11日までに、全国の広い範囲で過去最大となる234件³の野鳥由来のHPAIウイルス（いずれもH5N8亜型）の検出が報告されている[1, 2, 3, 4]。

前回世界的に発生がみられた2016年～2017年シーズンにおいて、最初に天安市の鳳岡川でHPAIウイルスが野鳥で確認された時期（10月下旬）は今シーズンと同様であったが、その後、5月上旬までの報告数は65例であり、今回は2016年～2017年シーズンの約3.5倍の発生となっている[12]。

侵入時期及び感染状況については、渡りの状況や渡り鳥の感染状況、野鳥のサーベイランスの実施状況等が影響することから断定はできないが、少なくとも、今シーズンに韓国国内に飛来した渡り鳥において、2016年～2017年シーズン以来となる極めて広範なHPAIウイルスの感染があったと考えられる。

② 家きん

2020年11月27日に全羅北道（ぜんらほくどう）の南部にある井邑市（ちょんうぷし）のあひる農場で採取された検体からH5N8亜型のHPAIウイルスが確認された[1, 2, 4]。

以降、韓国全土の10の道・特別自治市において合計109件（観賞用鳥類飼養農場1件を含む）発生があり、発生数の月別推移は、12月に40件、1月に42件、2月に20件、3月に5件及び4月に1件であると報告されている（図1）。これらのHPAI発生の原因ウイルスはいずれもH5N8亜型ウイルスによるものであった。発生家きん種の内訳は、鶏55件（採卵鶏47件、肉用鶏2件、地鶏1件、種鶏5件）、あひる47件、うずら3件、観賞用鳥類1件、混合飼育3件であり、殺処分の合計数は約1,043万羽と報告されている（図1）。[1, 2, 4]

韓国では、HPAI発生農場及び疫学関連農場だけでなく、発生農場から半径3 km以内（2月15日から暫定的に半径1 km以内へと緩和）で飼養されている家きんについても予防的に殺処分が行われた[2]。今シーズン、現時点でこの予防的殺処分数についての公式発表はないが、現地報道によると、2020年11月から2021年4月までに発生農場、疫学関連農場及び予防的殺処분을併せた総殺処分数は約2,993万羽となったとされている[5]。

2016年～2017年シーズンと今シーズンの比較では、HPAIの家きんでの発生数は383件から109件に減少している[2]。また、殺処分数についても、2016年～2017年シーズンは、予防的殺処分数を併せて3,787万羽であったが、現地報道情報によると今シーズンは2,993万羽に減少したとされている[5]。なお、予防的殺処分数については、対象農場の感染の有無が明らかでないため、韓国国内における感染状況を反映している訳ではないこと、また予防的殺処分の対象範囲が2016年～2017年シーズンでは原則半径500m以内であり、今回は以前よりも広いことに留意が必要と考えられた。

韓国当局は、今シーズンの発生に関する見解として、過去最も被害が大きかった2016年～2017年シーズンに比べて、野鳥におけるHPAIウイルス感染状況が悪い状況

³ 大韓民国環境部のプレスリリースに基づき集計すると232件となる（2021年6月18日現在）。

(約3.5倍)にも関わらず、迅速な防疫措置と農場間の水平伝播防止により、農場での発生件数を最小限に抑える(72%低下)ことができたと評価している[2]。

③ 発生ウイルスの遺伝子型

韓国における今シーズン発生したウイルスの遺伝子型については、韓国の研究グループにより2月中旬に出版社に提出された学術論文(3月に公表)に途中結果がまとめられている。これによると、HA遺伝子による遺伝子型はClade 2.3.4.4bに属しており、さらに、2019年～2020年のシーズンに欧州の比較的東側で発生がみられたG1クラスター系統に属するウイルス及び2020年の夏期にシベリア西端のオムスクやカザフスタンでみられ、その後今シーズンに欧州で大発生を引き起こしたG2クラスター系統に属するウイルスの大きく2つに分類された(図2)。^[13, 14]

また、韓国で確認されたG1クラスター系統のH5N8亜型の鳥インフルエンザウイルスは、HA及びNA遺伝子分節以外の遺伝子再集合(リアソータント)による遺伝子分節の組合せにより、リアソータントしていないウイルスも含め6種類に分類が可能であったとされている。また、G2クラスター系統のウイルスについては、欧州及び日本でみられたものと同じ遺伝子分節の組合せのウイルスであった。^[13, 14]

日本で発生したウイルスを含め、分子疫学に基づく詳細な分析は後段に譲るが、韓国及び日本において発生したH5N8亜型HPAIウイルスは2019年～2020年に発生したヨーロッパのHA遺伝子に由来し、他の遺伝子分節がリアソータントした又はしていないH5N8亜型HPAIウイルス及び2020年の夏期にシベリアで確認され2020年～2021年に欧州で大発生したH5N8亜型HPAIウイルスの2系統が流行し、前者が主要な流行系統のウイルスであったと考えられている(図2)。^[14]

イ. 中国

中国の状況については、OIEへの報告によると2020年後半に山西省(さんせいしょう)朔州市(さくしゅうし)平魯区(へいろうく)において、コブハクチョウ2羽(疑い4,000羽)で発生が確認されている。2021年上半期には、北京、チベット等の5カ所において合計325羽(疑い4,911羽)の野鳥(コクチョウ、コブハクチョウ、インドガン及びオシドリ)でH5N8亜型ウイルスによる発生が確認されている。また、2021年上半期に、遼寧省(りょうねいしょう)瀋陽市(しんようし)において、H5N6亜型のウイルスによる発生がコクチョウ11羽(殺処分280羽)で確認されている。^[1]

家きんでの発生については、2021年5月現在、2020年2月の四川省でのH5N6亜型ウイルスによる発生以降の報告はないが、中国ではワクチンが使用されていることに留意する必要がある。^[1]

ウ. 台湾

台湾では、家きんにおいてHPAIが継続的に発生している。2020年1月から2021年5月24日までの間に雲林県41件、台北市11件等、全国で85件のHPAIが家きんで報告されている。発生したウイルスの血清型の内訳は、H5N5亜型が53件、H5N2亜型が29件及びH5N2亜型・H5N5亜型の同時確認が3件とされている。^[1, 15]

(3) 欧州での発生状況

今シーズン中、欧州では、前回大発生があった2016年～2017年シーズンの発生を超える、過去最大のHPAIの発生がみられた。

ア. 今シーズン

① 野鳥

2020年10月から2021年5月14日までの間に、28か国（EU加盟国27か国中フランス、ドイツ等の23か国及びEU非加盟国5か国（ノルウェー、セルビア、スイス、ウクライナ及び英国））において、合計2,271件⁴のHPAIの発生が確認されている。これらの発生で確認されたHPAIウイルスの血清亜型⁵は、H5（N亜型は不明）亜型が94件、H5N1亜型が92件、H5N3亜型が44件、H5N4亜型が16件、H5N5亜型が65件及びH5N8亜型が1,959件であるとされている。発生数の推移としては、11月初旬から中旬に最大となる流行及び3月上旬が最大となる流行がみられた（図3、図4）。[1, 8, 9, 10]

今シーズンの特徴として10月というシーズンの早い時期に、欧州西部の英国さらにアイルランドにおいて発生が確認されている[10]。

② 家きん

家きんについては、2020年10月から2021年5月14日までの間に、19か国（EU加盟国のうちフランス、ドイツ等17か国並びにウクライナ及び英国）で、疫学関連農場を含め1,248戸⁶でHPAIの発生があり、その原因ウイルスの血清亜型の内訳は、H5（N亜型不明）亜型が50件、H5N1亜型が12件、H5N5亜型が42件及びH5N8亜型が1,144件⁶であったと報告されている。また、殺処分数は、家きんのみに約2,240万羽に達している。[1, 8, 9, 10]

HPAI発生の約9割を占めるフランス、ポーランド及びドイツの状況をみると、フランスでは、2019年～2020年シーズンでは発生数が0件であったが今シーズンは493戸（H5N8亜型：455戸、H5（N亜型は不明）亜型：38戸）、ポーランドでは同じく35戸が340戸に、ドイツでも同じく3戸が233戸と2019年～2020年シーズンより増加している。[1, 8, 9, 10]

今シーズンのHPAIの発生数の推移としては、野鳥の発生のピークから2カ月遅れ1月上旬から中旬にピークを示すフランスを中心とする流行並びに2月からのドイツを中心とする流行に続き3月下旬から4月にかけてのポーランド及びリトアニアを中心とする流行がみられた（図3）。[1, 8, 9, 10]

イ. 2016年～2017年シーズンとの比較

⁴ 公表されている報告書[10]では、2,243件とされているが、集計表を確認した結果、アイルランドの集計（28件）を含んでいないことから、2,271件とした。

⁵ 公表されている報告書[10]では、アイルランドの集計（H5N3亜型：1件、H5N8亜型：27件）を含んでいないことから、これを追加している。

⁶ 公表されている報告書[10]では、アイルランドの集計（H5N8亜型：1件）を含んでいないことから、これを追加している。

過去最大規模のHPAIの発生があった2016年～2017年シーズンでは、野鳥において1,563件、家きんにおいては1,154戸（殺処分数：約283万羽（2016年10月～2017年4月））のHPAIの発生が報告されている。このことから、今シーズンのHPAIの発生規模は野鳥及び家きんともに過去最大となっている。[1, 8, 9, 10]

今シーズンの発生開始時期及び場所は2016年～2017年シーズンとは大きく異なり、野鳥では10月のシーズン初期に2016年～2017年シーズンではポーランドのドイツ国境付近（東経約14度）でHPAIの発生がみられたが、今シーズンではアイルランド（西経約9度）であり加えてドイツ、デンマーク及びオランダで多数の発生が報告されている（図4）。[1, 8, 9, 10]

2016年～2017年シーズンではアイルランド及び英国へのHPAIの到達は12月であり、今シーズンとは約2カ月の差がある。他の違いとしては、今シーズンは2016年～2017年シーズンよりもルーマニア、ブルガリア、ギリシャ等の南東ヨーロッパでの発生報告が多いことが挙げられる。[1, 8, 9, 10]

シーズン末期の4月のHPAIの発生状況としては、2016年～2017年シーズンは野鳥22件及び家きん12件であったが、今シーズンはポーランド及びバルト海沿岸諸国で野鳥211件及び家きん251戸であり、より大規模な発生がみられている（図4）。[1, 8, 9, 10]

ウ．発生ウイルスの遺伝子型

今シーズン、欧州でみられたH5N8亜型のHPAIウイルスの多くは、HA遺伝子分節の遺伝子型がClade 2.3.4.4bに分類され、さらに詳細に分類するとG2クラスターと呼ばれる系統のものであった。一方、先に述べたとおり、アジアではG1クラスター系統のウイルスによるHPAIの発生が多いとされている（図2）。最近の研究によると、G1及びG2クラスターは、2017年以前に分かれたと考えられており、G2クラスターのHA遺伝子をもつH5N8亜型のHPAIウイルスは、2016年以降、欧州、ロシア、アジア及び北アフリカで散見されている。[1, 8, 9, 10]

(4) その他の地域におけるH5N8亜型ウイルスによる発生状況

今シーズン、イラン、イスラエル等の中東地域から南アジアのインドにおいて、H5N8亜型ウイルスによる野鳥及び家きんでの発生が報告されている。アフリカではH5N8亜型ウイルスによる発生は2020年11月に南アフリカの家きんで確認されている。

[1]

※疫学関連農場の殺処分及び発生農場周辺の予防的殺処分が実施されているが、これらは上記殺処分数に含んでいない。
※予防的殺処分を含む総殺処分数については、公表されていない

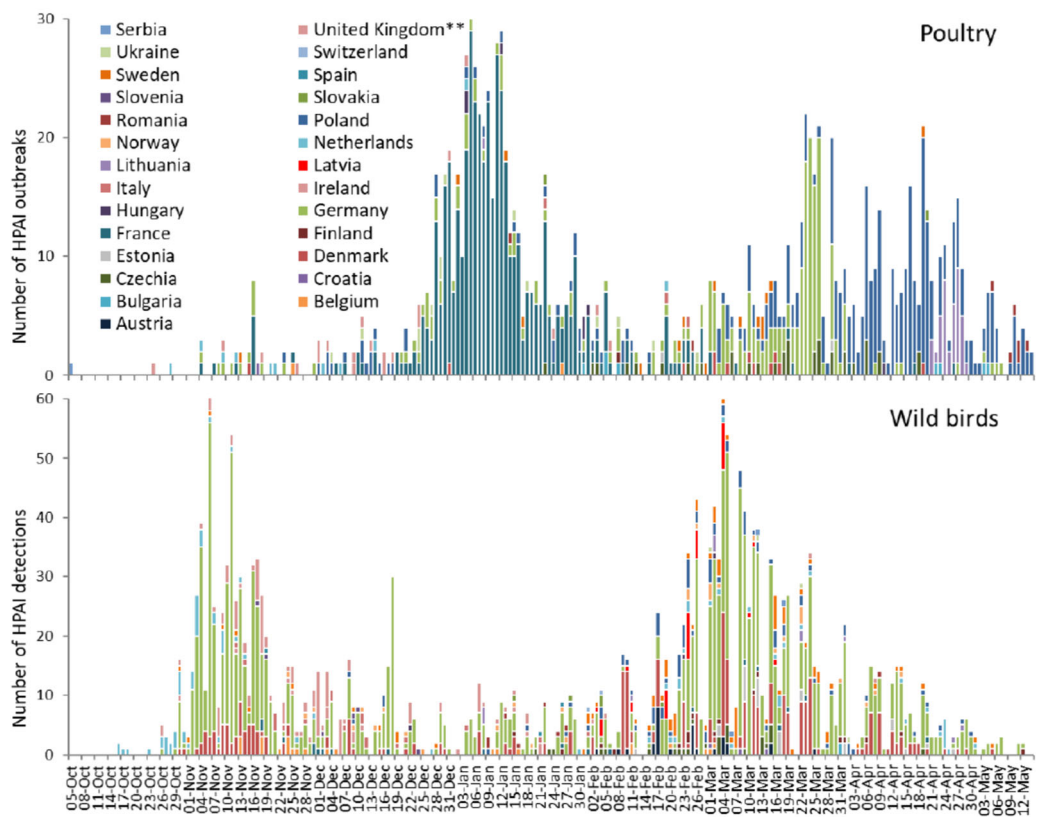


図3 '20～'21シーズンにおける欧州での家きん及び野鳥における
高病原性鳥インフルエンザの発生推移（EU報告書[10]より転載）

注：本図はギリシャの発生（野鳥、H5N8亜型：4件）を含んでいない。

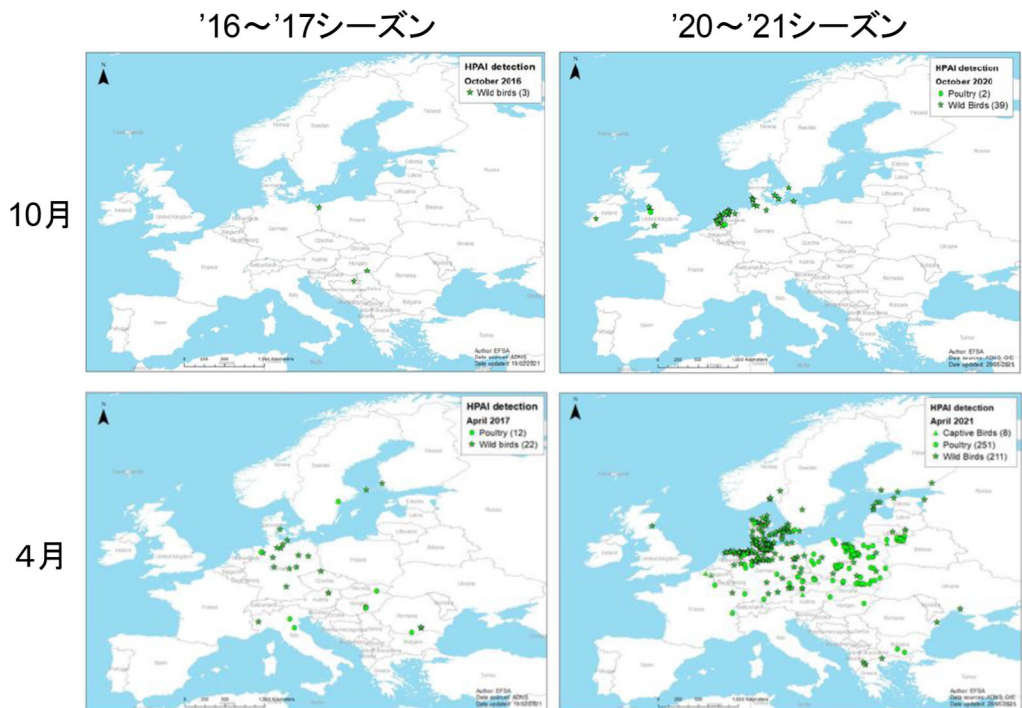


図4 欧州における'16～'17シーズンと'20～'21シーズンとの
発生状況の比較（シーズン初期・シーズン末期）（EU報告書[10]より転載）

<引用文献>

- 1 国際獣疫事務局 (OIE) : 世界動物衛生情報システム (WAHIS) (令和3年5月29日時点) <https://wahis.oie.int/>
- 2 大韓民国農林畜産食品部 <https://www.mafra.go.kr/>
- 3 大韓民国環境部: <http://me.go.kr/home/web/main.do>
- 4 農林水産省: 鳥インフルエンザに関する情報 (4. 世界における鳥インフルエンザの発生状況) (令和3年6月15日時点)
<https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/>
- 5 (報道情報)農民新聞 (농민신문) : 2993万羽殺処分歴代2位…AI防疫対策の管理要求が大きくなり (2993만마리 살처분 ‘역대 두번째’ …AI 방역대책 손질 요구 커져) , 2021年5月31日付け韓国報道情報
<https://www.nongmin.com/news/NEWS/ECO/COW/338980>
- 6 農林水産省: 令和2年度高病原性鳥インフルエンザ国内発生事例について (令和3年6月15日時点)
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/r2_hpai_kokunai.html
- 7 農林水産省: 平成22年度における高病原性鳥インフルエンザの確認状況
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/tori/attach/pdf/ai_domestic_kako-13.pdf
- 8 European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza: Avian influenza overview August - December 2020. EFSA Journal 2020; 18(12), 6379.
- 9 European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza: Avian influenza overview December 2020 - February 2021. EFSA Journal 2021; 19(3), 6497.
- 10 European Food Safety Authority, European Centre for Disease Prevention and Control and European Union Reference Laboratory for Avian Influenza: Avian influenza overview February - May 2021. EFSA Journal. In printing.
(注: 2021年5月31日時点の公表資料を用いた。)
- 11 Isoda, N., Twabela, AT., Bazarragchaa, E., Ogasawara, K., Hayashi, H., Wang, ZJ., Kobayashi, D., Watanabe, Y., Saito, K., Kida, H. and Sakoda, Y. Re-Invasion of H5N8 High Pathogenicity Avian Influenza Virus Clade 2.3.4.4b in Hokkaido, Japan, 2020. Viruses. 2020; 12(12), 1439.
- 12 Sakuma, S., Uchida, Y., Kajita, M., Tanikawa, T., Mine, J., Tsunekuni, R. and Saito, T. First Outbreak of an H5N8 Highly Pathogenic Avian Influenza Virus on a Chicken Farm in Japan in 2020. Viruses. 2021; 13(3), 489.
- 13 Baek, YG., Lee, YN., Lee, DH., Shin, JI., Lee, JH., Chung, DH., Lee, EK., Heo, GB., Sagong, M., Kye, SJ., Lee, KN., Lee, MH. and Lee, YJ. Multiple Reassortants of H5N8 Clade 2.3.4.4b Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses Detected in South Korea during the Winter of 2020-2021. Viruses. 2021; 13(3). 490.
- 14 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: プレスリリース (研究成果) 今期国内の高病原性鳥インフルエンザウイルスの遺伝的多様性. 2021年3月10日公表

- 15 台湾行政院農業委員会動植物防疫検疫局
<https://www.baphiq.gov.tw/>

2) 発生農場周辺における野鳥の調査

森口紗千子

発生農場周辺における野鳥の調査は、農林水産省による疫学調査の一環として実施される野鳥調査（以下、「疫学調査における野鳥調査」という。）と、環境省による緊急調査が実施されている。両調査結果を統合し、発生農場周辺における野鳥の生息状況を明らかにした。

(1) 方法

ア 調査方法

発生農場周辺における野鳥の調査

農林水産省では、「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（2020年7月）（農林水産省，2020）」（以下「防疫指針」という。）に則り、家きんの発生農場に疫学調査チームが派遣され、疫学調査が実施される[1]。疫学調査における野鳥調査は、農場敷地内及び農場付近のため池や河川などの水域を主な調査地点とし、農場周辺における野鳥の生息状況が調査されている。高病原性鳥インフルエンザウイルスが野鳥、飼養鳥、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（2018年10月）」（環境省，2018）（以下「野鳥マニュアル」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が環境省により指定され、その範囲内で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が実施される[2]。緊急調査は、原則として野鳥監視重点区域内の都道府県により実施されるが、環境省が派遣する緊急調査チームにより実施される場合もある。

調査方法や記録内容は、調査や実施者により大きく異なる。疫学調査における野鳥調査は、疑似患者確定日もしくは翌日に、半日程度で実施される。疫学調査における野鳥調査は、農場に近い各水域において、双眼鏡及びスコープを用いたカモ類等の水鳥類の種と個体数の計数が中心であるが、農場敷地内及び農場に近接する山林や農地等を含め、鳥類全般についても出現した鳥類の種や個体数が記録される。家きん発生時の緊急調査は、野鳥監視重点区域が設定された後に実施され、調査時間は3日間程度である。発生場所の状況等により、同じ地点を複数回調査する場合もみられる。野鳥マニュアル（環境省，2018）によると、調査内容は感染鳥等の情報の確認と記録、環境調査、渡り鳥飛来状況・鳥類相調査、大量死や異常の有無の調査、給餌等の調査、放し飼いの調査の計6項目である。本章では、このうち渡り鳥飛来状況・鳥類相調査と大量死や異常の有無の調査について利用する。調査地点は、カモ類等の検査優先種が多数確認されることが想定される場所（水面、水田等）を中心に、野鳥監視重点区域内に10地点程度が設定される。双眼鏡及びスコープを用い、有視界の範囲で出現した鳥類の種、個体数、主だった行動等について記録される。

本章では、緊急調査が実施された34例の発生農場周辺半径10km圏内の野鳥について、疫学調査における野鳥調査と緊急調査の両調査（以降、「本調査」とする。）結果

をまとめて報告する。2020 年 11 月から 2021 年 3 月までに、家きん農場における発生は 52 例みられた。特に香川県、宮崎県、千葉県では、野鳥監視重点区域が大きく重複する近隣地域での続発例がみられた。そのため、農林水産省の疫学調査はすべての発生農場で実施されたが、発生農場周辺地域において、疫学調査における野鳥調査は、続発例等を除く 35 例でのみ実施された（表 1）。その他香川県の 3 例においても、疫学調査チームにより、農場に近接するため池各 1 カ所について、カモ類の生息状況調査が実施された。同様に、環境省の家きん発生に伴う緊急調査も、続発例を除く 34 例（そのうち 1 例では疫学調査における野鳥調査は未実施）で実施された。

イ 解析方法

緊急調査が実施された 34 農場を中心として半径 10 km のバッファ（以下、「農場バッファ」という。）を設定し、その範囲内に含まれる水域や農場周辺で得られた疫学調査における野鳥調査及び緊急調査のデータを抽出した。両調査で重複する調査地点や、近隣農場での発生を受けて実施した疫学調査における野鳥調査及び緊急調査等、複数回調査されている地点のデータは、疑似患畜確定日の前後 2 週間以内に調査された中で、各種の最大値を利用した。河川やダムなど、調査主体ごとに地点数や調査地点が異なる場合は、同じ調査主体により同日に調査された近隣地点のデータをまとめて 1 地点として扱い、同地域の別の調査主体のデータと同地点とした。種不明データが多い地点で複数回のデータが得られている場合は、同地点における該当分類群の総個体数が多い調査回の種不明データを採用した。種不明の分類群の内訳の種が記載されている場合は、該当分類群の種不明とし、確認された種は「+」として記録した。

実施主体等により、本調査内でも野鳥の調査内容は大きく異なった。特に水鳥類以外の鳥種について記録されない調査回もみられた。緊急調査では、検査優先種 1~2 以外のカモ類等水鳥類に関しても、種ごとの個体数が記録されない例もあるなど、記録方法にもばらつきがみられた。そのため、種ごとの個体数や種数について、すべての種やすべての地域間で比較することは困難であるため、どの調査でも種や個体数の情報が得られているカモ類に限定して比較した。

ガンカモ類の生息調査によるカモ類の生息数及び優占種の比較

環境省によるガンカモ類の生息調査（以下「ガンカモ類調査」とする。）は、毎年 1 月中旬に 1 回実施されている全国調査である（環境省，2021）[3]。2016-2020 年 1 月の調査では、平均 9,007 地点でガンカモ類の個体数が種ごとに計数されている。

全国のガンカモ類調査地点が位置する範囲内に、約 20km×20 km のメッシュを作成し、中心点から半径 10 km のバッファを発生させた。その中から、ガンカモ類調査の調査地点を 1 カ所以上含むバッファ（以下、「全国バッファ」とする。）を抽出した。それぞれのバッファ内で過去 5 年間（2016-2020 年）のガンカモ類調査で観察されたカモ類の個体数の平均値を算出した。

本調査による発生農場周辺のカモ類の優占種と、ガンカモ類調査による発生農場の位置する地域におけるカモ類の優占種を比較するため、過去 5 年間（2016-2020 年）の

ガンカモ類調査の結果を用いて、カモ類の地域間における種構成を比較した。カモ類各種の個体数は、各地域ブロックで合計し、5年平均値の個体数が多かった種について比較した。同様に、本調査結果についても各地域ブロックで合計し、個体数の比率及び優占種をガンカモ類調査の結果や地域間で比較した。また、本調査により観察されたカモ類で個体数の多かった上位3種について、農場バッファごとに抽出した。ただし、種不明の個体数が上位3種に入る場合は除外し、4位の種を採用した。

農場バッファ内におけるカモ類の個体数の比較

続発地域として、香川県三豊市（緊急調査3回）、千葉県北東部（緊急調査4回）、宮崎県北部（緊急調査5回）、宮崎県南部（緊急調査4回）の4地域、孤発地域としてそれ以外の18地域について、本調査で得られたカモ類の個体数密度を比較した。本章における続発地域とは、半径10km以内の地域において同じ遺伝子型の発生が2農場以上含まれる地域（(4)-図2）として定義した。各続発地域における農場バッファは、全ての農場バッファを合成した最外郭を用いた。各調査地点におけるカモ類各種の個体数の最大値の合計を、農場バッファの最外郭面積で除し、カモ類の個体数密度を算出した。加えて、農場バッファのカモ類の個体数密度と、ガンカモ類調査結果による全国バッファ内のカモ類の個体数密度を比較した。全国バッファ内の調査地点数により、カモ類の個体数は過小又は過大評価される恐れがある。そこで、農場バッファの調査地点数である8～28地点の範囲内に限定し、農場バッファの調査地点数の分布に合致する全国バッファ66個をランダムに抽出した。続発地域、孤発地域及び全国バッファのカモ類の個体数密度は、Wilcoxonの順位和検定を用いてペアワイズで比較し、P値の有意水準は総当たりの組み合わせ数（ $N = 3$ ）でボンフェローニ補正を行い、0.017とした。また、サンプルサイズに影響されない効果の大きさを示す指標として、各検定における効果量（ r ）を算出した。Wilcoxonの順位和検定のようなノンパラメトリック検定における効果量は、0.1～0.3までは効果が小さく、0.3～0.5が中程度、0.5以上は効果の程度が大きいとされる。

同様に、続発地域の香川県三豊市、千葉県北東部、宮崎県とその他の地域についても、半径10km圏内のカモ類の個体数密度を比較した。各地域間におけるカモ類の個体数密度は、Wilcoxonの順位和検定を用いてペアワイズで比較し、P値の有意水準は総当たりの組み合わせ数（ $N = 6$ ）でボンフェローニ補正を行い、0.008とした。サンプルサイズに影響されない効果の大きさを示す指標として、各検定における効果量（ r ）を算出した。

距離計測、バッファの発生等のすべてのGIS解析は、ArcGIS Pro 2.7.3（Esri Inc. 2020）を用いた。統計解析は、R version 4.0.3（R Core Team 2020）で行なった。

(2) 調査結果

疫学調査における野鳥調査による周辺地域の調査は、1農場あたり2時間～半日以内程度であり、ため池等の水域は、1回あたり1～21地点で調査された（表1）。緊急調査は疑似患畜確定日の前日～8日後より開始され（疑似患畜確定日の前日より実施され

た回は、疑似患畜確定前に近隣で HPAI が発生した野鳥の緊急調査として開始された)、1 農場あたり 1~4 日間程度の間に、5~24 地点で調査された。各調査回における発生農場から調査地点までの距離は、疫学調査における野鳥調査では最も遠い地点が平均 2.8 ± 2.0 (SD) km (N=35) であり、緊急調査では最も近い地点は平均 1.6 ± 1.3 (SD) km、最も遠い地点は平均 9.7 ± 1.9 (SD) km (N=34) であったため、本調査における調査地点の重複は少なかった。

カモ類以外については、調査対象としていない場合もあるため参考値であるが、全体で 14 目 36 科 112 種 (種不明、家きんのあいがも、あひるを除く) が観察され、そのうち 46 種は野鳥の高病原性鳥インフルエンザにおける検査優先種 1~3 (環境省, 2018) に指定されていた (表 2)。続発地域では農場バッファと調査期間が重複しているため、表 2 の各農場バッファの個体数は実際の総数よりも多くなっている。カモ類は、各農場バッファにおいて平均 $3,096 \pm 3,295$ 個体、 9.6 ± 2.7 種 (種不明を除く) が観察された。また、家きん発生時の緊急調査では、どの地域においても野鳥の大量死は認められなかった。

カモ類の優占種

本調査において、農場バッファ内でカモ類の優占種上位 3 種に入る回数が多かったのは、マガモ (29/102)、ヒドリガモ (20/102)、カルガモ (19/102) であった (表 3)。本調査で得られたカモ類の個体数の総数においても、マガモ (31.9%) が最も多く、カルガモ (18.3%)、ヒドリガモ (14.8%) が続いた (図 3a)。ガンカモ類調査では、関東以南においてはマガモ (24.7%) が最優占種であり、コガモ (12.5%)、カルガモ (11.8%)、ヒドリガモ (11.0%) が続いた (図 3b)。マガモは、近畿地方を除く全地域で最も優占した。近畿地方の最優占種はヒドリガモであり、本種は四国と九州でもそれぞれ上位 2 位及び 3 位であった。カルガモは九州地方で 2 位、中部、中国、四国地方で 3 位であった。コガモは中部地方では 2 位であったが、その他の地域では上位 3 位以内に入らなかった。潜水採食ガモであるスズガモとホシハジロは、カモ類調査ではそれぞれ関東と中国地方で 2 位、近畿地方で 3 位に入っていたが、本調査では上位種には入らなかった。特にスズガモは主に沿岸域に生息しており、今回の疫学調査における野鳥調査及び緊急調査の調査地点にほとんど含まれていなかったためと考えられる。また、一部の地域では検査優先度の低いコガモやカルガモなどは種別に計数されることが少なかったことも、本調査とガンカモ類調査の間で優占種の順位に差異がみられた要因とも考えられる。さらに、ガンカモ類調査の調査地点は平野部に多い一方、本調査では内陸部の調査地点で実施された地域も多かったことから、調査地点の環境が異なることも要因の一つと考えられる。

一方、複数の種では地域によって比率にばらつきがみられた。本調査とガンカモ類調査の双方において、オシドリとヒドリガモは東日本よりも西日本で比率が比較的高かった。特に本調査地点は、平野部に多いガンカモ類調査の調査地点よりも山間部を含む内陸に位置しており、中国地方や九州地方のダム湖などに生息数が多かったオシドリは、ガンカモ類調査では見落とされていたと考えられる。同様に、ヒドリガモも

中国地方や九州地方ではガンカモ類調査で調査されていない内陸部の河川に多かった。また、ガンカモ類調査で優占種となっていたコガモとカルガモについては、検査優先種 3 にあたるため、緊急調査では検査優先種 1 及び 2 に指定されているオシドリやヒドリガモ、マガモなどのように、種として個体数が記録される機会が少なかったことも影響していると考えられる。そのため、種不明カモ類や種不明の個体数が多い中部、中国、四国地方に関しては、これらの種が過小評価されている恐れがある。

今回の発生例のうち、32/52 農場では鶏舎から 100m 以内にため池や河川、用水路などの水域が位置していた。さらに、これら 32 農場のうち 14 農場では、100m 以内の水域にカモ類、カイツブリ類、バン類、ウ類などの水鳥類が観察された。2016-2017 年における HPAI 発生農場の解析では、100m 以内にため池などの内水面があることは、HPAI 発生要因の一つであるとされている (Shimizu *et al.*, 2018) 4。そのため、2020-2021 年の発生においても、農場に近接する水域があったことから、カモ類をはじめとする野鳥が、農場の近隣までウイルスを運ぶことが可能な状況にあったと考えられる。

カモ類の密度の比較

カモ類はため池、河川、湖沼、沿岸域など、さまざま水域に生息しており、ある地域の生息密度を、本調査のように限られた回数や地点数で正確に推定することは困難である。しかしながら、緊急調査が実施された調査地点は、環境省のガンカモ類の生息調査により毎年生息数が調査されている生息地とも多くが重複しており、さらに多くの地点が調査されていたこと、また各農場バッファにおける調査地点数と観測数に相関関係がみられなかったことから、その地域のカモ類の生息密度を、ある程度は反映しているものとみなすことができると推察された。

家きんにおける HPAI 発生が続発した地域と孤発地域において、本調査で得られた農場バッファ内のカモ類の密度は、香川県三豊市、千葉県北東部、宮崎県南部及び北部の続発地域では、平均 16.9 ± 9.1 (SD) 羽/ km^2 ($N = 4$)、その他の地域では平均 4.1 ± 2.6 羽/ km^2 ($N = 18$) であった。ガンカモ類調査による全国バッファ内のカモ類の密度は、平均 8.5 ± 19.9 (SD) 羽/ km^2 ($N = 66$) であった (図 2a)。

続発地域と孤発地域のカモ類密度には有意な差がみられ ($W = 70$, $P = 0.001$)、効果量も中程度に高かったため ($r = 0.33$)、続発地域では孤発地域よりも多くのカモ類が生息していたことが示唆された。同様に、続発地域と全国バッファ内のカモ類の密度にも有意な差がみられたが ($W = 231$, $P = 0.01$)、効果量は小さく ($r = 0.25$)、続発地域の密度は全国よりも高い傾向がみられた。一方、孤発地域では、全国バッファのカモ類密度と差がみられなかった ($W=497$, $P=0.29$)。

続発地域各地におけるカモ類の個体数密度は、千葉県北東部で平均 27.8 ± 13.7 (SD) 羽/ km^2 ($N = 4$)、香川県三豊市で平均 26.0 ± 4.6 (SD) 羽/ km^2 ($N = 3$)、宮崎県で平均 7.9 ± 5.2 (SD) 羽/ km^2 ($N = 9$) であった (図 2b)。その他の地域については、上記のその他の地域と同値である。千葉県北東部は、宮崎県 ($W = 35$, $P = 0.006$) 及びその他の地域 ($W = 72$, $P < 0.001$) のカモ類の密度と有意な差がみられたが、効果量は宮崎県との間で小さく ($r = 0.28$)、その他の地域との間で中程度であったため ($r = 0.36$)、

他の地域よりも密度が高いことが推察され、宮崎県よりも高い傾向が見られた。香川県三豊市についても、その他の地域と有意な差がみられるとともに ($W = 54$, $P = 0.002$)、効果量も中程度であったことから ($r = 0.32$)、その他の地域よりもカモ類の密度が高い可能性が示された。一方宮崎県のカモ類の密度は、その他の地域と差はみられなかった ($W = 120$, $P = 0.05$)。

孤発地域においてカモ類の密度が全国と差がみられなかったことは、家きんにおける HPAI 発生には、野鳥以外の要因が影響していることとも関連するだろう。また、続発した地域間でもカモ類の密度は大きく異なり、宮崎県はその他の孤発地域との間に差がみられなかった。宮崎県は、千葉県の 3.4 倍、香川県の 6.3 倍も養鶏場数（ブロイラー、採卵鶏、種鶏の合計）が多いため（農林水産省，2019）、農場密度など野鳥以外の要因の方が大きく影響していたのかもしれない。

しかしながら、全国的にみてもカモ類の多い可能性の高い地域で家きんの HPAI 発生が続いたことから、カモ類の密度は、HPAI ウイルスが持ち込まれるだけでなく、HPAI ウイルスの維持にも関わっている可能性が示唆された。そのため、カモ類の飛来が多かった地域に位置し、なおかつ家きん生産が盛んな地域では、さらなる HPAI 発生予防のための注意と、続発に対応する準備が必要であろう。

表 1 疫学調査における野鳥調査及び緊急調査の概要

都道府県	発生農場 所在地	疑似患畜 確定日 ¹	疫学調査による野鳥調査		緊急調査		鶏舎隣接水域 (約100m 以内)	鶏舎隣接水域で観察された水鳥類
			調査日	地点数	調査日	地点数 ²		
茨城県	東茨城郡城里町	2021/2/2	2021/2/2	11	2021/2/4	8[4]	-	
栃木県	芳賀郡芳賀町	2021/3/13	2021/3/14	6	2021/3/14	6	用水路	-
千葉県	いすみ市	2020/12/24 2021/1/11	2020/12/24 -	10	2020/12/25-27 -	16	- -	-
	旭市	2021/2/6	2021/2/6	5	2021/2/6	17[2]	-	
	香取郡多古町	2021/2/7	2021/2/7	9	2021/2/7-8	13[1]	池	コガモ
	山武郡横芝光町	2021/1/21	2021/1/21	16	2021/1/21	9[2]	-	
	匝瑳市	2021/1/24 2021/2/4 2021/2/8 2021/2/11(2) 2021/2/15	- 2021/2/4 - - -	3	- 2021/2/4-5 - - -	11[1]	- 河川 - 河川	- - - -
富山県	小矢部市	2021/1/23	2021/1/23	7	2021/1/23-25	10	河川	ヒドリガモ、マガモ、カルガモ、ハシビロガモ、コガモ、ホシハジロ、キンクロハジロ、カワアイサ、カンムリカイツブリ、カワウ、オオバン
岐阜県	美濃加茂市	2021/1/2	2021/1/2	2	2021/1/4	12	池	オカヨシガモ、マガモ、カルガモ、ハシビロガモ、コガモ、ホシハジロ、キンクロハジロ、ミコアイサ、カイツブリ、バン、オオバン
滋賀県	東近江市	2020/12/13	2020/12/14	13	2020/12/16-17	12	河川	-
兵庫県	淡路市	2020/11/25	2020/11/26	15	2020/12/1-2	14	池	ハシビロガモ
奈良県	五條市	2020/12/6	2020/12/6	6	2020/12/9-10	14	河川	-
和歌山県	紀の川市	2020/12/10	2020/12/10	4	2020/12/11-12	10	池	-
岡山県	美作市	2020/12/11	2020/12/11	4	2020/12/16-18	13	河川	-
広島県	三原市	2020/12/7	2020/12/7	21	2020/12/8-9	9	池	マガモ、カルガモ、コガモ
徳島県	阿波市	2020/12/19	2020/12/19	8	2020/12/19、22	16[1]	池	カルガモ
	美馬市	2021/2/9	2021/2/9	10	2021/2/9-10	8	池、蓮田	-(池は水抜き済)
香川県	三豊市	2020/11/5 2020/11/11 2020/11/13 2020/11/15 2020/11/20(2) 2020/11/21 2020/12/2(2) 2020/12/14 2020/12/16 2020/12/21	2020/11/5 2020/11/11 2020/11/13 2020/11/15 2020/11/20 - 2020/12/2 - 2020/12/17 2020/12/23	2 2 4 2 9 1 1 1	2020/11/6-8 2020/11/12-14 2020/11/14-16 - - - - - -	17 15 18 - - - - - -	池 池 - - 池(6.7例目) - 池(13例目) 河川 池 池	コガモ マガモ、カルガモ、ハシビロガモ、コガモ、カイツブリ - - - ヒドリガモ、ハシビロガモ、オオバン(13例目) - カルガモ、ホシハジロ、カイツブリ、カワウ マガモ
	東かがわ市	2020/11/8	2020/11/8	3	2020/11/9-11	18	池	カモ類 ⁴
高知県	宿毛市	2020/12/16	2020/12/16	10	2020/12/24	14[4]	河川	-
福岡県	宗像市	2020/11/25	2020/11/25	7	2020/11/28-30	7	池	-
大分県	佐伯市	2020/12/10	2020/12/10	5	2020/12/9-12	5	河川	-
宮崎県	宮崎市	2020/12/14 2020/12/19	2020/12/14 -	4	2020/12/16 2020/12/20	12 21	- 河川	- コガモ、カイツブリ、オオバン
	児湯郡新富町	2021/1/31 2021/2/7	2021/1/31 -	11	2021/2/4 -	17	- -	-
	児湯郡農町	2020/12/2	2020/12/2	1	2020/12/6	14	用水路	-
	小林市	2020/12/8 2020/12/30	- 2020/12/30	7	2020/12/7 ³ 2020/12/30	15 13	- ダム湖	- バン、オオバン ⁵
	都城市	2020/12/3 2020/12/7 2021/2/25	2020/12/3 - 2021/2/25	5 7	2020/12/7 ³ - 2021/3/3	15 24	河川 河川 -	- - -
	日向市	2020/12/1 2020/12/14	2020/12/1 2020/12/14	2 3	2020/12/3 2020/12/17	18 18	河川 用水路	- -
鹿児島県	薩摩郡さつま町	2021/1/13	2021/1/13	6	2020/1/13-15	9	-	

※疫学調査における野鳥調査で記録した農場内及び農場周辺は地点数から除く。

1. 疑似患畜確定日の()内は発生農場数。
2. 緊急調査における調査地点数の[]内は半径10 km圏外、又は調査地点不明の地点数。
3. 同一の調査を示す。
4. 聞き取り調査のみ。
5. 最近接調査地点のデータのみ。

表2 発生農場より半径10 km圏内で確認された鳥類一覧

目名	科名	種名	検定 優先種	発生農場から半径10km圏内の確認個体数																
				茨城 ①茨城県都 城野町	栃木 ①芳賀郡 芳賀町	①いすみ市	③山形県 鶴岡市	千葉 ⑤館野市	⑥稲野市	⑦香取郡 多古町	富山 ①小矢部市	岐阜 ①美濃加茂市	滋賀 ①東近江市	奈良 ①淡路市	奈良 ①五條市	和歌山 ①紀の川市	和歌山 ①美作市	徳島 ①三原市	徳島 ①阿波市	徳島 ②東馬市
キジ カモ	キジ カモ	キジ	1									2							1	
		ヒシキ	3								6	1								
		種不明カモ	1			128			1,000											
		コハクチョウ	1			128														
		オオハクチョウ	3	67							3									
		シロガモ	3																	
		オシドリ	1			15					7	6		21	48		142	56	37	61
		オカシガモ	3					3			13	14	10	14	7	12	2	8	18	29
		シシガモ	3								9	10	4	5	10	4	5	3	21	27
		ヒドリガモ	1	115	374	42	631	517	411	519	116	123	330	156	57	250	55	256	137	74
		アメリカシロ	3																	
		マガモ	2	694	543	1,305	1,414	1,736	7,201	2,768	207	346	574	24	81	229	14	57	362	476
		カルガモ	3	198	411	346	2,133	3,022	1,439	2,286	321	257	176	6	30	127	32	65	209	423
		ハシロガモ	3	57		44	1	30	55	24	22	17	5	137	36		14		58	7
		オナガガモ	2	469	3	60	967		5,027		1		52				3		11	
		シマアジ	3																	
		ヒメアジ	2																	
カイツブリ	カイツブリ	カイツブリ	1	3	2	10														
		カンムリカイツブリ	3				5	2	12											
		ミミカイツブリ	3																	
		ハシロハト	3																	
		キジハト	3																	
		アオハト	3																	
		種不明ハト	3																	
		カワウ	3	28	4	20		4	613		3	38	32	44	22	123	104	50	39	15
		ウミウ	3			27														
		コイサギ	3																	
		アマサギ	3																	
		アオサギ	3	2	2			3	7		8	3	9	9	7	7	6	5	8	10
		ダイサギ	3		24			1	1		4	2	6	4	1	49	3	2	43	12
		オオノサギ	3																	
		コサギ	3																	
		種不明サギ類	3																	
		ツル	ツル	3																
チドリ	チドリ	チドリ	2	8	69	33	55	180	120	223	27	64	7	41	35	37	16	25	32	45
		タグリ	3																	
		ケリ	3																	
		タイゼン	3																	
		イカルホドリ	3																	
		ゴホドリ	3																	
		シロホドリ	3																	
		種不明チドリ科	3																	
		タンキ	3				5													
		クサシキ	3																	
		イシキ	3																	
		トウアシ	3																	
		ハマシキ	3																	
		種不明シギ科	3																	
		カモメ	カモメ	1																
		ウミキ	3																	
		セグロカモメ	3																	
オオセグロカモメ	3																			
種不明カモ科	3																			
タカ	タカ	ミサゴ	3																	
		トビ	3																	
		ツバ	3																	
		ハイタカ	3																	
		オオタカ	1																	
		ノスリ	2																	
		クマタカ	2																	
		種不明タカ科	3																	
		種不明	3																	
		フクロウ	フクロウ	2																
		フクロウ	3																	
		種不明フクロウ	3																	
		キツツキ	キツツキ	3																
		ハヤブサ	ハヤブサ	1																
		ハヤブサ	3																	
		スズメ	スズメ	3																
		スズメ	3																	
種不明スズメ科	3																			
シジュウカラ	シジュウカラ	ミサゴ	3																	
		トビ	3																	
		ツバ	3																	
		ハイタカ	3																	
		オオタカ	1																	
		ノスリ	2																	
		クマタカ	2																	
		種不明タカ科	3																	
		種不明	3																	
		フクロウ	フクロウ	2																
		フクロウ	3																	
		種不明フクロウ	3																	
		キツツキ	キツツキ	3																
		ハヤブサ	ハヤブサ	1																
		ハヤブサ	3																	
		スズメ	スズメ	3																
		スズメ	3																	
種不明スズメ科	3																			
シジュウカラ	シジュウカラ	ミサゴ	3																	
		トビ	3																	
		ツバ	3																	
		ハイタカ	3																	
		オオタカ	1																	
		ノスリ	2																	
		クマタカ	2																	
		種不明タカ科	3																	
		種不明	3																	
		フクロウ	フクロウ	2																
		フクロウ	3																	
		種不明フクロウ	3																	
		キツツキ	キツツキ	3																
		ハヤブサ	ハヤブサ	1																
		ハヤブサ	3																	
		スズメ	スズメ	3																
		スズメ	3																	
種不明スズメ科	3																			
シジュウカラ	シジュウカラ	ミサゴ	3																	
		トビ	3																	
		ツバ	3																	
		ハイタカ	3																	
		オオタカ	1																	
		ノスリ	2																	
		クマタカ	2																	
		種不明タカ科	3																	
		種不明	3																	
		フクロウ	フクロウ	2																
		フクロウ	3																	
		種不明フクロウ	3																	
		キツツキ	キツツキ	3																
		ハヤブサ	ハヤブサ	1																
		ハヤブサ	3																	
		スズメ	スズメ	3																
		スズメ	3																	
種不明スズメ科	3																			
シジュウカラ	シジュウカラ	ミサゴ	3																	
		トビ	3																	
		ツバ	3																	
		ハイタカ	3																	
		オオタカ	1																	
		ノスリ	2																	
		クマタカ	2																	
		種不明タカ科	3																	

表2 発生農場より半径 10 km圏内で確認された鳥類一覧 (続き)

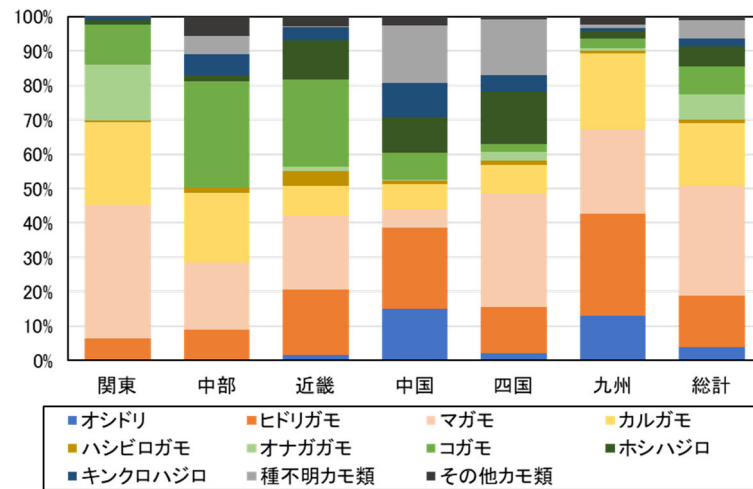
目 名	科 名	種 名	検査 販売先	発生数量から半径10km圏内の施設別体数																
				香川				高松		徳島	大分		宮崎					鹿児島		
				①三省市	③三省市	④三省市	②東かがわ市	①高松市	①高松市	①佐伯市	①日向市	⑦日向市	②児湯郡 新嘉町	③児湯郡 新嘉町	④宮崎市	④宮崎市	③小林市	③那覇市	②那覇市	①鹿児島市 さつま町
キジ	キジ	キジ																		
カモ	カモ	ヒンライ	1																	
		種不明カモ類	3																	
		コウバシヨウ	1																	
		オオムシヨウ	1																	
		ツツシヨウ	3																	
		オシドリ	1	129	184	163	5	293		215	1,665	364	371	12	199	200	99	24		
		オシドリガモ	3	34	34	34	7					1	2	63	28	2	5			
		オシドリ	3	+	+	+	+	8				6	4	4	14	4	112	187		
		ヒドリガモ	1	1,156	1,114	1,095	268	891				187	42	1,604	21	935	724	1,389		
		アメリカシロ	3	+	+	+	+							1				177		
		マガモ	2	3,542	3,581	1,032	297	1,878	688	15	66	131	217	1,643	375	991	878	960		
		カモ	3	556	584	554	1	287	245	9	584	330	281	1,993	99	445	287	293		
		ハシビロガモ	3	90	95	95	14	14	50					1	2	97		3		
		オナガガモ	2	205	205	330	26	63						119		13	27	51		
		シマアジ	3	+	+	+	+													
		トモエガモ	2	1	1	1	1	37	2						5	9	17	63		
		コガモ	3	101	107	55	16	13	+			12	3	117	64	74	120	81		
		ホシハジロ	2	1,381	1,418	1,271	210	81	35			4	31	83	20	68	75	226		
		シロハシロ	3																	
		ホシハジロ	1	403	399	396	104	18		2		3	11	11	2	4	2	13		
		スズガモ	2	1	1	1												7		
		クロガモ	3																	
		ミヅアサ	3	+	+	+	+													
		カワアイサ	3															1		
		ウミアイサ	3																	
		種不明カモ類	3	1,383	1,305	1,450	504		290											
カウブリ	カウブリ	カウブリ	1	134	114	132	47	1	10	1	2	18	7	10	15	19	2	6		
		カウブリ	1	42	44	24		2						28				5		
		ミミカウブリ	3																	
		ハシロカウブリ	3	9	9	106														
ハト	ハト	キジハト	1	1	1	1														
		アオハト																		
		種不明ハト科																		
カズドリ	ウ	カズドリ	3	425	415	431	82	21	6	11	11	2	98	14	126	21	15	141		
ペリカン	サギ	ゴイサギ																		
		ウミウ																		
		アマサギ																		
		アオサギ	3	127	114	134	28	1	1	1	1	4	4	15	3	14	6	10		
		ダサギ	3	1	1	1						4		3	1	6		27		
		チュウサギ								1										
		コサギ						3				1			3	1		3		
		種不明サギ類														1				
トキ	ヘラサギ	ヘラサギ																		
ツル	クイナ	バン																		
		オオバン	2	247	269	285	339	63	15			1	2	4			14	9		
		タゲリ								1	17	48	48	57	38	133	649	311		
チドリ	チドリ	ケリ																		
		ダイゼン																		
		イカルチドリ																		
		コサドリ														3				
		シロサドリ														+				
		種不明チドリ科		5	5	5														
		タビ							3											
		クサシ										1	3							
		イシギ			5	5						2			2	7	2	12		
		トウネン													+	2				
		ハマシギ													60	1				
		種不明シギ科													85					
カモメ	ユリカメ	ユリカメ	1			36														
		ウミネコ					30													
		セアロメ	3																	
		オオセグロカモメ	3			216	9	49				33		19		6				
		種不明カモメ科	3																	
							92													
タカ	ミサゴ	ミサゴ	3	8	8	8	4					1		9		3	2	2		
	タカ	トビ	3	6	6	5	7	1	1	1	3	8	6	17		7	10	13		
		ノス	3															21		
		ハイタカ	3	2	2	2	2					4				1				
		オオタカ	1	5	5	5								1	2			1		
		ノスリ	2	2	2	2						1	1							
		クサタカ	2							1					1					
		種不明タカ科	3	4	4	4														
		種不明タカ目	3	3	3	3	8													
フクロウ	フクロウ	フクロウ	2	6		6														
ブッポウソウ	ガフセミ	ガフセミ										3	2	4	4	4	2	4		
		ヤマセミ													1	1	3			
キンノボ	キンノボ	コガラ		1	1	1														
ハヤブサ	ハヤブサ	チカウゲンボウ	3	1	1	1						2	4	1	1	3	2	1		
		ハヤブサ	1	2	1	2	1											3		
スズメ	サシシロウキ	サシシロウキ						4												
	スズメ	スズメ										1	1	1			4			
		カラス							2											
		ミヤマガラス												152						
		ハシボソガラス										3	3	29	8	16	4	2		
		ハシブトガラス										26	28	20	18	26	15	25		
		種不明カラス科		34	34	34						1						73		
		種不明カラス目		1	22	22												5		
シジュウカラ		ヤマガタ										1	4	3		2	1	6		
		シジュウカラ										4	5	4	4	3		1		
		種不明シジュウカラ科		4		4												3		
ヒヨリ	ヒヨリ	ヒヨリ		1	1	1								2				3		
ツバメ	ツバメ	ツバメ										6	7	97	23	67	1	3		
		イワツバメ										82						15		
トビドリ	トビドリ	トビドリ		4	4	4						42	45	11	48	85	18	54		
ウグイス	ウグイス	ウグイス		1	1	1						7	13	6	3	5		6		
		ヤブサメ																25		
																		1		
エナガ	エナガ	エナガ		10	10	10		15				14	13	5	6	5		17		
メジロ	メジロ	メジロ						10				30	30	19	11	15	4	18		
シロシヤウ	シロシヤウ	ヒメシロシヤウ																3		
ゴジュウカラ	ゴジュウカラ	ゴジュウカラ																10		
ムクドリ	ムクドリ	ムクドリ																		
カワガラス	カワガラス	カワガラス								1		1		2	3	2		3		
		シロハラ										6	15	4	4	12		4		
ヒタキ	ツグミ	ツグミ		3	3	3							3	5	9	9	2	14		
		ルリビタキ																6		
		シヨウビタキ		2	2	2						9	7	2	1	4	2	3		
		イナズミドリ																4		
スズメ	スズメ	スズメ		4	4	4								23		2		17		
セキレイ	セキレイ	セキレイ		1	1	1				2		2	1	3	3	1	2	3		
		ハクセキレイ		3	3	3						6	5	11	3	20	6	9		
		セジロセキレイ		2	2	2						2		1	3	6	1	1		
		ヒメズメ																3		
		タビ																		
アトリ	アトリ	アトリ																		
		カワカウ										8	3	39	3	9	12	8		
		マヒワ																11		
		イカル																		
		種不明アトリ科																		
		種不明アトリ目		2		2														
ホオジロ																				

表3 疫学調査における野鳥調査と
緊急調査の各調査地域におけるカモ類の個体数上位3種

地域	都道府県	市町村	個体数上位3種		
			1位	2位	3位
関東	茨城	①東茨城郡城里町	マガモ	オナガガモ	カルガモ
	栃木	①芳賀郡芳賀町	マガモ	カルガモ	ヒドリガモ
	千葉	①いすみ市	マガモ	コガモ	カルガモ
		③山武郡横芝光町	カルガモ	マガモ	オナガガモ
		⑤匝瑳市	カルガモ	コガモ	マガモ
		⑥旭市	マガモ	オナガガモ	カルガモ
		⑦香取郡多古町	マガモ	カルガモ	コガモ
中部	富山	①小矢部市 ¹	コガモ	カルガモ	マガモ
	岐阜	①美濃加茂市	マガモ	カルガモ	コガモ
近畿	滋賀	①東近江市	コガモ	マガモ	ヒドリガモ
	兵庫	①淡路市	ホシハジロ	ヒドリガモ	ハシビロガモ
	奈良	①五條市	マガモ	ヒドリガモ	カルガモ
	和歌山	①紀の川市	ヒドリガモ	マガモ	カルガモ
中国	岡山	①美作市 ¹	オシドリ	ヒドリガモ	コガモ
	広島	①三原市	ヒドリガモ	キンクロハジロ	ホシハジロ
四国	徳島	①阿波市	マガモ	カルガモ	ヒドリガモ
		②美馬市	マガモ	カルガモ	コガモ
	香川	①三豊市 ¹	マガモ	ホシハジロ	ヒドリガモ
		③三豊市 ¹	マガモ	ホシハジロ	ヒドリガモ
		④三豊市 ¹	ホシハジロ	ヒドリガモ	マガモ
		②東かがわ市 ¹	マガモ	ヒドリガモ	ホシハジロ
	高知	①宿毛市	マガモ	ヒドリガモ	オシドリ
	福岡	①宗像市 ¹	マガモ	カルガモ	ハシビロガモ
九州	大分	①佐伯市	オシドリ	マガモ	キンクロハジロ
	宮崎	①日向市	オシドリ	マガモ	カルガモ
		⑦日向市	オシドリ	カルガモ	ヒドリガモ
		②児湯郡都農町	オシドリ	カルガモ	マガモ
		⑩児湯郡新富町	カルガモ	マガモ	ヒドリガモ
		⑥宮崎市	マガモ	オシドリ	コガモ
		⑧宮崎市	マガモ	ヒドリガモ	カルガモ
		⑨小林市	マガモ	ヒドリガモ	カルガモ
		③都城市	ヒドリガモ	マガモ	ホシハジロ
		⑫都城市	ヒドリガモ	カルガモ	マガモ
	鹿児島	①薩摩郡さつま町	カルガモ	ヒドリガモ	キンクロハジロ

1. 種不明が個体数上位3位に入る場合は除外した。

a)疫学調査と緊急調査によるカモ類の個体数比率



b) ガンカモ類の生息調査 (2016-2020年)によるカモ類の個体数比率

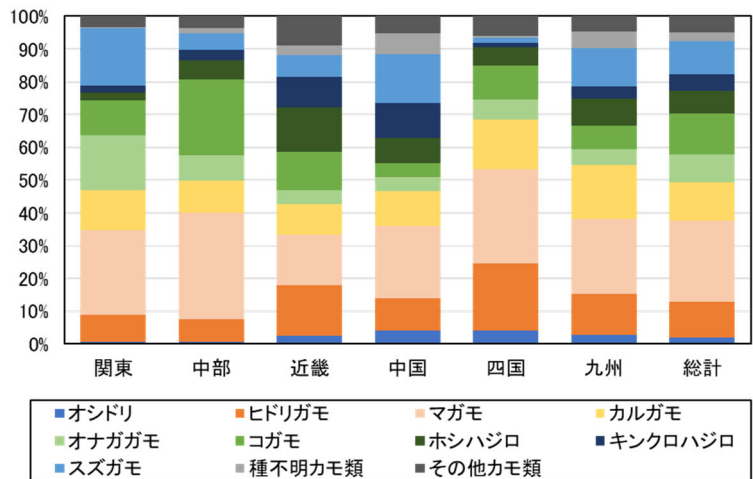
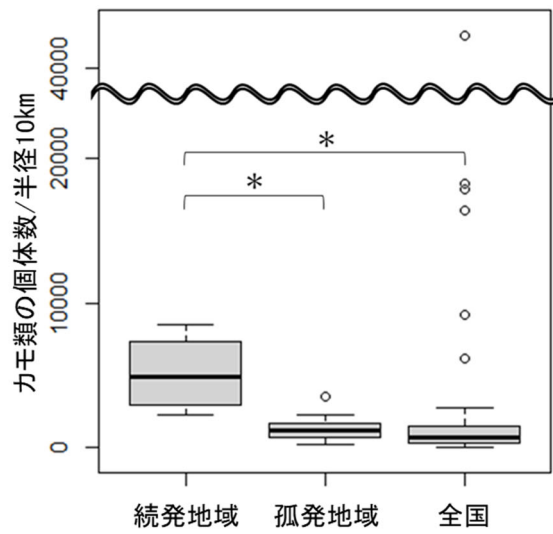


図1 疫学調査における野鳥調査と緊急調査

(a) 及びガンカモ類の生息調査 (b) によるカモ類の優占度。全ての調査地域で個体数比率の低い種は、その他カモ類としてまとめた。

a) 続発地域、孤発地域、全国



b) 続発地域の各地域とその他の地域

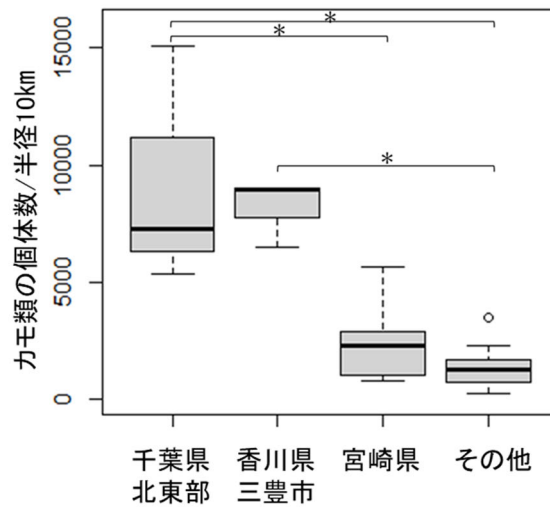


図2 続発地域、孤発地域、全国におけるカモ類の個体数密度の比較
 全国におけるカモ類の個体数密度は、ガンカモ類の生息調査データより推定した。
 ○は外れ値、*は有意差のある組を示す。

<引用文献>

- 1 農林水産省. 2020. 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
https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/katiku_yobo/k_bousi/
- 2 環境省. 2018. 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
http://www.env.go.jp/nature/dobutsu/bird_flu/manual/pref_0809.html
- 3 環境省. 2021. ガンカモ類の生息調査
https://www.biodic.go.jp/gankamo/gankamo_top.html
- 4 Shimizu, Y., Y. Hayama, T. Yamamoto, K. Murai, T. Tsutsui. 2018. Matched case-control study of the influence of inland waters surrounding poultry farms on avian influenza outbreaks in Japan. Scientific Reports, 8:3306.

3) 2020年—2021年のシーズンにおける野鳥の高病原性インフルエンザ感染状況

金井 裕

2020 年から 2021 年にかけての冬季には、多くの野鳥において高病原性鳥インフルエンザの感染が確認された。これらの感染状況及び環境からの高病原性鳥インフルエンザウイルスの検出については、環境省の高病原性鳥インフルエンザに関する情報の WEB サイトに報告されている [1]。この報告から今期の野鳥感染の概況をまとめるとともに、過去に大規模な野鳥感染が起こった 2010 年—2011 年、2016 年—2017 年の野鳥感染と比較することにより、今期の野鳥感染の特徴を考察する。

(1) 野鳥感染の概況

環境省が公表した高病原性ウイルスの回収地点（感染個体及び及び糞便、環境試料の回収）を回収日順に並べたものが表 1 である。ウイルス検出の最初は 2020 年 10 月 24 日に北海道紋別市で採取された野鳥糞便であった。次いで 11 月 5 日には鹿児島県出水市で採取された野鳥糞便から検出され、12 月 3 日には和歌山県和歌山市で回収されたオシドリから検出された。その後、感染は 6 カ月にわたって継続し、3 月 3 日に栃木県栃木市で回収されたノスリが最終検出となった。

ウイルス検出地は、北海道から鹿児島県まで 18 道県 26 市町と全国にわたり（図 1）、感染種 12 種 31 個体のほか、糞 8 件、環境試料（水）19 件の 58 件であった（表 2）。鹿児島県が件数で突出しているが、これは鹿児島大学が 1 地点 2 カ所で環境試料（水）の 1 週間に 1 回の定点観測を行ったものが含まれるため、鹿児島県は、26 例中 17 例は環境試料による。

表1 令和2(2020)年シーズンの野鳥の高病原性鳥インフルエンザ検査出状況
(令和3年4月30日 11:00 現在)

都道府県	市町村	種	数	回収日		都道府県	市町村	種	数	回収日
北海道	紋別市	野鳥糞便	1	10月24日		鹿児島県	出水市	環境試料	1	1月15日
鹿児島県	出水市	野鳥糞便	1	11月5日		鹿児島県	薩摩川内市	マガモ	1	1月16日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	11月9日		北海道	帯広市	ハヤブサ	1	1月18日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	11月16日		鹿児島県	出水市	環境試料	1	1月18日
新潟県	阿賀野市	環境試料	1	11月16日		鹿児島県	出水市	ナベヅル	1	1月19日
新潟県	阿賀野市	野鳥糞便	1	11月16日		宮崎県	西諸郡都高原町	マガモ	1	1月24日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	11月23日		宮崎県	西諸郡都高原町	マガモ	1	1月24日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	11月30日		鹿児島県	出水市	環境試料	1	1月25日
宮崎県	延岡市	野鳥糞便	1	11月30日		北海道	旭川市	オジロワシ	1	1月27日
宮崎県	都農町	野鳥糞便	1	11月30日		徳島県	美馬郡つるぎ町	マガモ	1	1月29日
和歌山県	和歌山市	オシドリ	1	12月3日		福島県	郡山市	オオハクチョウ	1	1月30日
岡山県	小田郡	ハヤブサ	1	12月4日		鹿児島県	薩摩郡さつま町	ノスリ	1	2月1日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	12月7日		茨城県	潮来市	コバハクチョウ	1	2月1日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	12月7日		鹿児島県	出水市	環境試料	1	2月1日
鳥取県	鳥取市	野鳥糞便	1	12月7日		鹿児島県	出水市	ナベヅル	1	2月3日
香川県	三豊市	ノスリ	1	12月8日		千葉県	匝瑳市	野鳥糞便	1	2月4日
鳥取県	鳥取市	環境試料	1	12月9日		鹿児島県	出水市	ナベヅル	1	2月5日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	12月14日		鹿児島県	出水市	ナベヅル	1	2月5日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	12月14日		鹿児島県	出水市	マナヅル	1	2月5日
鹿児島県	出水市	ナベヅル	1	12月18日		宮城県	仙台市	オオハクチョウ	1	2月5日
奈良県	吉野郡	オオタカ	1	12月20日		新潟県	新潟市	マガモ	1	2月8日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	12月21日		富山県	小矢部市	ノスリ	1	2月10日
鳥取県	鳥取市	野鳥糞便	1	12月21日		新潟県	阿賀野市	オオハクチョウ	1	2月13日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	12月21日		栃木県	那須塩原市	オオハクチョウ	1	2月14日
鹿児島県	出水市	オシドリ	1	12月22日		長野県	岡谷市	環境試料	1	2月14日
埼玉県	比企郡ときがわ町	フクロウ	1	12月23日		栃木県	栃木市	ハヤブサ	1	2月15日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	1月4日		栃木県	那須塩原市	フクロウ	1	2月16日
宮崎県	延岡市	オナガガモ	1	1月6日		富山県	南砺市	ノスリ	1	2月24日
鹿児島県	出水市	環境試料	1	1月15日		栃木県	栃木市	ノスリ	1	3月3日

道県	数
北海道	3
宮城県	1
福島県	1
茨城県	1
栃木県	4
埼玉県	1
千葉県	1
新潟県	4 (1) 環境
富山県	2
長野県	1
奈良県	1
和歌山県	1
鳥取県	3 (1) 環境
岡山県	1
徳島県	1
香川県	1
宮崎県	5
鹿児島県	26 (17) 環境
合計	58

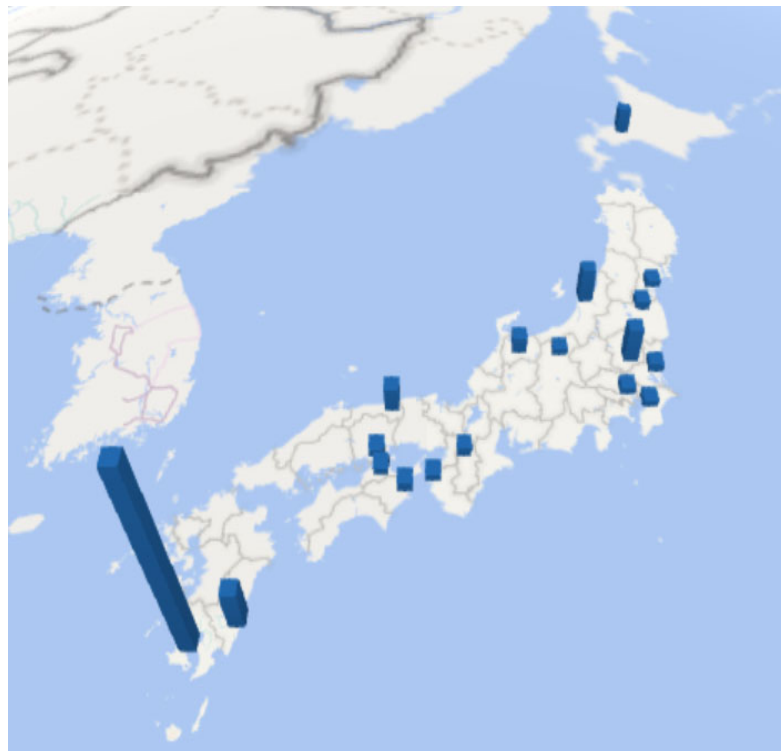


図 1 高病原性鳥インフルエンザウイルス検出地の分布

(2) 野鳥の感染状況の特徴

①感染種と数

感染種と個体数について、過去の大規模感染との比較を表 2 に示した。高病原性鳥インフルエンザ陽性確認個体数は 31 と他のシーズンと比べると多くは無い。2016 年から 2017 年は、給餌の行われている場所で集中して感染があったため、感染種・個体数が拡大したが、2010 年から 2011 年のシーズンよりも少ない。以下種群ごとに見ていく。

②カモ類

表 2 にあるように、鳥インフルエンザの主要な宿主とされるカモ類（ハクチョウ類・ガン類・カモ類）は、5 種 13 個体から高病原性のウイルスが検出された。陽性確認数の多いマガモ属は感染による発症はほとんど無いと思われるので、他の要因によりウイルス保持個体が回収されたと考えられる。今期は、過去に回収の多かったスズガモ属カモ類の回収がなかったのが特徴である。又ハクチョウ類の陽性確認数も過去に比較して少ない。今期のウイルスによるハクチョウ類、スズガモ属への発症率については注視する必要がある。

③カモ類以外の水鳥

過去には、カイツブリ類やサギ類、オオバン、カモメ類の回収もあったが、今期は

ツル類以外の陽性確認がなかった。ツル類の陽性個体回収地はツル類の大規模越冬地である鹿児島県出水市で、鹿児島大の定点観測により 11 月からウイルスが検出されていたが、陽性個体回収はすべて 12 月中旬から 2 月上旬にかけてであった。出水市ではツル類のねぐらにカモ類も多数生息するため、カモ類から感染したと考えられる。

④猛禽類

猛禽類の回収数は 5 種 12 個体となり、他の 2 シーズンとほぼ同じであった。オジロワシの感染は国内初の事例であった。陽性確認種については、過去に陽性確認個体の多かったハヤブサが 3 個体と少なく、ノスリが 5 個体と最大数となった。また、フクロウも 2 個体で陽性が確認された。猛禽類は感染した個体を捕食して感染したと考えられる。今期の感染確認個体数は少ないが、実際の野外の感染個体数は、過去の大規模感染時と同様に多かった可能性がある。

過去に多かった、鳥を主な食物とするハヤブサ、オオタカの陽性個体数が少なく、ネズミ類など小型哺乳類を主な食物とされるノスリとフクロウで多く陽性が確認されたことは、陸域の小哺乳類でウイルス保持個体がいた可能性を示唆する。ノスリやフクロウも鳥類を捕食するが、野外におけるウイルスの拡散では注意すべき点である。

表2 過去の野鳥の高病原性鳥インフルエンザ感染確認数との比較

			2010-11	2016-17	2020-21
カモ類	ハクチョウ	オオハクチョウ	7	33	4
		コハクチョウ	2	19	
		コブハクチョウ		31	1
		コクチョウ		14	
		ハクチョウ類		1	
	ガン	ヒシクイ		2	
		マガン		2	
		オシドリ	11	1	2
	マガモ属	オナガガモ	1	4	1
		コガモ		1	
		マガモ		2	5
		ヒドリガモ		4	
	スズガモ属	スズガモ	1	2	
		キンクロハジロ	12	1	
		ホシハジロ	3	4	
		スズガモSP	1		
		カモ類	1		
水鳥類		カイツブリ	2		
		カンムリカイツブリ	1	3	
		ユリカモメ	1	11	
		オオバン		2	
		アオサギ	1		
		ナベヅル	7	23	5
		マナヅル		1	1
猛禽類		オジロワシ			1
		オオタカ	1	4	1
		ノスリ		1	5
		ハヤブサ	9	6	3
		フクロウ	1	1	2
		野鳥糞便		3	8
		環境試料（水）			19
		総計	62	176	58

(3) 感染数の推移

感染事例数の推移を図 2 に示した。10 月下旬から 3 月初旬まで野鳥や環境からウイルスが確認されている。12 月上旬から 2 月中旬まで多数の感染が継続している、気象庁の気温データによると、対馬の鰐浦で 2020 年 12 月 30 日にマイナス 3.3℃、31 日にマイナス 4.1℃、2021 年 1 月 7 日にマイナス 6.1℃、8 日にマイナス 7.1℃、宮城県築館で 2021 年 1 月 3 日にマイナス 16.5℃、9 日にマイナス 15.2℃の最低気温を記録するなど、年末から年始にかけて朝鮮半島から日本列島の越冬域北部に寒気が入ったことが示される[2]。カモ類は秋の渡りによる移動だけでなく、年末から年始の厳寒期にも、越冬地域内の朝鮮半島や本州北部から南下する移動が生じて感染が継続した可能性も考えられる。

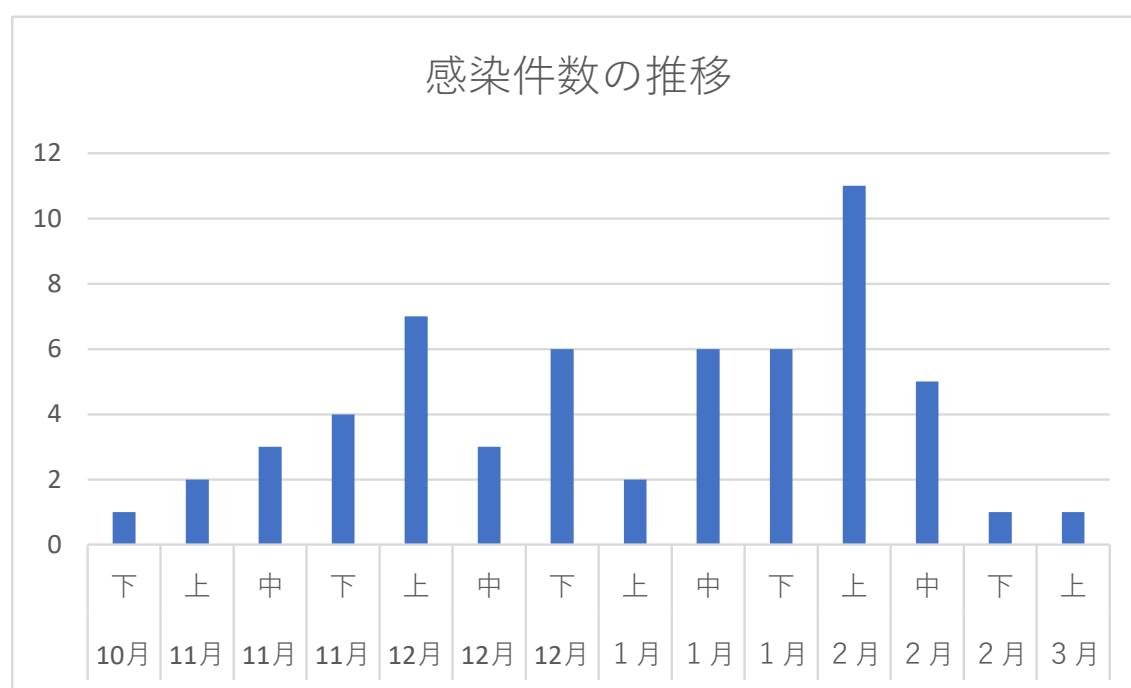


図 2 感染事例数の推移

要約

野鳥の感染は全国で生じ、冬季を通じて継続した。環境中に広く HPAI ウイルスが存在したといえる。厳寒期に越冬域北部に寒気が入ったことから、春秋の渡りに加えて冬季に水鳥類の移動があった可能性がある。感染確認個体数の総数は多くは無いが、猛禽類の感染確認個体数が過去の大規模発生と同数であることから、発症しない感染個体数の総数は多かった可能性がある。

<引用文献>

- 1 環境省高病原性鳥インフルエンザに関する情報

http://www.env.go.jp/nature/dobutsu/bird_flu/

- 2 気象庁：過去の気象データ検索

https://www.data.jma.go.jp/obd/stats/etrn/index.php?prec_no=84&block_no=1453&year=2020&month=12&day=&view=

4) 分離されたウイルス株の特徴

内田 裕子

2020 年度に我が国の家きん発生事例（52 事例）から分離された鳥インフルエンザウイルス（以下、「AIV」という。）はいずれも H5N8 亜型であった。これらの H5N8 亜型 AIV は、赤血球凝集素タンパク質(HA)遺伝子配列から推定される HA タンパク質開裂部位のアミノ酸配列に高病原性鳥インフルエンザウイルス(以下、「HPAIV」という。)に特徴的な塩基性アミノ酸の連続 (PLREKRRKR/GLF) が認められたことから HPAIV であると判定された。また環境省サーベイランスや大学等の独自調査によって死亡野鳥や自然環境等から分離された HPAIV も H5N8 亜型であった。家きん発生事例から分離されたウイルスの性状について検討するために、遺伝子解析及び感染試験が実施された。

(1) ウイルスの遺伝子的特徴

家きんでの全発生事例に由来する HPAIV について、全ゲノム解析を行い、8 本の分節ごとに系統樹解析を実施した。HA 及びノイラミニダーゼ (NA) 遺伝子分節は共通して 2019 年から 2020 年にかけてヨーロッパで家きんや野鳥から分離された H5N8 亜型 HPAIV（欧州 19-20 冬グループ）と 2020 年に同じくヨーロッパで家きんや野鳥から分離された H5N8 亜型 HPAIV（欧州秋グループ）の二つのグループ分類されることが明らかとなった（図 1）。その他 6 つの遺伝子分節（PB2、PB1、PA、NP、M 及び NS 遺伝子の各分節）の系統樹解析結果から、全ての遺伝子分節が欧州 19-20 冬グループ（E1*）もしくは欧州秋グループ（E2）に由来するウイルスの他に、E1 グループのウイルスと野鳥に常在する鳥インフルエンザウイルス (AIV) との遺伝子再集合ウイルス (E3、E7 及び E5) が存在することが判明し、今シーズンは全部で 5 つの遺伝子型の HPAIV が国内での家きんでの発生に関与していることが明らかになった。韓国では、この 5 つに加え E3 型のウイルスの NS 遺伝子が AIV 由来に置き換わった E4 型及び PB1、PB2 遺伝子の由来が E7 型とは異なる E6 型が存在していたことが報告されている（Y-G. Baek らによる分類）[1]。

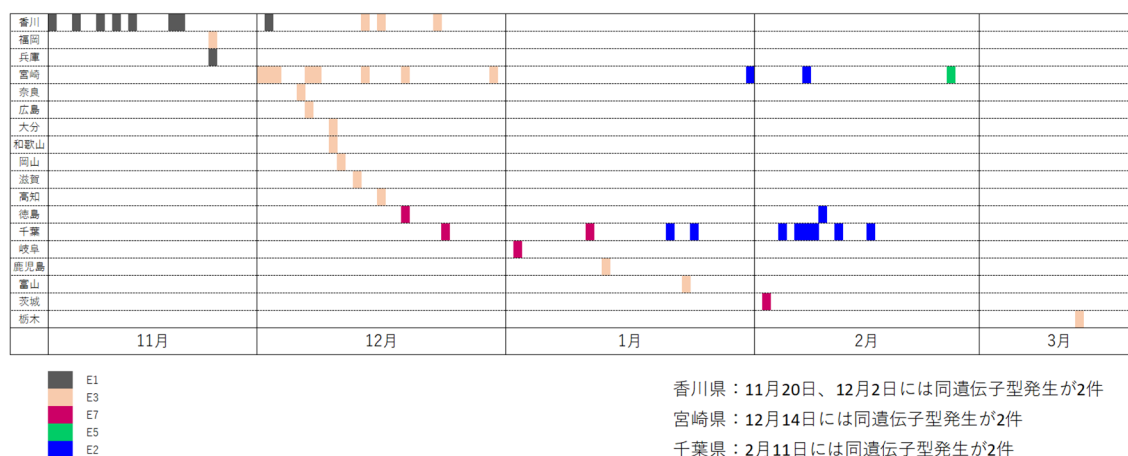


図2 県ごとの発生事例別の HPAIV 遺伝子型

今年度家さんから分離された全ての H5N8 亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスの推定アミノ酸配列には、抗ウイルス剤であるノイラミニダーゼ阻害剤及びウイルス RNA ポリメラーゼ阻害薬に対する耐性変異は見つからなかった。また、哺乳類に対する感染性を増加させるような既知のアミノ酸変異も認められなかった。

(2) ウイルスの病原性について

代表的なウイルス（香川 1 例目 (E1)、千葉 3 例目 (E2)、福岡 (E3) 及び富山野鳥例 (E5)）について、国際獣疫事務局（OIE）が定める鶏への静脈内接種試験を行ったところ、高病原性であることを規定する 75%の致死率を超えて鶏が 100%死亡したことから、これらのウイルスは高病原性であることが確認された（表 1）。

表 1 各遺伝子型ウイルスのニワトリへの接種試験の結果一覧

ウイルス名	遺伝子型	静脈内接種試験 による致死率	CLD ₅₀ (log ₁₀ EID ₅₀)	6log ₁₀ EID ₅₀ 経鼻接種 平均死亡時間 (hrs)
香川1例目	E1	100%	4.625	134.4
千葉3例目	E2	100%	3.5	76
福岡	E3	100%	2.75	76.8
富山野鳥例	E5	100%	4.5	102
徳島1例目	E7	未実施	4.625	126

次に、鶏における感染動態について、5 種類の遺伝子型から一株ずつのウイルスを選んで鶏を用いた経鼻感染試験により検討した（表 1）。その結果、それぞれの株ごとに、50%鶏致死量(50% Chicken lethal dose: CLD₅₀)や平均死亡時間に違いが認められた。CLD₅₀については、最も低い E3 型では 10^{2.75}EID₅₀、最も高い E1 及び徳島 1 例目 (E7) 型とでは 10^{4.625}EID₅₀ と 70 倍以上の差が認められた。さらに、10⁶EID₅₀ という高濃度で鶏に経鼻接種した場合、いずれの遺伝子型ウイルスを接種した鶏も 100%死亡したが、平均

死亡時間は最短である E2 型の 76 時間と最長である E1 型の 134.4 時間との間で 2.4 日の差が認められた。初発事例から分離された E1 型ウイルスを 10^6 EID 感染させた 5 羽の鶏の臨床症状観察では、感染 3 日後から元気消失が認められ、1 羽には感染 5 日目からトサカのチアノーゼが認められた。ウイルス排泄については、5 羽ともに臨床症状を示す前からウイルス排泄が認められ、その内 1 羽はウイルス接種後 1 日目から排泄が確認された。このことは、農場において鶏の大量死によって HPAIV 感染が疑われる前にウイルスで農場が汚染し、ウイルスが拡散してしまう可能性があったことを示唆している。

5 種類の遺伝子型のウイルスについて、鶏 1 羽に 10^6 EID₅₀ のウイルスを経鼻接種後、18 時間後にウイルスを接種していない鶏 6 羽を同居させ、伝播試験を実施した。いずれの遺伝子型のウイルスを接種した鶏は全て死亡したが、同居鶏へのウイルス伝播による死亡率は最も高い E2 及び E5 型で 100%、E3 型で 83.3%、E1 型で 16.7%、最も低い E7 型で 0%であった。以上のことから、遺伝子型の違いで鶏における病態や伝播効率が異なることが示された。

(3) 感染経路の推定

家きんでの発生例数が 1 例のみの E5 遺伝子型を除き、4 つの遺伝子型内でのウイルスの関連性について検討する為、地理的系統解析を行った。すなわち、それぞれの発生農場で採取された家きんの気管スワブ検体から分離されたウイルス最大 5 株のウイルスの全ゲノム配列から一塩基多型のみを抽出したウイルス遺伝子情報にウイルスの分離日及び発生農場件数名を特性として加えて解析を行った。初発の香川 1 例目のウイルスに関してはより詳細な解析を実施する為に、鶏の気管スワブ由来ウイルス 4 株に加え、総排泄孔スワブ由来のウイルス 1 株を解析に加えた。地理的系統解析の結果に基づいてウイルスの農場への侵入日を推定する為、各農場で分離されたウイルス毎の共通祖先からの分岐推定日時を算出した。また、同遺伝子型内のウイルスの移動を推測するため、ある発生例が生じた地点 (From) で分離されたウイルスが別の発生例が生じた地点 (To) で分離されたウイルスの由来になっているという仮説検定における証拠の強さを表す指標として Bayes Factor (BF) を算出した。Kass and Raftery (1995) の基準により、20 を上回る BF は強力な証拠となりうるとされていることから、それらを対象に農場間の関係性を考察した[2]。

E1 遺伝子型の系統樹解析では香川 2 例目を除く香川 1 例目から 9 例目からなるグループと香川 2 例目及び兵庫 1 例目からなる二つのグループに分けられた (図 3 (A))。香川 1 例目を除いては、それぞれの発生事例ごとの分離株は一つのクラスターを形成していた。香川 1 例目のウイルスが一つのクラスターを形成しなかった理由としては、野鳥等の環境中で変異が蓄積されていた複数のウイルスが 1 例目の農場に侵入した可能性と 1 つのウイルスが農場に侵入した後に農場の中である程度の期間、感染を繰り返して変異が蓄積した可能性が考えられた。

発生の報告日と各農場で分離されたウイルス毎の共通祖先からの分岐推定日時を比較した結果、その差は 3 日から 14 日であった (表 3)。また、香川 1 例目から香川 3 例

目、4 例目又は 7 例目、香川 5 例目から香川 6 例目、香川 6 例目から香川 9 例目については BF が 20 以上であり、前者が後者の由来になっているという可能性が示唆された（図 4(A)）。またこれらの農場間の距離は、香川 1 例目から 3、4、7 例目は直線距離で約 2km 前後、香川 5 例目から 6 例目が約 150m、香川 6 例目から 9 例目が約 800m であった。香川 5 例目の発生から 5 日後に香川 6 例目、香川 1 例目の発生から 6 日後に香川 3 例目、8 日後に香川 4 例目の発生が報告されている。一方、香川 6 例目の発生から 12 日後に香川 9 例目の発生、香川 1 例目の発生後 15 日経ってから香川 7 例目の発生が報告されている。これらの農場は 2 キロ圏内に存在しているが、発生間隔が 10 日以上の場合も 2 組存在していることから、地域内に浸潤した近縁ウイルスが野鳥等の環境を介して農場に拡散した可能性も考えられる。一方で、香川 5 例目と 6 例目の農場の距離は比較的近く、また発生間隔も 5 日であることから、農場間伝播の可能性も否定できない。

E2 遺伝子型においては、千葉 6 及び 7 例目を除く千葉 3 例目から千葉 11 例目と宮崎 10 例目及び宮崎 11 例目を含むグループと、千葉 6 例目、千葉 7 例目及び徳島 2 例目を含む二つのグループに分けられた（図 3 (B)）。発生の報告日と系統樹の分岐日の差は 2 日から 7 日であった（表 3）。また、BF が 20 以上であったのは、千葉 3 例目から千葉 4 例目、千葉 5 例目から千葉 8 例目、宮崎 10 例目から宮崎 11 例目であり、前者のウイルスが後者のウイルスの由来となっている可能性が示唆された（図 4(B) 及び (C)）。これらの農場間の距離は千葉 3 例目から千葉 4 例目が直線で 1.2km、千葉 5 例目から千葉 8 例目が直線で約 400m、宮崎 10 例目から宮崎 11 例目が約 400m であった。千葉 3 例目の 3 日後に千葉 4 例目の発生報告、千葉 5 例目の 4 日後に千葉 8 例目の発生報告、宮崎 10 例目の 4 日後に宮崎 11 例目の発生報告がされていた。系統樹解析において後発ウイルスが、前事例のウイルスが形成するクレードから分岐している事、農場間の距離及び発生報告日が近いことから、前者農場から後者農場への直接的なウイルス拡散が起きている可能性が考えられた。

E3 遺伝子型において、宮崎 3 例目、4 例目、5 例目ならびに 9 例目が一つのグループを形成していた（図 3(C)）。また、宮崎 6、7、8 例目と香川 11、12 例目がそれぞれ比較的近縁なグループを形成していた。宮崎 5 例目については、配列を解析した 4 株のうち 3 株が一つのクラスターを形成したのに対して、同じ農場から同じ時に採材された検体から分離された 1 株はこのクラスターに含まれず同一グループ内の別の枝を形成した。このことは、既にその地域の環境中に変異が蓄積した複数のウイルスが野鳥等の野生動物の間で広がっており、近縁の少なくとも 2 種類のウイルスが同農場に侵入した可能性が示唆された。

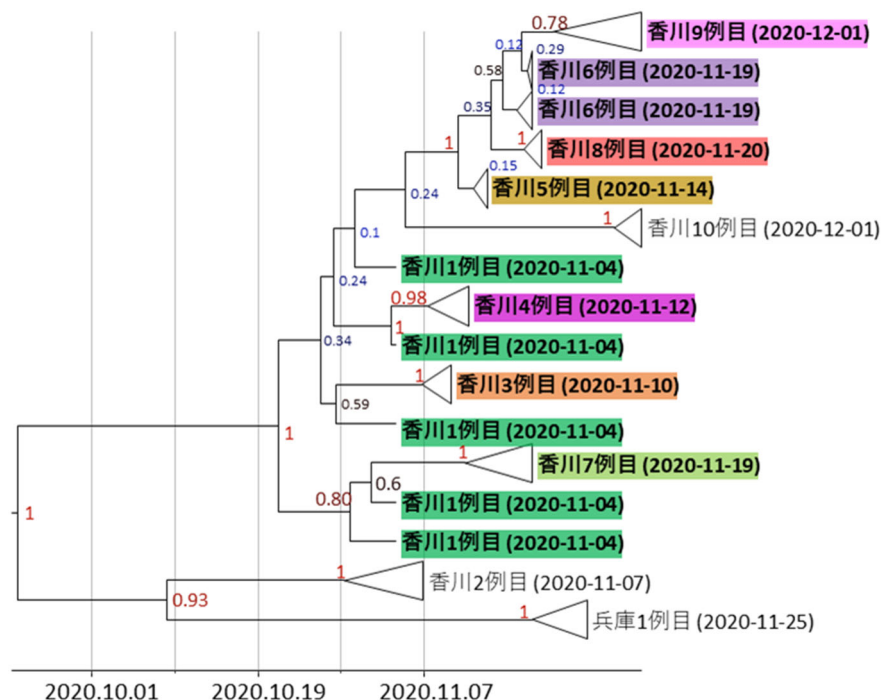
発生の報告日と系統樹の分岐日の差は、宮崎 5 例目を除くと 2 日から 11 日であった。宮崎 5 例目ではその差は 23 日と長く、これは同日に採取した検体から分離されたウイルス 4 株が異なる二つの分岐に分かれていることが要因である。すなわち宮崎 5 例目から分離されたウイルスの共通祖先からの分岐時期は、一つのウイルスが宮崎 5 例目農場に侵入した時期を示すのではなく、この地域へのウイルスの侵入時期を示している可能性が高いと考えられる（表 3）。また、BF が 20 以上であったのは、宮崎 3

例目から宮崎 4 例目と宮崎 3 例目から宮崎 5 例目であった（図 4 (B)）。宮崎 3 例目と 4 例目は隣接しており、3 例目と 5 例目は河川を挟んで直線距離で約 400m であった。宮崎 3 例目の発生から 5 日後に宮崎 4 例目及び宮崎 5 例目の発生が報告されたが、宮崎 3 例目と宮崎 5 例目は物理的な障壁として河川を挟んでいることから、農場間でのウイルスの直接的な拡散の可能性は低く、前述した解析結果からも、この地域へのウイルスの浸潤による野生動物などの環境因子による農場へ拡散の可能性が高いと考えられた。宮崎 4 例目については、宮崎 5 例目の解析結果によるウイルスの地域への浸潤による環境由来のウイルスが侵入した可能性と直接宮崎 3 例目からのウイルスの拡散の可能性も否定はできなかった。

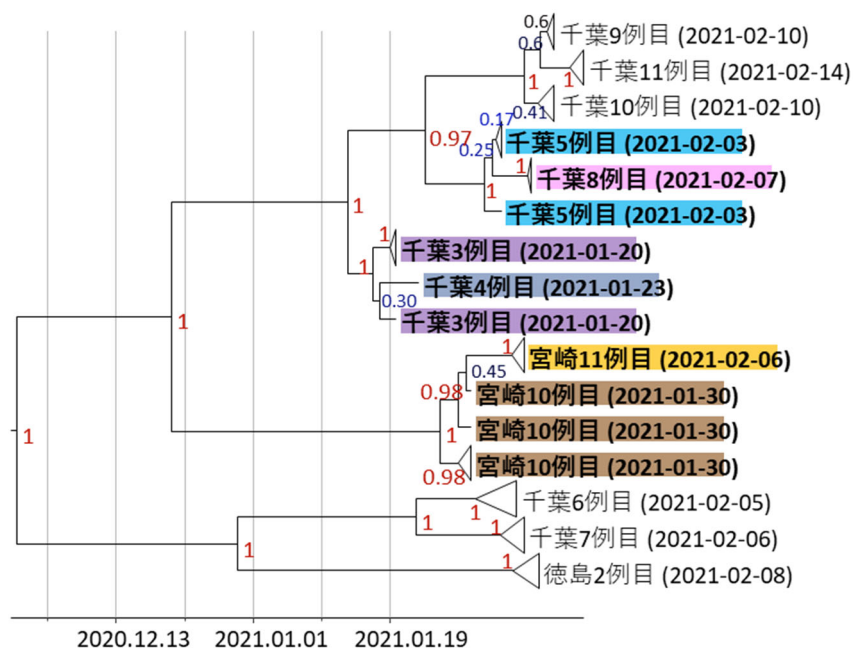
E7 遺伝子型において、系統樹上で千葉 1 例目及び 2 例目は 1 つのクラスターを形成し（図 3 (D)）、各発生の報告日と系統樹の分岐日の差は 5 日から 9 日であった（表 3）。また、千葉 1 例目から千葉 2 例目への BF が 48.35 であり、農場間の距離は約 500m であった（図 4 (C)）。これらの農場で分離されたウイルスの関連性及び農場間の距離も近かったが、発生報告日が 18 日と空いていることから、直接的に農場間でウイルスの拡散が起きたというよりは、野鳥等の環境中にある程度の期間保持されていたものが各農場に異なる時期に侵入した可能性が考えられた。

今回の発生において、多数の農場の事例を系統樹解析に供することによって、遺伝子の相同性に基づいた感染経路の推定では、近縁ウイルスが野鳥等の環境を介して別の農場に侵入した場合であっても、農場間伝播のように見える可能性も考慮に入れる必要があることが明らかになった。農場の疫学情報と系統地理解析を組み合わせた新たな系統樹解析手法が求められている。

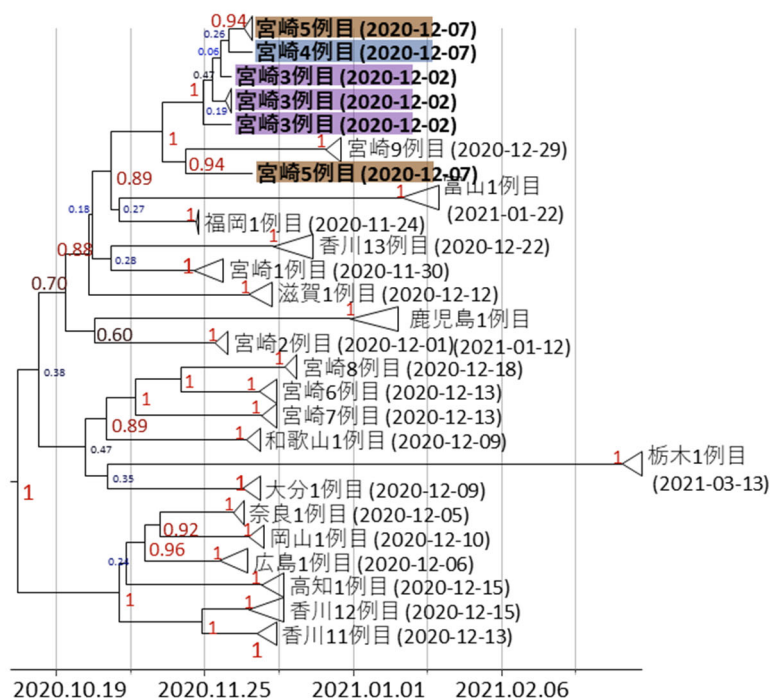
(A) E1 遺伝子型



(B) E2遺伝子型



(C) E3遺伝子型



(D) E7遺伝子型

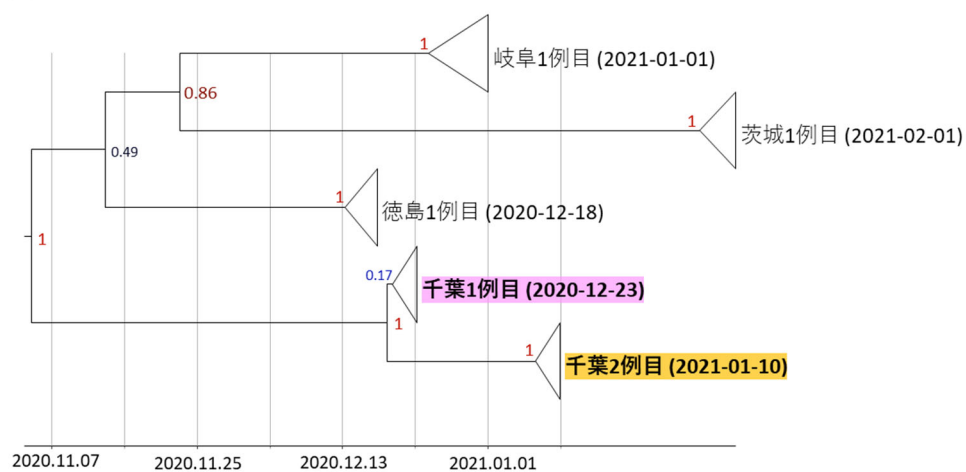


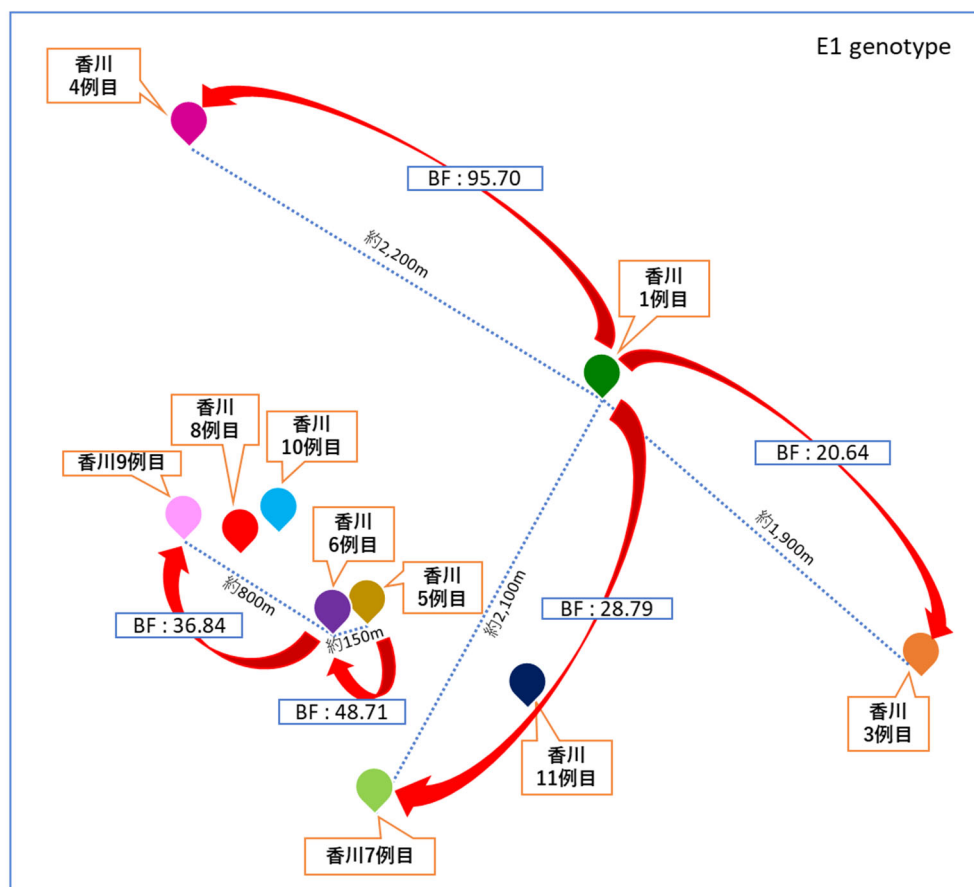
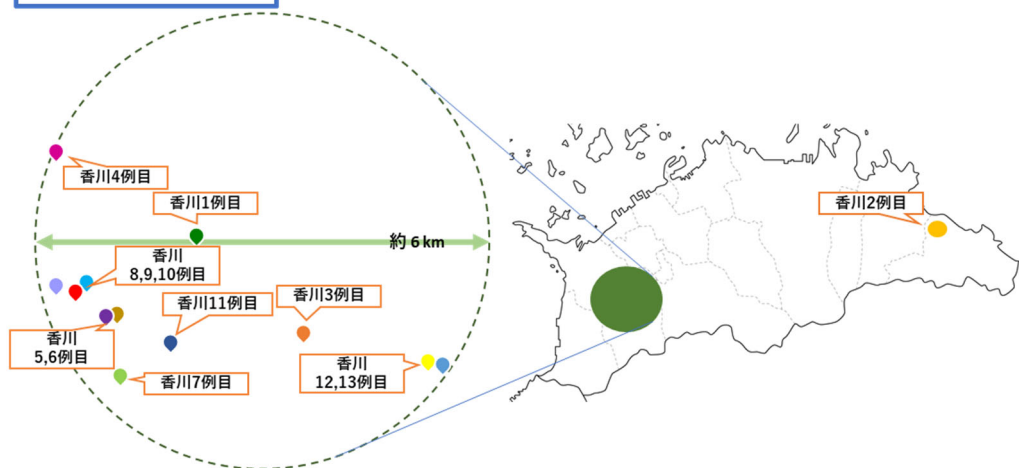
図3 各遺伝子型の地理系統解析による系統樹

表 3 発生報告日と系統樹から算出した分岐日（推定侵入時期）

遺伝子型	発生例名	報告日	分岐日（報告日との日数差）	分岐日の95% HPDI**（報告日との日数差）
E1	香川1例目	2020/11/4	2020/10/21 (14)	2020/10/11-2020/10/28 (7-24)
	香川2例目	2020/11/7	2020/10/28 (10)	2020/10/19-2020/11/3 (4-19)
	香川3例目	2020/11/10	2020/11/5 (5)	2020/11/2-2020/11/8 (2-8)
	香川4例目	2020/11/12	2020/11/6 (6)	2020/11/3-2020/11/9 (3-9)
	香川5例目	2020/11/14	2020/11/11 (3)	2020/11/9-2020/11/12 (2-5)
	香川6例目	2020/11/19	2020/11/14 (5)	2020/11/11-2020/11/17 (2-8)
	香川7例目	2020/11/19	2020/11/10 (9)	2020/11/5-2020/11/14 (5-14)
	香川8例目	2020/11/20	2020/11/17 (3)	2020/11/14-2020/11/18 (2-6)
	香川9例目	2020/12/1	2020/11/20 (11)	2020/11/16-2020/11/25 (6-15)
	香川10例目	2020/12/1	2020/11/27 (4)	2020/11/23-2020/11/29 (2-8)
	兵庫1例目	2020/11/25	2020/11/18 (7)	2020/11/11-2020/11/22 (3-14)
E2	千葉3例目	2021/1/20	2021/1/15 (5)	2021/1/12-2021/1/18 (2-8)
	千葉4例目	2021/1/23	-	-
	千葉5例目	2021/2/3	2021/1/30 (4)	2021/1/27-2021/2/1 (2-7)
	千葉6例目	2021/2/5	2021/1/29 (7)	2021/1/24-2021/2/1 (4-12)
	千葉7例目	2021/2/6	2021/2/1 (5)	2021/1/28-2021/2/4 (2-9)
	千葉8例目	2021/2/7	2021/2/5 (2)	2021/2/3-2021/2/5 (2-4)
	千葉9例目	2021/2/10	2021/2/8 (2)	2021/2/7-2021/2/8 (2-3)
	千葉10例目	2021/2/10	2021/2/6 (4)	2021/2/4-2021/2/8 (2-6)
	千葉11例目	2021/2/14	2021/2/11 (3)	2021/2/8-2021/2/12 (2-6)
	宮崎10例目	2021/1/30	2021/1/24 (6)	2021/1/20-2021/1/27 (3-10)
E3	宮崎11例目	2021/2/6	2021/2/3 (3)	2021/2/1-2021/2/4 (2-5)
	徳島2例目	2021/2/8	2021/2/3 (5)	2021/1/31-2021/2/5 (3-8)
	福岡1例目	2020/11/24	2020/11/22 (2)	2020/11/20-2020/11/23 (1-4)
	広島1例目	2020/12/6	2020/11/28 (8)	2020/11/21-2020/12/2 (4-15)
	香川11例目	2020/12/13	2020/12/7 (6)	2020/12/2-2020/12/10 (3-11)
	香川12例目	2020/12/15	2020/12/5 (10)	2020/11/29-2020/12/9 (6-16)
	香川13例目	2020/12/22	2020/12/11 (11)	2020/12/4-2020/12/16 (6-18)
	鹿児島1例目	2021/1/12	2020/12/30 (13)	2020/12/20-2021/1/6 (6-23)
	高知1例目	2020/12/15	2020/12/8 (7)	2020/12/3-2020/12/12 (3-12)
	宮崎1例目	2020/11/30	2020/11/21 (9)	2020/11/15-2020/11/26 (4-15)
E7	宮崎2例目	2020/12/1	2020/11/26 (5)	2020/11/22-2020/11/29 (2-9)
	宮崎3例目	2020/12/2	2020/11/24 (8)	2020/11/18-2020/11/28 (4-14)
	宮崎4例目	2020/12/7	-	-
	宮崎5例目	2020/12/7	2020/11/14 (23)	2020/11/3-2020/11/22 (15-34)
	宮崎6例目	2020/12/13	2020/12/8 (5)	2020/12/3-2020/12/11 (2-10)
	宮崎7例目	2020/12/13	2020/12/8 (5)	2020/12/4-2020/12/11 (2-9)
	宮崎8例目	2020/12/18	2020/12/14 (4)	2020/12/10-2020/12/16 (2-8)
	宮崎9例目	2020/12/29	2020/12/24 (5)	2020/12/18-2020/12/27 (2-11)
	奈良1例目	2020/12/5	2020/12/1 (4)	2020/11/28-2020/12/3 (2-7)
	大分1例目	2020/12/9	2020/12/3 (6)	2020/11/28-2020/12/7 (2-11)
E7	岡山1例目	2020/12/10	2020/12/5 (5)	2020/11/30-2020/12/8 (2-10)
	滋賀1例目	2020/12/12	2020/12/5 (7)	2020/11/30-2020/12/8 (4-12)
	栃木1例目	2021/3/13	2021/3/7 (6)	2021/2/28-2021/3/11 (2-13)
	富山1例目	2021/1/22	2021/1/11 (11)	2021/1/4-2021/1/17 (5-18)
	和歌山1例目	2020/12/9	2020/12/4 (5)	2020/11/30-2020/12/7 (2-9)
	千葉1例目	2020/12/23	2020/12/18 (5)	2020/12/15-2020/12/21 (2-8)
	千葉2例目	2021/1/10	2021/1/5 (5)	2021/1/2-2021/1/8 (2-8)
	岐阜1例目	2021/1/1	2020/12/23 (9)	2020/12/17-2020/12/27 (5-15)
	茨城1例目	2021/2/1	2021/1/26 (6)	2021/1/21-2021/1/29 (3-11)
	徳島1例目	2020/12/18	2020/12/12 (6)	2020/12/8-2020/12/16 (2-10)

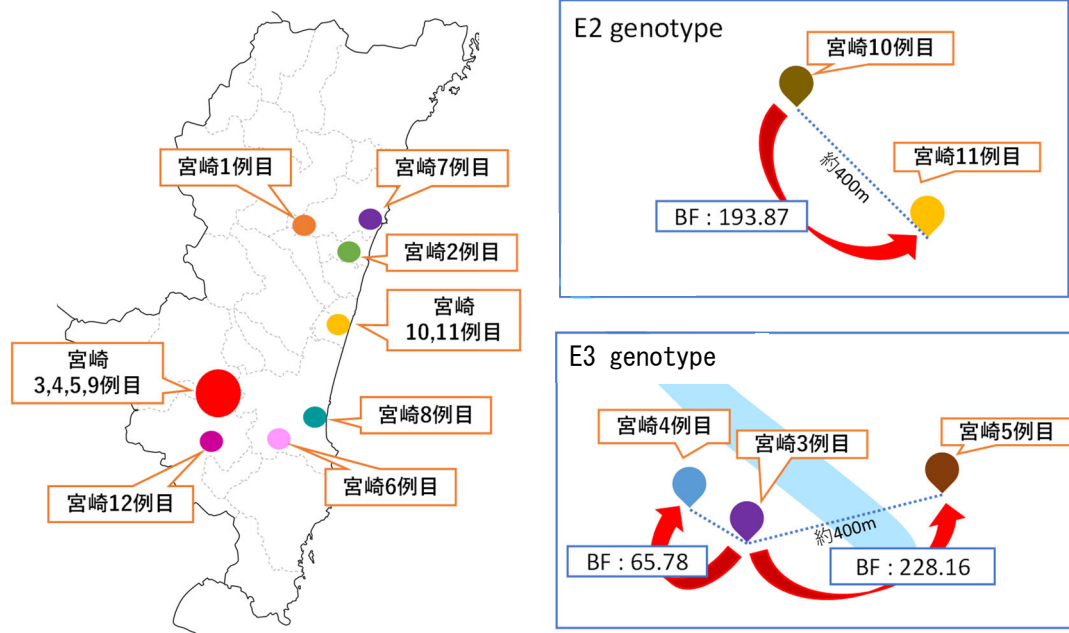
** 95%HPDI:95%最高事後密度信用区間 確率 95%の領域をカバーしている区間を切り出している。ここでは確率 95%で抽出される日付の区間を示している。

香川県発生例



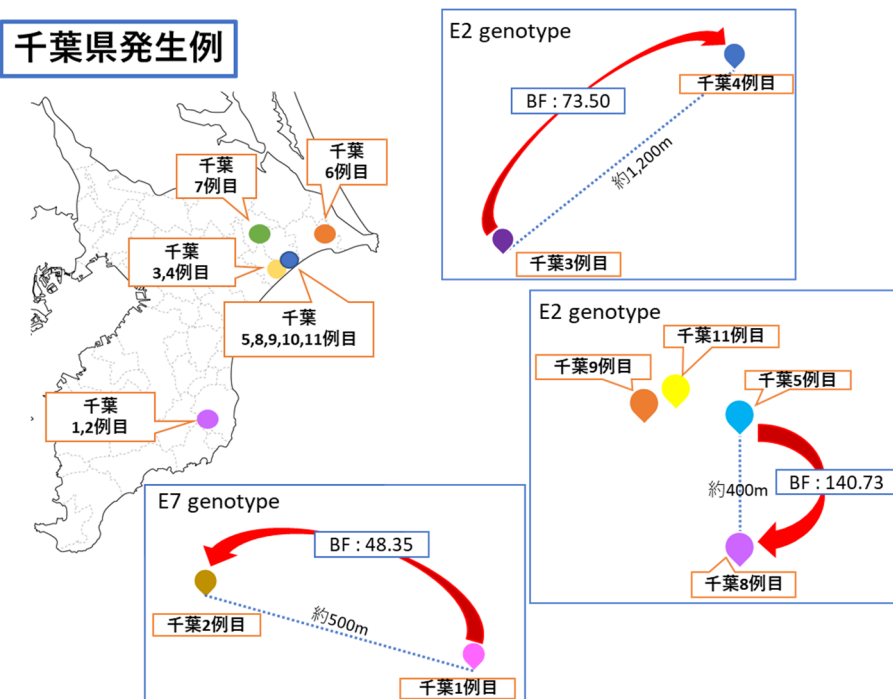
(A) 香川県における発生農場の位置関係と BF が 20 以上の農場間の関係

宮崎県発生例



(B) 宮崎県における発生農場の位置関係と BF が 20 以上の農場間の関係

千葉県発生例



(C) 千葉県における発生農場の位置関係と BF が 20 以上の農場間の関係

図 4 続発が認められた県における発生農場の位置関係

<引用文献>

1 Viruses 2021, 13, 490.

<https://doi.org/10.3390/v13030490>

- 2 Kass, R. E., & Raftery, A. E. (1995) . Bayes factors. Journal of the American Statistical Association, 90 (430) , 773-795.

4. 総合的考察

2020 年 11 月 5 日、H5N8 亜型のウイルスによる高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）が香川県で発生した。国内の発生としては、2018 年 1 月の香川県での発生以降、2 年 10 カ月ぶりであったが、その後、2021 年 3 月 13 日までに 18 県において 52 事例の発生が確認され、約 987 万羽が殺処分の対象となるなど、これまでにない規模での発生となった。また、100 万羽を超える規模の農場で複数発生するなど、農場単位でも過去に例のない発生規模であった。

1) 発生の概要

(1) 発生農場の特徴

ア 発生の概要

2020 年度の農場における HPAI については、11 月 5 日に香川県内で最初の発生が確認されて以降、本州の関東以西、四国及び九州の農場で 52 例が確認された。一方、海外からの本病の侵入経路及び国内での感染拡大要因として重要な野鳥については、10 月 24 日に採取された北海道の野鳥糞便からウイルスが分離され、その後、北海道から鹿児島県までの全国各地で、死亡野鳥又は野鳥糞便等の合計 58 件からウイルスが確認された。このことから、国内の広い範囲に本病に感染した野鳥が分布していたことが、広範な地域における農場での発生が起こった要因と考えられた。

農場での発生を経営別に見ると、採卵鶏が 32 例で最も多く、肉用鶏が 14 例、肉用又は採卵用の種鶏場での発生が 4 例認められたほか、あひる農場でも 2 例の発生があった。農場の経営形態と発生鶏舎の鶏舎構造は関係しており、採卵鶏では 22 例（69%）がウインドレス鶏舎であったのに対し、肉用鶏では 14 例全てが開放鶏舎であった。なお、種鶏場での発生 4 例のうちウインドレス鶏舎であったのは 2 例（50%）、あひる農場 2 例はいずれも開放鶏舎であった。

発生農場の周辺環境としては、河川に近い山林に面した農場、水田に囲まれた農場、ため池に近い農場が多く認められた。特に、あひる農場を含めて 11 例が確認された千葉県以外の農場では、ほとんどの農場の近くで、ため池や河川など、カモなどの水きん類が利用する可能性がある環境が認められた。また、近傍にため池等がない場合でも発生が認められている。一方、千葉県の事例では、農場周辺は刈り取りの終わった水田であることが多く、水きん類が飛来し、これらの環境を利用した可能性も考えられる。また、同一地域内で複数の発生がみられた事例においては、発生農場周辺に生息するカモ類がその他の地域よりも多いことが推察され、野外で HPAI ウイルスが維持されていた可能性が考えられた。

発生農場の地理的な分布は地域によって大きく異なっていた。香川県、宮崎県、千葉県では、比較的限られた地域で複数の発生が認められたのに対し、これ以外の県では、1～2 例の発生にとどまっており、また、発生農場間の距離も離れていた。農場の周辺環境の影響を評価する際、同一の地域で複数の感染が認められた事例については、先に発生した農場が他の農場への感染源となった可能性も考慮する必要

がある。一方、後述するように、遺伝的な特徴が異なるウイルスが同じ地域から確認されており、近隣の発生であっても、同一の感染源からの一連の発生ではなく、複数のウイルスの侵入による発生が起こった可能性もあることに注意が必要である。

発生農場と発生農場周辺の非発生農場を比較する疫学解析の結果、採卵鶏農場と肉養鶏農場の両方で、農場周辺に川や湖などの水域がある農場が発生農場に多いことが示された。このことは、2016年から2017年にかけて発生した本病の流行についての同様の解析でも示されている。水きん類が飛来しやすい環境が、本病の感染リスクであることが改めて示されたといえる。また、この解析では、採卵鶏農場では、飼養羽数が多いこと、近隣に他の家きん農場があること、の2つについても、発生と関係していることが示された。前者は、大規模飼養農場では従業員が多いこと、鶏卵や糞便の搬出といった鶏舎や農場を出入りする機会が多いことなどが感染リスクにつながった可能性が考えられた。また、後者については、地域内の農場数が多いことが、地域における発生機会の増加につながっていた可能性が考えられた。

イ あひる農場での発生

一連の発生には、千葉県で確認されたあひる農場での2例が含まれている。これらの農場では、出荷用車両が共通しているなどの疫学的な関連が認められており、どちらかの農場が他方の感染源となった可能性が高い。発生時に行われた現地調査では、斜頸や歩行異常などの神経症状を示すあひるが認められた一方で、特段の異常が認められなかった家きん舎においても、殺処分前の検査で感染が確認されており、あひるが本病に感染した場合、症状のみによる発見が困難である可能性が高いと考えられた。また、あひるの飼養施設では、給水器周辺の水はけを良くするため、家きん舎の床面の一部が排水路に直接つながっていることが多く、発生家きん舎からの感染拡大に注意が必要である。さらに、国内でのあひる繁殖業者は限られているため、両農場で生産されたひなは県外の複数の農場に出荷されていた。今回の発生では、出荷先農場での感染は確認されなかったが、複数の農場へのお荷は、あひるの繁殖農場での発生は複数の農場へのお荷につながることから、広域に感染拡大が起こる可能性があることを示している。

(2) 分離されたウイルス株の特徴

2020年度に我が国の家きん発生事例（52事例）及び環境省等のサーベイランスによって死亡野鳥や自然環境中から分離された高病原性鳥インフルエンザウイルス（HPAIV）は、いずれもH5N8亜型であった。家きんから分離されたウイルスの性状について検討するために、遺伝子解析及び感染試験が実施された。

ア ウイルスの遺伝子的特徴

家きんでの全発生事例（52事例）に由来するHPAIVについて、ウイルスの8本の遺伝子分節の組み合わせにより、全ての遺伝子分節が欧州19-20冬グループ（E1型）もしくは欧州秋グループ（E2型）に由来するウイルスの他に、E1型ウイルスと野鳥に常在する鳥インフルエンザウイルス（AIV）との遺伝子再集合ウイルス（E3型、E7型

及び E5 型) の全部で 5 つの遺伝子型が見出された。これらのウイルスは、2018 年度冬季に発生を引き起こした H5N6 亜型 HPAIV とは遺伝的に明確に区別可能であり、前回の国内発生時の起因ウイルスが国内で潜伏し、再興した可能性は否定された。このため、E1 型ウイルスは、2019 年度冬に欧州で流行を起こしたウイルスが、渡り鳥によって夏季の繁殖地であるシベリアを経由して、国内に侵入したものと考えられた。また、E1 型に由来する E3 型、E7 型及び E5 型の遺伝子再集合ウイルスは、E1 型が渡り鳥によって運ばれる過程で、野鳥に常在する AIV との間で遺伝子再集合を起こしたのちに国内に侵入したと考えられる。E2 型ウイルスも同様に 2020 年夏季に渡り鳥の繁殖地で拡散したウイルスが、冬の渡りによってユーラシア大陸の東と西にそれぞれ伝播、拡散されたものと考えられる。欧州では 2020 年度冬季に E2 型に由来する遺伝子再集合ウイルスも検出されている。

家きんの発生要因ウイルスについて、各遺伝子型が初めて検出された順番は E1 型、E3 型、E7 型、E2 型及び E5 型であった。しかしながら、日本全土における遺伝子型の地理的な偏りは特になく、複数の発生が報告された香川県、宮崎県、徳島県及び千葉県では、複数の遺伝子型が検出されている。ウイルスの国内侵入に伴う野鳥など自然環境からのウイルス拡散、検出と家きんでの発生は必ずしも結びついていない。このため、遺伝子型ごとのウイルスの国内侵入時期や侵入経路の推定には、全国レベルでの野鳥や自然環境中で検出されたウイルス、海外での発生株を含めた遺伝子解析や野鳥の渡りの時期やその規模などを含めた網羅的な解析が必要と考えられる。

イ ウイルスの病原性について

我が国で家きんから分離された H5N8 亜型の鳥インフルエンザウイルスは高病原性であり、鶏に対して高い致死性を示した。また各遺伝子型ウイルスの鶏への高濃度のウイルス経鼻接種では、鶏の致死率は 100%であったが、平均死亡時間の違いが遺伝子型により認められた。E1 型ウイルスに感染した鶏のウイルス排泄は臨床症状を示す前から見られたことから、農場で鶏の大量死によって HPAIV 感染が疑われる前に、ウイルスが農場内に拡散する可能性が示唆される。また、ウイルスの伝播効率も遺伝子型によって様々であったことから、遺伝子型の違いにより、鶏における病態が異なる可能性が示された。しかしながら、今回分離されたウイルスは遺伝子型が異なっても、感染実験の結果、鶏への感染が成立すれば、感染鶏は死亡することが明らかになったことから、鶏の死亡数の増加は令和 2 年度の発生においても高病原性鳥インフルエンザ疑いの通報において有効な指標であったと考えられる。

ウ 感染経路の推定

発生事例ごとに複数の分離ウイルスを用いて、遺伝子型毎の地理的系統解析、ウイルスの農場侵入日の推定及びウイルスの農場間伝播の可能性を検討した。ウイルス遺伝子の系統樹解析では、配列が近縁である同一遺伝子型の中でもクラスターを形成してさらに近縁であるウイルスが認められ、それに加えて Bayes Factor (BF) が

20 以上の関連性の高い農場は、続発事例が認められた香川県、宮崎県及び千葉県での発生事例の一部であった。これらの農場について、相互の農場間の位置や発生報告日が近いものについては、ウイルスの直接的な農場間伝播の可能性は否定できなかった。一方、系統樹解析から宮崎 5 例目では近縁ではあるが遺伝子配列上明確に区別可能なウイルスが同一農場内に侵入していることが示された為、この地域に渡り鳥などによって持ち込まれたウイルスが、周辺環境の野生動物の間で拡散したのちに、農場に複数回、侵入した可能性が高いと考えられた。このようなことを考慮に入れると BF が 20 以上で農場間の距離が近い事例に関しても、農場間伝播の可能性だけではなく、環境から類似したウイルスが同時期にそれぞれの農場に侵入した可能性も考えられる。以上のように、ウイルスが野生動物の間で拡散した環境では農場にウイルスが侵入するリスクがより高まることを示唆している。周辺環境の野生動物による農場内へのウイルスの侵入を防ぐためには、飼養衛生管理を徹底し、野生動物の侵入防止、農場周辺の消毒等の防疫対策を行うことが重要である。また、どのような野生動物が HPAIV の拡散要因になるかを明らかにすることで、より有効な野生動物対策を見出すことが可能になることが期待される。

2) 国内への侵入時期・経路

国内の発生農場や野鳥の死体・糞便等から分離されたウイルスの遺伝子検査の結果、一連のウイルスは、過去の国内の発生事例から分離されたウイルスとは遺伝学的に異なることが分かっており、今回の発生は、海外から新たに侵入したウイルスによるものと考えられる。国内での今期最初のウイルスは 2020 年 10 月に北海道で野鳥の糞便から確認されていることから、遅くとも 2020 年 10 月頃には国内にウイルスが侵入していたと考えられた。

一方、国内の分離ウイルスは、ウイルスの遺伝子の特徴から、大まかに 5 つの型に分けられ、これらのウイルス遺伝子の一部は、2019 年から 2020 年及び 2020 年冬のシーズンに、それぞれ欧州で流行していたウイルスと近縁であることが分かっている。また、これらのウイルス遺伝子の一部は今冬に韓国で分離されたウイルスと近縁であった。こうしたことから、海外から国内へのウイルスの侵入機会が複数あったのか、あったとすれば、どのような地域から侵入した可能性があるのかについては、今後、検証する必要がある。

3) 農場・家きん舎への侵入

国内の肉用鶏農場において、通報までの死亡羽数の推移から、個体の潜伏期間や死亡までの日数、ウイルスの伝播力を考慮して、各発生鶏舎で最初の感染が起こった時期を推定したところ、通報の 6 日から 21 日程度前と推定された。一方、採卵鶏農場では、鶏はケージごとに飼養されているため、鶏舎内での感染拡大を推定することは困難であった。ほとんどの事例では、通報の数日前までは死亡羽数の増加は認められておらず、早期の通報が徹底されていると考えられた。

一方、一連の発生鶏舎にウイルスが侵入した経路については、疫学調査の結果、長

靴の交換をしていないなどの衛生対策の不備や、鶏舎の破損による野鳥やネコなどの野生動物の侵入の可能性がある事例が認められた。一方、疫学調査時の聞き取りにおいては、これらの衛生対策を行っているとの結果であっても毎日のその実効性について評価することは困難であり、また、鶏舎に明確な破損がない場合でも、ほとんどの場合、ネズミ等の小型野生動物が侵入した可能性はあったと考えられ、このことがウイルスの侵入要因となった可能性に注意が必要と考えられた。また、同一地域での発生については、周辺の発生農場が感染源となった可能性があるが、強制換気の排気による、鶏舎外への羽等の飛散が立ち入り調査時に認められており、今後、このことによる感染拡大リスクについても検証していく必要があると考えられる。

4) 令和2年度の発生における我が国の防疫対応

(1) 防疫体制の構築

農林水産省では、高病原性鳥インフルエンザに関する国際的な発生状況について、令和2年秋の渡り鳥の渡りの時期が本格化する前に、本病に対する厳重な警戒が必要と考え、令和2年9月、都道府県等あて通知を発出するとともに、同年10月には都道府県の家畜衛生担当者等を参集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、韓国において、野鳥で高病原性鳥インフルエンザウイルスが確認されたことから、環境省とも情報を共有し、全国への注意喚起を行うとともに、さらに、10月30日には北海道で採取された野鳥の糞便から高病原性鳥インフルエンザウイルスが初めて確認されたことから改めて全国への注意喚起を行った。また、11月5日の我が国における初めての発生以降、多数の農場で鳥インフルエンザの発生が確認されたことから、12月9日には発生地域以外の地域を含めた全国一斉の家畜伝染病予防法に基づく緊急消毒の実施の連絡を行った。

都道府県においても、家さん飼養農場に対し、国際的な発生状況について情報提供を行い、厳重な警戒を呼びかけるとともに、関係者間の連携体制の確認、必要な人員及び防疫資材の確保等の万々に備えた準備を行っていた。

これらの結果、飼養者、都道府県、国等の関係者間において、本病に対する危機意識の共有と発生時を見据えた体制の構築が図られ、このような発生前の備えが、単発で発生した事例において有効であったと考えられるが、一部地域において多数の農場で連続的な発生が認められた事例では、想定より多くの人員、資材等が必要となったことから来シーズンに向けて全庁的な防疫体制の構築や、より広範な関係者や業者との連絡体制の確認など事前準備に課題を残す結果となった。

(2) 発生時の対応

令和2年度の発生では、養鶏密集地域で複数農場が継続して発生するケースが見られた。このような事例では養鶏密集地域における環境中のウイルス量が増大したこと等が想定されたことから、発生農場における防疫措置だけでなく、周囲に所在するため池周辺や、発生農場周囲の主要道路等、地域において面的な消毒を実施した。

18県の発生のうち14県では1事例、1県（徳島県）は約2カ月を置いて、離れた地

域で 2 事例の発生であり、周辺農場での続発は認められなかった。このことは、農場からの早期通報と、自衛隊を含めた関係者の協力により迅速な防疫措置が講じられた結果と考えられた。

一方で、100 万羽を超える規模の採卵鶏農場で複数発生があり、防疫措置に時間を要するとともに、埋却場所・焼却先の選定に苦慮するケースが見られた。このような事例に備え、大規模養鶏場における発生を想定した資材準備、動員計画の立案、焼埋却先の選定等の事前準備が重要であると考えられた。

なお、一連の防疫作業においては、自衛隊のほか、関係省庁等、都道府県の家畜衛生担当部局以外の部局や市町村、JA を始めとする農業関係団体、建設業者、炭酸ガス供給業者、衛生害虫対策業者、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、円滑に作業が進められたと考えられた。一部事例においては、農業関係以外の団体からの協力を得た全県的な対応によって、大規模農場での発生にも関わらず円滑かつ迅速な防疫が行われた事例もあった。

(3) まとめ

今シーズンは世界的に見ると、昨シーズンは発生が見られなかった西ヨーロッパや韓国においても本病が多発しており、フランスでは 492 事例、韓国では 109 事例の発生が確認されている。また、令和 2 年 10 月 24 日以降、令和 3 年 3 月 29 日までに野鳥では 18 道県 58 事例で高病原性鳥インフルエンザが確認されており、我が国の家きんに対する極めて高いウイルス侵入リスクがあったと考えられる。

また、今シーズンのウイルスの一部は、前シーズンのヨーロッパ由来ウイルス等の再集合ウイルスであったこと、今シーズンにヨーロッパをはじめとする世界各地で多くの発生があったことを踏まえると、来シーズンも我が国で本病が非常に発生しやすくなる可能性が考えられる。このため、各農場における衛生対策に加え、密集地域での複数農場の発生や大規模養鶏場における発生を想定した防疫体制の確認が重要と考えられる。

5. 令和2年度の高病原性鳥インフルエンザの発生を踏まえた提言

令和 2 年度の我が国における高病原性鳥インフルエンザの発生を踏まえ、次シーズンに向け、発生予防・まん延防止対策の強化・徹底について検討を行った。

今シーズンのウイルスの一部は、前シーズンのヨーロッパ由来ウイルス等の再集合ウイルスであったこと、今シーズンにヨーロッパをはじめとする世界各地で多くの発生があったことを踏まえると、来シーズンも我が国で本病が非常に発生しやすくなる可能性が考えられる。このため、各農場における衛生対策に加え、密集地域での複数農場の発生や大規模養鶏場における発生を想定した防疫体制の確認が重要と考えられる。飼養者、都道府県、国を始めとする全ての関係者に対する今後の防疫対策のあり方を以下のように提言するので、関係者が一体となって対応いただきたい。

1) 人・車両、野鳥を含む野生動物を介した農場内及び家きん舎内へのウイルス侵入の防止

(1) 人や車両を介して農場内・家きん舎内にウイルスが持ち込まれることを防止する観点から、飼養衛生管理基準の遵守を改めて徹底する必要がある。

ア 特に、家きん舎に入る際に、手指消毒や家きん舎ごとに専用の手袋・長靴を使用することが重要であり、家きん舎の数に応じた手指消毒設備の設置もしくは手袋・長靴を用意するとともに、それらの更衣の際に交差汚染を防ぐ手順で実践することが求められる。

イ 従業員一人一人が手順を確実に遵守できるよう、飼養衛生管理マニュアル（令和4年2月施行）は、図示や多言語化により全従業員が理解できる表現形式とする必要がある。また、従業員に対する講習会の開催頻度など、手順の周知方法や、手順に沿った更衣・消毒ができているかを事後確認するため入退場及び更衣・消毒の記録の方法についても併せて規定することが有効と思われる。

(2) 今シーズンは国内の多くの地点で本病に感染した野鳥が確認され、様々なウイルス株が確認された。また、今シーズンは、欧州においてもこれまでにない多くの農場で発生が確認されている。我が国の今シーズンのウイルスは、前シーズンのヨーロッパ由来のウイルスや、それと野鳥株との遺伝子再集合株であることが確認されていることから、今シーズン世界各地で発生したウイルスを野鳥がシベリア等の営巣地に持ち帰り、来シーズンに我が国に持ち込まれる可能性は十分にあると考えられる。このため、来シーズンも引き続き、次のように野生動物対策を徹底する必要がある。

ア 家きん舎周辺の整理・整頓（野生動物の隠れ場所となる物品を置かないこと

や、家きん舎周辺の草刈り）や、野鳥等の小型の野生動物が侵入困難な 2 c m 以下の網目の防鳥ネットの家きん舎への設置と、破れがあった際の速やかな修繕に取り組むこと

イ ウインドレスの家きん舎であっても、除糞ベルトや集卵ベルトの通過口等について、野生動物の侵入を防止するためカバーやシャッターの設置等の対策を行うこと、クーリングパッドなど破損しやすい箇所は必要に応じネット等を設置するとともに破損した際は速やかな修繕に取り組むこと

ウ これらの対策や点検方法をマニュアル等に明記し、すべての従業員が危機感を持って徹底できるようにすること

- (3) 複数の発生事例が確認された地域においては、地域のウイルス量が増大していたことが推察されるが、野生動物等によりウイルスが保持・拡散された可能性や、発生農場との人や物の動きで感染拡大した可能性について、今シーズン発生したウイルス株に関する調査研究などにより明らかにすることが今後の対策の検討に有効と考えられる。

2) 初動防疫を迅速に措置するための早期通報

- (1) 今期の鶏での発生事例では死亡の増加、あひるにおいても産卵率の低下や神経症状が確認されていることから、本病の特徴を周知し、該当する異常所見が確認された場合に速やかに家畜保健衛生所に通報する体制を整えることがまん延防止に有効と考えられる。
- (2) 一方、今期のあひるでの発生事例で明らかになったように、あひるでは、感染時に必ずしも明らかな臨床症状を示さないと考えられる。このため、あひる農場での発生時には、感染から相当の期間が経過している可能性があることも考慮して、疫学関連農場の追跡やこれらの農場の清浄性の確認を慎重に行う必要がある。
- (3) 冬季は室温の低下、乾燥、他疾病による死亡が増加する傾向があるが、まずは鳥インフルエンザ感染の有無を確認することが重大な被害を防ぐ上で何よりも重要である。このためには早期通報の基準（通例の 2 倍以上の死亡や、チアノーゼ等の症状）について具体的な数値や写真を用いて日頃、飼養管理に携わる従業員などの関係者に周知し、確実に実践することが重要と考えられる。

1 高病原性鳥インフルエンザ疫学調査チーム委員名簿

石浦 英文	広島県西部畜産事務所 病性鑑定課長
伊藤 壽啓	国立大学法人 鳥取大学農学部共同獣医学科教授（チーム長）
稲垣 達也	富山県東部家畜保健衛生所 検査課長
猪熊 道仁	千葉県農林水産部畜産課家畜衛生対策室 副主査
今村 幸弘	高知県中央家畜保健衛生所 所長
内田 裕子	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 人獣共通感染症研究領域 新興ウイルスグループ長
内布 幸典	福岡県北部家畜保健衛生所 技術主査
内村 江利子	鹿児島県中央家畜保健衛生所 技術主幹兼防疫係長
尾形 長彦	大分県農林水産部畜産振興課
金井 裕	交易財団法人 日本野鳥の会参与
西藤 岳彦	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 疾病対策部長（チーム長代理）
白田 一敏	株式会社ピーピーキューシー 代表取締役
鈴木 幹一郎	徳島県徳島家畜保健衛生所 病性鑑定課長
高安 真理子	茨城県県北家畜保健衛生所 主任
田中 健嗣	岡山県農林水産部畜産課 副参事
中条 正樹	兵庫県姫路家畜保健衛生所 病性鑑定課長
西村 拓也	宮崎県宮崎家畜保健衛生所 病性鑑定課長
野上 真	奈良県家畜保健衛生所 業務第一課長
平野 佳世	栃木県県央家畜保健衛生所 家畜衛生研究部 主任研究員
藤原 美華	和歌山県紀南家畜保健衛生所 総務防疫課長
布藤 雅之	滋賀県家畜保健衛生所 家畜検査センター所長
松元 良佑	香川県西部家畜保健衛生所 防疫課長
三輪 能也	岐阜県中央家畜保健衛生所 病性鑑定監
村藤 義訓	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 越境性家畜感染症研究領域 疫学・昆虫媒介感染症グループ
森口 紗千子	日本獣医生命科学大学 獣医学部獣医学科 博士研究員
山本 健久	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 越境性家畜感染症研究領域 疫学・昆虫媒介感染症グループ グループ長補佐

（五十音順、敬称略。所属・役職名は委員在任時。）

2 事務局

農林水産省消費・安全局動物衛生課