

今週の話題：

＜ポリオ撲滅に向けての進展状況：アフガニスタン 2016年1月—2017年6月＞

アフガニスタン、パキスタン、およびナイジェリアのみで、依然として1型の野生ポリオウイルス（WPV1）の感染がみられる。この報告は、アフガニスタンにおける2016年1月から2017年6月までのポリオ撲滅に向けての活動、挑戦、進展状況について述べ、これまでの報告を更新する。2016年には1型の野生ポリオウイルス（WPV1）症例が13例アフガニスタンで報告されており、2015年の20例から7例減少した。1型の野生ポリオウイルス（WPV1）症例が2016年の同時期に6症例とであったのに対し、2017年1月から7月までで5例報告された。流行地区数は2015年に23地区（1型の野生ポリオウイルス（WPV1）陽性急性弛緩性麻痺（AFP）例と環境汚染陽性例を含む）であったが、2016年には6地区にまで減少した。1型の野生ポリオウイルス（WPV1）撲滅を達成するために、アフガニスタンのポリオプログラムはリスクの高い移動人口集団にワクチン接種をし、易感染性のある地域における子供に対する努力を強化するために、パキスタンのポリオプログラムと協力を続けるべきである。

* 予防接種の活動：

アフガニスタンにおいて、定期的な予防接種である3回経口ポリオウイルスワクチン（OPV3）の接種率は2015年、2016年ともに60%であった。3回経口ポリオウイルスワクチン（OPV3）の接種率は6—23か月の非ポリオ急性弛緩性麻痺（NPAFP）の子供における定期的な予防接種プログラムを通して表される。非ポリオ急性弛緩性麻痺は3回経口ポリオウイルスワクチン（OPV3）の全国的な接種率の間接的指標として用いられており、2015年は65%、2016年は67%であった。しかしながら大きな地域格差が存在し、中部州は100%、南部のHelmand州は28%である。経口ポリオワクチン（OPV）接種を、定期的な予防接種あるいは補足的な予防接種活動（SIAs）によって受けたことが1度もない（すなわち、0回接種の子供達）6—23か月の非ポリオ急性弛緩性麻痺の子供の割合は、2016年に全国でおよそ1%であり、実質2015年から変化していなかった。2016年に、4つの州で0回接種の子供達の割合がこれまでで最も高いと報告された：Paktika（17%）、Badghis（7%）、Helmand（6%）、Nangarhar（2%）。

2016年1月—2017年5月の間に、補足的な予防接種活動（SIAs）は5歳未満の子供たちの2価の経口ポリオワクチン（OPV）（1型と3型）、そして／あるいは3価の経口ポリオワクチン（OPV）（1型、2型と3型）の接種に焦点を当てた。加えて、ポリオウイルス感染のリスクが大変高い水準にある47の地区において以前に計画された活動の間に不活化したポリオウイルスワクチン（IPV）を投与されていない、あるいは、以前の補足的な予防接種活動（SIAs）に3回以上アクセスすることが出来ない地域に住んでいる4—59か月の子供達に、不活化したポリオウイルスワクチン（IPV）が補足的な予防接種活動（SIAs）の間に投与された。この期間に、経口ポリオワクチン（OPV）を用いて6回の全国ワクチン接種日（NIDs）そして9回の地域別ワクチン接種日（sNIDs）を含む、15回の補足的な予防接種活動（SIAs）が不活化したポリオウイルスワクチン（IPV）を用いて、あるいは用いないで実施された。5回の症例反応性のワクチン活動（すなわち、モップアップ）、また5回の短い期間を開けての追加接種（SIADs）が行われた。

アフガニスタンでの10歳未満の子供たちの予防接種は、パキスタンと国境を接している場所、また国中の主要な旅行経路沿い、ワクチン接種にアクセスできない地域の入り口と出口となる場所で続けられている。これらの地域のワクチン接種実施者のチームは2016年におよそ1,100万人の子供達に経口ポリオワクチン（OPV）を投与し、2017年の1月—5月の間に500万人の子供たちに経口ポリオワクチン（OPV）を投与した。

危険なことに、アフガニスタンとパキスタンの活発な対立と関連して、すべての子供たちに補足的な予防接種活動（SIAs）の間にポリオワクチンを届ける能力には限界がある。ポリオプログラムは戦闘が活発な地域における活動を延期することによる予防接種へのアクセスの問題と、地域の影響力を持つ人と対話することによってワクチン接種活動にアクセスすることに関する限定的な成功を証明していることに関して言及している。

2016年3月の全国ワクチン接種日（NIDs）の間に、9,523,420人5歳未満の子供達がワクチン接種の対象であり、184,363人（1.9%）がワクチンにアクセスできないことによってワクチン接種を受けられていなかった；それは南部のUruzgan州、Helmand州、Kandahar州の11,684人（0.1%）東部のNangarhar州、Kunar州、Nuristan州の25,869人（0.3%）である；そして北東部のKunduz州の146,810人（1.5%）を含む。2016年10月の全国ワクチン接種日（NIDs）の間に、予防接種にアクセスできない子供達の数は対象者の内393,737人（4.4%）にまで増加した；2017年3月の全国ワクチン接種日（NIDs）の間にアクセスできない子供達の数は98,915人（1%）に減少し、2017年5月の全国ワクチン接種日（NIDs）の間に最も減少し80,899となった。減少はKunduz州における最近の進歩を反映しており、この州では約1.5年間の活動禁止の後、予防接種へのアクセスが100%となった。

予防接種へアクセスできないことへの挑戦にもかかわらず、活動の間にアフガニスタンの予防接種へアクセスできる地域に住んでいる子供たちが最も予防接種を受けていない。活動後の調査ではこれらの

地域の子供達が以下のような理由で予防接種を受けていないことが明らかになっている；子供が家にいなかった；ワクチンが拒否された；子供が病気であったり、眠っていたり、あるいは生まれたばかりであった。予防接種にアクセスできる子供達の内、予防接種を受けていない人の割合は、2016年3月の全国ワクチン接種日(NIDs)における5.7%から2017年3月の全国ワクチン接種日(NIDs)における4.1%まで幅がある。国の南部では予防接種へのアクセスが可能である地域の子供達が依然として最も予防接種を受けておらず、2016年3月は9.5%、2017年3月は5.8%であった。

ランダムサンプリングの一手法(LQAS)が補足的な予防接種活動(SIAs)の質を評価するために用いられている。2016年の活動では、1貫して毎月、基準に満たない区画(閾値の80%以下で不合格)数が減少し、2016年3月の全国ワクチン接種日(NIDs)では25%が不合格であったのが、2017年の5月には9%となり、これは補足的な予防接種活動(SIAs)の質の改善を意味している。

* ポリオウイルスサーベイランス：

・ 急性弛緩性麻痺サーベイランス

アフガニスタンは政府の報告サイト、私立の医療施設、神社、そして伝統的な治療者を含む幅広い急性弛緩性麻痺サーベイランスネットワークを持っている。このネットワークはボランティアの報告者の幅広いネットワークによって補完されており、ボランティア数は2015年の17,218人から2017年の28,543人まで66%増加している。2016年の、毎年の全国非ポリオ急性弛緩性麻痺(NPAFP)割合は15歳未満の子供達100,000人あたり14.4人であった(範囲：100,000人あたり9.8—20.4人；サーベイランス対象：15歳未満の子供たちの2/10,000人)(表1)。急性弛緩性麻痺例から集められた十分な便試料の割合は92.2%であった(範囲：85.2%—98.2%；対象：80%)。擬似ポリオAFP症例がこの報告によってカバーされている期間に報告された。サーベイランスデータの解析は異なるカテゴリ間で同等の感受性を示す。非ポリオ急性弛緩性麻痺(NPAFP)の割合は15歳未満の子供で100,000人あたり10人を超えた；安全上の問題に関連してアクセスできない様々なレベルの地域をまたいで、十分な便試料がある急性弛緩性麻痺(AFP)症例の割合は85%を超えた。

表1：アフガニスタンにおける急性弛緩性麻痺(AFP)サーベイランス 要因(地域、期間、ポリオウイルスの型)と野生ポリオウイルス症例の報告数 (2016年1月—2017年6月)(WER参照)

・ 環境サーベイランス

2013年9月からアフガニスタンは専用の土地で汚水を採取し、補完的なポリオウイルスのサーベイランスを行ってきた。国中に、最近汚染されている17の土地と6つの州がある(南部のKandahar州、Helmand州、東部のNangarhar州、Kunar州、中部のKabul州、南東部のKhost州)。これらの土地のうち2つ(Kandahar州とNangarhar州)は2016年に加えられたもので、1つ(Khost州)は2017年に加えられた。この期間に、南部地域のサンプリング頻度は1ヵ月に1回から2週間に1回へと増加した。2015年には148標本のうち19(6%)標本は1型の野生ポリオウイルス(WPV1)陽性であった；2016年には184標本のうちたった2(1%)標本だけが1型の野生ポリオウイルス(WPV1)陽性であった。2017年6月現在、150標本のうち7(5%)標本が1型の野生ポリオウイルス(WPV1)陽性である。この陽性であった7標本は、Nangarhar州(3標本)、Kandahar州(3標本)、Helmand州(1標本)で採取された。

* 野生ポリオウイルスの疫学とワクチン由来のポリオウイルス(VDPV)：

1型の野生ポリオウイルス(WPV1)の症例が2015年は20例であったのに対し、2016年の間に、13例アフガニスタン内で確認された。2016年の同時期に6例であったのに対し、2017年の1月—6月の間に5例確認された(図1、地図1)。2014年にはアフガニスタン内で28例見つかった。2014年から野生ポリオウイルス(WPV)は年々減少している。ポリオの症例が報告された地域の数も、2015年は16か所であったのが2016年には4か所に減少した。2016年に報告された13例のうち7例(54%)は、南東部のPaktika州のBermel地区から報告された；4例(31%)は、東部のKunar州のShinfal wa Sheltan地区から報告された；そして1例(8%)ずつ南部のHelmand州(Nawzad地区)とKandahar州(Shahwalikot地区)から見つかった。2017年6月現在、5例5つの地区から報告されている：1例はKunduz州から、そして、Helmand州とKandahar州から2例ずつである。2016年1月から2017年6月の間に報告された18例のうち、13例は36か月未満の子供であり、13例のうち7例は経口ポリオウイルスワクチン(OPV)を1度も予防接種したことがなかった；1例は1度予防接種したことがあり、2例は2回予防接種したことがあり、1例は4回予防接種したことがあり、2例は5回以上予防接種したことがあった。18例のうち、16例は経口ポリオウイルスワクチン(OPV)の定期的な予防接種プログラムを通じて予防接種を受けたことがなかった。

ポリオウイルス事例のゲノム配列分析と環境的な孤立は、持続的なアフガニスタンにおける田舎での感染とともに、2016—2017年の間にパキスタンからアフガニスタンへ国境を越えて感染している事例が複数あることを明らかにした。2016年1月から2017年6月に環境的に孤立していた7つの地域のうち、5つの地域はパキスタンとの緊張状態の起源に深く関わりがあり、2つの地域はKandahar州とNangarhar州において地域内循環を示している。3型の野生ポリオウイルス(WPV3)の事例や、ワクチン由来ポリ

オウウイルスが循環するポリオウイルス 2 型 (cVDPV2) の事例はそれぞれアフガニスタンで 2010 年 4 月から 2013 年 3 月まで見つかっていない (図 1)。2016 年 12 月に不明瞭なワクチン由来ポリオウイルス (aVDPV) が Paktika 州の Bermel 地区で見つかった。

図 1: 月ごと年ごとのアフガニスタンにおける 1 型の野生ポリオウイルス (WPV1) の事例数とワクチン由来ポリオウイルスが循環するポリオウイルス 2 型 (cVDPV2) 2013—2017 (WER 参照)

地図 1: アフガニスタンにおける 1 型の野生ポリオウイルス (WPV1) の地域ごとの症例数 2016 年 1 月—2017 年 6 月 (WER 参照)

* 考察:

この報告がカバーしている期間中に、地理的境界やアフガニスタンでの 1 型の野生ポリオウイルス (WPV1) 報告数が以前より減り続けている。アフガニスタンのポリオプログラムは、国の災害対策本部 (EOC) を 2015 年に設立し、国のすべての地域が監視され、地元のポリオ活動の支援を受けることを保証するために地域の災害対策本部を 2016 年に設立した。2016—2017 年に国のポリオに対する緊急活動計画はアクセスできる地域とできない地域の両方の予防接種を受けていない子供たちに介入が届くということに加えて、管理、責任、データの質を向上させることに特に重点を置いている。移動人口を追うことに加えて、国は、国際移住機関 (IMO) や国際連合難民高等弁務官事務所 (UNHCR) のような他の国際的な機関と共同関係を強化していき、各群を追跡する活動と各群の子供たちの予防接種を行うために独自に焦点化した戦略をもって、リスクの高い移動人口を 4 群に分けた: 1) 国境をまたにかける人 (定期的アフガニスタンとパキスタンの国境地域の間を旅行する人)、2) 長距離旅行者、3) 遊牧民、そして 4) 帰国者)。

国同士の協働を改善するために、アフガニスタンとパキスタンの災害対策本部が 2016 年に国境を中心として設立された。それ以来、活動の同期性、定期的会議、データの共有、症例の調査や対処における協力、国境を越えた予防接種、移動人口の追跡は、両国間を移動する子供たちの予防接種能力を改善させた。

著明な改善にも関わらず、アフガニスタン南部における活動の質の最適下限には依然として課題が残る。ポリオプログラムは経口ポリオウイルス—不活化したポリオウイルスワクチンの補足的な予防接種活動 (SIAs) が行われている 47 の地域を特定した。これらの地区はポリオ感染のリスクが大変高い。ポリオに対するミクロな計画である補足的な予防接種活動 (SIAs) はリスクの高い地区の優先順位をもとに、再度改訂されている。予防接種を受けられていない子供たちの数を減らすために活動を拡大している。最初の 3 日間の後、全てのワクチン接種チームは 4 日目の 1 日をかけて予防接種を受けられない子供達のデータを見直し、5 日目に戻る代わりに子供たちに予防接種を届けるために戦略を計画する。特に安全上の課題のある地域に関して、独立した活動の監視は合併してできている。宗教的な指導者は社会的動員努力へ参加する国レベルから地域レベルまで、参加している。

輸送チームは予防接種にアクセスできない地域の入り口と出口、また旅行経路に沿った地区により焦点を当てた方法を確認してきている。国境をまたぐチームは、全ての正規、非正規の国境線地域に位置している。予防接種コミュニケーションネットワーク (ICN) のボランティアとしての地域メンバーの活用は加速しており、活動中に拒否を同意に変えることや予防接種を受けられない子供に追いつくことに貢献している。予防接種コミュニケーションネットワーク (ICN) はまた、リスクの高い移動人口とその移動パターンの特定に有用であることが証明されている。

撲滅を達成するために、アフガニスタンのポリオプログラムは予防接種を受けることができていない子供達を受け入れる余裕を維持することや、リスクの高い移動人口に予防接種を届けるための予防接種戦略の洗練をし続けなければならない。さらにプログラムは、ポリオ撲滅計画の核について妥協なしに職員の時間を定期的な予防接種の支援に捧げるという公約を完遂しなければならない。親株のないウイルス発見は 1% より高く、最も孤立に関連する株から分岐しており、ポリオウイルスの循環が見つけれないところで拡大していることを示唆する; パキスタンのウイルスと遺伝的に密接な関連が続いていることに加え、親株のないウイルスによってアフガニスタンとパキスタンのサーベイランスの改善や移動人口の追跡、移動人口の予防接種を行うための協力の優先順位付けを続ける必要性に焦点があたることによって、進行中の国境を越えた感染の防止や、アフガニスタンの予防接種を届けることが難しい地域におけるポリオウイルス循環の抑制につながる。

* 謝辞:

スイスのジュネーブ、世界保健機関のポリオ撲滅部門所属 Chris Maher; アメリカ、アトランタ州、疾病管理予防センター国際予防接種部門、Steven Wassilak; パキスタンのイスラマバードの国立衛生研究所の、ウイルス学部門、Salmaan Sharif; アメリカ、アトランタ州、疾病管理予防センター、公衆衛生準備対策部門。

<動物接触におけるインフルエンザのヒトへの感染症例、2015年1月～2017年4月>

この報告書には、鳥インフルエンザ A (H5)、A (H7)、A (H9N2) およびブタ起源のウイルスを含む、動物由来の非季節性インフルエンザウイルスによる検査で確認されたヒト感染症例の疫学およびウイルス学的特徴を要約している。報告書には、発症日が2015年1月から2017年4月までのWHOに報告された症例の詳細と、これまでに報告されたすべての症例の簡単な要約が含まれている。

*インフルエンザ A (H5) ウイルス:

・鳥インフルエンザ A (H5N1) ウイルスのヒトへの感染

時間的および地理的分布

2003年以降、16か国から859例のA (H5N1) ウイルスのヒト感染症例が報告されている。2015年には暦年に報告された中で最多の145例が報告されている。これらの症例のほとんどは、2015年5月までにエジプトで報告され、他に中国から6例、インドネシアから2例、バングラデシュから1例が報告された。2016年に報告された症例は10例で、4例が報告された2003年以降で最も低かった。2017年の第1四半期には3例しか報告されなかった。2016年と2017年のすべての症例はエジプトからの報告であった。

年齢と性別の分布

2003年以降では、ほとんどの症例が10歳未満の小児(34%、293/859)と若年成人であった。全男性:女性比はわずかに女性が多いものの、10歳未満の症例に限ると男児が多かった(1:0.9)(図1)。

臨床転帰

2003年以降に報告された症例の致死率(CFR)は53%(453/859)であり、2013年以降のCFRは60%未満(2014年42.3%、2015年29.0%、2016年30.0%、2017年33.3%)であった。

性別による転帰に有意差はなかったが、年齢群で見ると、10歳未満の症例は10歳以上の症例と比較して非致死率が高かった。

入院

2003年以降、情報の入手が可能であったほとんどの症例は入院しており、発症から入院までの中央値は4日(0~22日の範囲)であった。症例の約3分の1は、発症後2日以内に入院していた(216/764)。そして、症例の半数は発症後4日以内に入院していた(404/764)。致命的な結果となった症例は生存者(中央値3日)よりも遅く入院していた(中央値5日)。前年と同様に、発症後2日以内に入院した場合は、2日以降に入院した場合よりも生存する可能性が高かった(オッズ比[OR]:4.1、95%信頼区間[CI]I:2.9~5.8)。発症後4日以内に入院した症例でも、程度はより低いものの生存する可能性が高かった(OR:2.3、95%CI:1.7~3.0)。

抗ウイルス治療

2003年以降、情報の入手が可能であったほとんどの症例では、平均して病気の発症から4日目にオセルタミビル治療を受けている(0~25日の範囲)。症例の3分の1は、病気発症後2日以内にオセルタミビルを投与され(88/301)、そして半数は発症4日以内に投与された(125/301)。発症の2日または4日以内にオセルタミビルで治療された症例は、発症の2日後または4日後に治療された患者よりも生存する可能性が高かった(OR:3.9、95%CI:2.1~7.3 vs OR:2.6、95%CI:1.6~4.3)。

暴露

2003年以降に確認された859症例のうち579件(67%)が鳥への曝露が原因であった可能性がある。この数には、集団感染の一部の症例は含まれていない。これらの症例では、鳥の屠殺/脱毛/処理による曝露、近隣の鳥の大量死、生きた鳥を扱う市場の訪問、職業曝露および病気または死亡した家禽の摂取が報告された。確認された症例の少数が集団感染の一部であった。最後の集団感染例は2015年にエジプトで確認された2件を含むと報告されている。

ウイルス学的情報

2015年~2017年に報告されたヒト症例に由来し、分離されて性状を調べられたインフルエンザ A (H5N1) は、インフルエンザ A (H5) の遺伝子群 2.2.1.2 (エジプト) および 2.3.2.1a (バングラデシュ) に属している。中国でヒトに感染した A (H5N1) ウイルスのクレードは不明であるが、動物または環境サンプルで検出された A (H5) ウイルスはクレード 2.3.2.1c または 2.3.4.4 のいずれかであった。利用可能な情報に基づくと、ヒトから単離されたウイルスのクレードは、地元の家禽で分布しているものと同じであった。いくつかのインフルエンザワクチンウイルス (CVVs) の候補が存在しており、2016年9月には2つの新しいクレード CVVs が提案された。これらは、既存の CVVs と遺伝的および抗原的に異なる中国、中東、アフリカの鳥類で検出された H5 クレード 2.3.2.1c A (H5N1) ウイルスとして提案された。それ以降の継続的な進化にもかかわらず、最近のウイルスにおいても提案された CVVs に抗原的に類似したままである。

・鳥インフルエンザ A 型 (H5N6) ウイルスのヒトへの感染

時間的および地理的分布

インフルエンザ A (H5N6) のヒト感染症例は最初の症例が検出された 2014 年以降、WHO に合計 16 例が報告されている。すべての症例が中国からのもので、2016 年に 9 例、2015 年に 5 例、2014 年に 2 例である。これらの症例は、安徽省 (1 例)、広東省 (7 例)、広西チワン族自治区 (1 例)、湖北省 (1 例)、湖南省 (3 例)、四川省 (1 例)、雲南省 (2 例) の 6 省から報告された。2017 年に発症した症例は報告されていない。

年齢と性別の分布

これら 16 例の年齢の中央値は 40 歳 (5~65 歳の範囲) で、9 例は女性であった。

入院、臨床転帰、治療

全ての症例 (患者の状態が報告されなかった 1 例を除く) は報告時に入院しており、重症または危篤状態であった。16 例のうち 11 例が最終的に死亡し、全体の CFR は 69% だった。

暴露

暴露源が報告されなかった 3 つの症例を除いて、全ての症例は生きている家禽または生きた家禽を扱う市場 (LPMs) に曝露していた。集団感染症例は報告されなかった。

ウイルス学的情報

ヒトの症例から検出されたすべてのウイルスは、赤血球凝集素 H5 遺伝的クレード 2.3.4.4 に属していた。A (H5N6) のヒトへの感染症例が 2014 年に初めて検出されて以来、いくつかの症例から単離された A (H5N6) ウイルスは進化してきた。2015 年にヒト感染症例から単離したいくつかの A (H5N6) ウイルスは A (H9N2) ウイルスと類似した内部遺伝子を持っていた。一方で、以前のヒト症例由来の A (H5N6) ウイルスは A (H5N1) ウイルスと最も類似した内部遺伝子を有していた。このことは A (H5N6) ウイルスと他の鳥インフルエンザウイルスによる遺伝子再集合が続いていることを示唆している。同様に、H5 クレード A (H5N6) ウイルスが中国、日本、ラオス、ミャンマー、韓国、ベトナムの鳥類で検出されている。家禽や環境サンプルの分析は、遺伝子型の異なる A (H5N6) が、中国南部のいくつかの州でのみ検出された A (H9N2) 遺伝子由来の内部遺伝子を有するウイルスとともに、地域によって異なる可能性を示している。

いくつかの CVVs が存在するが、中国においてヒトから、また日本、韓国、ベトナムにおいて鳥類で検出された A (H5N6) ウイルスは、遺伝学および/または抗原的に既存の CVVs と異なるため、新しい CVVs が提案されている。

国際獣疫事務局 (OIE) および国連食糧農業機関 (FAO) の報告によると、鳥インフルエンザ A (H5) ウイルスは、多くの国で家禽および野鳥の両方で検出されていた。2016 年から 2017 年の間にインフルエンザ A (H5) ウイルスは、アジアおよびヨーロッパの多くの国々で家禽および野鳥において重大な病気を再び引き起こした。そしてこれはこの冬季に、より多くの国に影響を及ぼし、地元の鳥インフルエンザウイルスとの遺伝子再集合が発生した。2017 年に初めてアフリカの鳥で A (H5N8) ウイルスが検出され、アフリカのいくつかの国々でも、鳥における A (H5N1) ウイルスの検出が報告され続けている。今日まで、鳥インフルエンザ A (H5N2) や A (H5N8)、新しい遺伝子再集合 A (H5N1) ウイルスによるヒト感染は報告されていない。

* 動物に循環する他のインフルエンザウイルスのヒトへの感染 :

- ・鳥インフルエンザ A (H7N2) ウイルスのヒトへの感染

症例説明

2016 年 12 月、インフルエンザ A (H7N2) ウイルスに感染した猫に曝露されたことによるヒトのインフルエンザ A (H7N2) ウイルス感染の 1 例が WHO に報告された。保護環境下にある猫の個体群で呼吸器疾患が発生した直後に、ヒトがインフルエンザ様の病気を発症した。患者は軽度の症状から完全に回復した。さらなるヒトの症例は報告されず、ヒトからヒトへの感染も検出されなかった。これは、おそらく感染したネコに曝露されたことにより A 型インフルエンザウイルスに感染したヒトの最初の症例であった。ウイルスがどのように猫の個体群に感染したのかははっきりしない。これまで報告されてきた A (H7) ウイルスによるヒト感染症例は、感染鳥類との接触によるものであった。

ウイルス学的情報

感染したヒトおよび感染したネコのインフルエンザ A (H7N2) ウイルスの全ゲノムは、遺伝的にほぼ同一であった。このウイルスは北アメリカ系統の病原性の低い鳥インフルエンザ A 型 (H7N2) ウイルスと密接に関連しており、2006 年に米国の鳥の個体群で最後に検出された。この鳥インフルエンザの亜型は、1994 年以降、米国の LPMs および商業用家禽農場で検出されている。ヒトの症例から単離されたウイルスのさらなる分析から以下のことが判明した。このウイルスは、A (H7N3) および A (H7N7) ウイルスと比較して、眼膜というよりはむしろ、哺乳類の呼吸器の向性を持っている可能性がある。このウイルスは哺乳動物モデルで軽度の症状を引き起こしただけであった。また、ウイルスは哺乳動物間で伝染しなかった。しかしながら、このウイルスは、哺乳動物の適応性の向上 (融合 pH の変化およびヒト呼吸器細胞の複製の増加) に関連するいくつかの特徴を示しており、さらなる研究を行う必要がある。過

去に、米国の家禽由来のいくつかの低病原性 (LP) A (H7N2) ウイルスは、アルファ (2, 6) 結合シアル酸受容体への結合の増加を示し、ヒト由来の 1 つの低病原性 (LP) A (H7N2) ウイルスはアルファ (2, 3) 受容体への結合が減少を示し、直接的な接触によりフェレット間で伝染した。

・鳥インフルエンザ A (H7N9) ウイルスのヒト感染

時間的および地理的分布

2013 年 3 月から 2017 年 4 月までに、1,476 例の鳥インフルエンザ A (H7N9) ヒトへの感染が WHO に報告されている。その内訳は、中国が 1,473 例、カナダが 2 例、マレーシアが 1 例で、少なくとも 370 人の死者を含んでいる。全ての症例は中国のウイルスに曝露していた。

ほとんどの症例は 2013 年以降、毎年 12 月中旬から 5 月にかけて発生しており、ピークが遅れて 4 月となった 2013 年を除いて、1~2 月の 2~5 週間がピークとなる。最近の流行ではヒト症例の増加が早期 (11 月) に発生した。これまでに検出された 5 つの流行では、それぞれ 135 例、320 例、224 例、119 例、678 例が報告されている。

中国内のヒトの感染症例分布の地理的拡大が近年の流行期間に続いている。現在までに、ヒトの感染症例または暴露例が中国の 30 の地域から報告されている。第 4 の感染流行中、遼寧省と天津市は新たに暴露や感染者が発生した地域であり、第 5 の流行で新たに暴露や感染者が発生した地域は重慶、甘肅、マカオ、陝西、山西、四川、チベットである。副省級都市においても、以前に感染が起こっていない地域でのヒト感染症例の地理的分布の拡大が第 4 および第 5 の流行で起こった。さらに、第 4 と第 5 の流行において準都市住民と農村住民で報告された症例の割合は、最初の 3 つの流行の症例数よりも多かった。今日まで、インフルエンザ A (H7N9) ウイルスによるヒト感染症例は近隣諸国で検出されておらず、これらの国の生きた鳥を扱う市場における環境や家禽の標的型サーベイランスにおいて、インフルエンザ A (H7N9) ウイルスは感染鳥類や環境から検出されていない (図 2)。

年齢と性別の分布

A (H5N1) 感染症のヒト症例とは異なり、A (H7N9) ウイルス感染症のヒト症例のほとんどは、40 歳以上の成人に発生している。40-59 歳が優勢であった第 3 の流行と、40-59 歳および 60 歳以上の場合の割合が等しかった第 5 の流行を除き、60 歳以上の感染症例が多かった。10 歳未満の小児に発生したのはわずか 3% (45 例) であり、この割合は流行気が異なってもほとんど変化しなかった。2013 年以降に報告されたすべての症例の年齢中央値は 57 歳 (0~91 歳の範囲) で、男性と女性の年齢中央値は若干異なるが、流行期が異なっても変化は見られなかった。

男性の症例は女性の症例よりも一般的に多く報告され、男性 : 女性比は 1 : 0.4 であり、これは流行全体を通して一貫していた。10 歳未満の症例群においては、女性の割合が最も高く、男性 : 女性比は 1 : 1.4 の割合であった。男性 : 女性比は、報告された省や症例数によって大きく異なっていた。

高齢男性は、すべての感染流行でより頻繁に罹患しており、これは一般に男性が家禽に対する暴露の頻度がより高いこと、加えて女性や他の年齢群と比較して、LPMs および/または健康管理の行動における違いが大きいのもかもしれない。

入院

確認された症例のほとんどすべてが入院したと報告されており、病院にいる間に発症したのは 40 例であった。病気の発症後に入院した症例では、発症から入院までの時間は 0~33 日 (中央値、4 日) だった。症例間の時間は、性別、経過または年齢に依存しなかったが、10 歳未満の症例では有意に短かった (中央値 1 日 vs 4 日)。病院に入院した症例のうち、24% (281/1,179 人) が発症後 2 日以内に入院し、54% (643/1,179 人) が発症後 4 日以内に入院した。症例治療の特徴に関する詳細は WHO に報告されていない。

図 1 : 2017 年 5 月 23 日現在、発症月による A (H5N1) ウイルスのヒトへの感染の確認症例数 (WER 参照)

図 2 : 2017 年 5 月 23 日現在、発症週による A (H7N9) ウイルスのヒトへの感染の確認症例数 (WER 参照)

臨床転帰

2013 年以降の 1,476 例のうち 605 例 (41%) が報告時に危篤または重症であった。症状からの情報がほとんど得られなかった第 1 の流行期間の症例を除くと、報告された時点での危篤または重症の症例の割合は第 2 期の 54% から第 4 期の 64% まで様々であった。しかしながら、報告書の重症度分類は経時的に変化している可能性があること、1,476 例のうち 443 例 (29%) が報告されていなかったことなどから、これらのデータは慎重に解釈されなければならない。概して、本報告書または他の出版物で発表されているデータは、臨床的重症度における有意な変化を示さなかった。

2013 年には、無症候性が 2 例と軽症が 43 例報告されているが、そのうち 21 例は第 2 の流行期間中に報告されている。43 例の軽症のうち 19 例 (44%) は 10 歳未満であり、残りの半数以上が 20 歳未満であった。

国際保健規則 (IHR) に則った WHO への通知書によると、報告された確認症例 1,476 例のうち 370 例 (25%) は致死性であった。しかしながら、報告時に常に最新の情報を利用できるわけではないので致

死率が低く評価されている可能性がある。

暴露とリスク要因：

情報を得ることができた確認症例の90%以上において、家禽または活鳥市場による暴露が報告された。この割合は5回の流行期間で一致している。家禽の暴露歴が不明であった症例として56症例が同定された。

ヒトのA(H7N9)ウイルス感染症例は、主にLMPs内のウイルスに感染した無症候性家禽との直接的な暴露によるものである。感染した個人の多くは、市場を訪れた際やその後に、生きた家禽または媒介物と直接的・間接的に接触している。しかし、市場の空気サンプリングにおける最近の調査結果において、生存ウイルスの飛沫感染または飛沫核感染(空気感染)も生じる可能性が示唆されている。

第3の流行期においては、庭にいる家禽への暴露もまた重要なリスク因子として浮上した。確認された症例では、コントロール集団と比較して慢性的な基礎疾患を持っていることが多いようである。

WHOは2013年以降、ヒトにおけるA(H7N9)ウイルスの集団感染を36例報告している。3人の感染者が発生した4例を除いた、残りの33例で感染者は2人であった。それら症例は、9例が家族集団、2例が医療従事者集団、2例が医療従事者と家族集団、そして1例が職場集団に分類された。集団における2次的な症例に関する重症度または転帰は22症例から情報を得ることができた。報告された時点において、12症例は重症、危篤または致死性であったが、10症例は無症候性または軽症であった。7集団において、生きた家禽の暴露がない2次的な症例が報告されており、これら症例の暴露要因としてヒトからヒトへの感染が疑われる。

概して、調査結果では一般人集団も確認症例と密接な接点を持つ人々も、ほとんどまたは全くA(H7N9)ウイルスへの免疫を持っていないことが判明した。2013年において、A(H7N9)ウイルスの血清反応陽性率が最も高い地域は浙江省と広東省で、6~7%であった。

ウイルス学的情報

鳥インフルエンザウイルスA(H7N9)は、ヒト症例が暴露された可能性のある全ての区域(活鳥市場、家禽の卸売市場、商業用または繁殖用農場)で収集された動物または環境サンプル、あるいはその両方で検出されている。これまで、A(H7N9)の生態学において野鳥や豚、そして他の哺乳動物の役割は重要でないと考えられてきた。

2017年2月まで、ヒトの症例と動物から分離されたインフルエンザA(H7N9)ウイルスは低病原性(LP)鳥インフルエンザウイルスとして分類されてきた。しかし、2016年後半と2017年前半における広東省でのヒトのインフルエンザウイルス2症例で、遺伝子配列が高病原性(HP)鳥インフルエンザと一致していた。台湾でHP A(H7N9)ウイルスに感染した3症例目が確認されたが、この症例は広東省でウイルスに暴露された可能性が高い。ほぼ同時期に、HP A(H7N9)ウイルスが広東省のLPMsでも検出された。その後、ヒト感染症例が広西省と湖南省から5例報告された。これまでのところ、LPウイルスと比較してHPウイルスに感染したヒトにおける疾患の重症度に有意差は認められていない。

2013年から、ノイラミニダーゼ(NA)阻害剤耐性の遺伝的または表現型的な証拠はA(H7N9)ウイルスにおいて散在的に検出されている。第5の流行期において、それらの変異を伴ったウイルスが抗ウイルス剤治療を開始した後の患者検体から検出された。このマーカーに関して検査した全てのウイルスの中からNA遺伝子においてR292K置換関連性変異を伴うウイルスの割合は経時的に変化していない。

哺乳動物における適応と病原性に関連した遺伝子マーカーの報告では、A(H7N9)ウイルスにおける著しい経時変化は明らかにされていない。しかし、継続的なウイルスの進化は最近の分離株とこれまでの候補ワクチンウイルス間における抗原性の相違をもたらしている。2017年3月、2つの新たなA(H7N9)候補インフルエンザワクチンウイルス(CVV)が発展途上国に推奨された。新しいCVVの1つはA/広東/17SF003/2016様ウイルス(揚子江デルタ地帯株から分離した高病原性株)であり、もう1つはA/ヒト/2650/2016様ウイルス(揚子江デルタ地帯株から分離した低病原性株)である。

*鳥インフルエンザA(H9N2)ウイルスのヒトへの感染：

時間的および地域的分布

2015年から2017年にかけて、A(H9N2)ウイルスによるヒト感染症例は23例検出されており、2015年に10例、2016年に11例、2017年に2例が発症している。中国では10地域から18例、エジプトでは3症例(このうちの1症例はH9の亜型のみによるものでありNAタイピングは失敗した)、そしてバングラディッシュでは2例が確認されている。1998年以降、A(H9N2)によるヒトへの感染症例が中国、バングラディッシュ、エジプトで約45例も検出されている。

年齢と性別の分布

女性は12例であった。年齢の中央値は4歳で(年齢幅は9歳~84歳)、大半(17症例)は10歳未満の小児が占めていた。

入院、臨床転帰、治療

臨床症状が報告された14例のうち、12例は軽症であったが、2症例は重症で入院を必要とした。入

院を必要とする症例のうち1例は基礎疾患のある成人で死亡した。これが最初のA (H9N2) によるヒト致死性感染症例として知られている。もう1例は、基礎疾患のない小児で人工呼吸を必要とするような重度の呼吸器疾患にまで発展し、肺外組織の機能不全をも呈する症例であった。この患者は最終的に回復し、退院した。

暴露

5例において家禽の暴露は報告されておらず、4例に関しては、暴露経歴は不明である。14例は活家禽や活家禽の環境に曝露されていた。バングラディッシュから報告された症例は、活鳥市場で働く家禽労働者であった。

インフルエンザ A (H9N2) ウイルスは中東、北アフリカ (2016年にモロッコで最初に検出された)、そして西アジアや東アジア諸国の家禽に拡がっている。循環しているウイルスは低病原性 (LP) 鳥類インフルエンザウイルスとして分類されているが、それらはとりわけ他の病原体が存在する時に家禽において重大な罹患率と死亡率を引き起こす可能性がある。中国では、A (H9N2) ウイルスが年間を通じて検出されている。

A (H9N2) ウイルスを含むインフルエンザウイルスからの遺伝物質は家禽飼育場や LPM からの空気サンプルで検出されている。生存可能な A (H9N2) ウイルスもまた、活鳥市場からの空気サンプルで検出されている。

ウイルス学的情報

A (H9N2) ウイルスは異質グループである。インフルエンザ A (H9N2) ウイルスは、遺伝子の再構築を通して、AA (H5N1)、A (H10N8)、A (H5N6) そして A (H7N9) などのヒトに感染する他の鳥類インフルエンザ亜型に内遺伝子を付与する。鳥類または哺乳動物起源のいくつかのウイルスにおいて、ヒト感染と哺乳動物への適応に重要性を持つ分子特性が報告されている。また、 $\alpha 2, 6$ レセプターへの選択的結合や低 pH における融合のような哺乳動物への適応に関連した表現型特性も報告されている。フェレットモデル (直接的または呼吸器を介する飛沫) において、いくつかの A (H9N2) ウイルスの効果的な接触媒介の証拠が示されている。しかし、他の調査結果ではフェレットモデルにおけるエアロゾル媒介感染に関する限定的な証拠を示している。

他の鳥類インフルエンザ亜型の力価よりも有意に高い抗 H9 力価が鳥類暴露群とコントロール群の両方で記録されている。抗 H9N2 血清陽性率研究のメタアナリシスによると、鳥類暴露群間での赤血球凝集抑制試験による血清陽性率の中央値は 4.9% (0.6-42.6%)、マイクロ中和試験による中央値は 2.7% (0.5-9%) と報告されている。

2015年から2017年にかけて、家禽やヒトの症例から分離された利用可能な A (H9N2) は、現存する6つの CVVs と抗原的に関連しており、2014年2月から新たな CVVs は提案されていない。

* A (H1N1) v ウイルスによるヒトへの感染：

分布、転帰、暴露：

2015年に、豚を起源とするアジア亜型株ユーラシア鳥類様 A (H1N1) インフルエンザによるヒト感染が中国から3例報告された。患者は3例全てが小児であり、全員回復している。このうち2例は雲南省の2施設における定点インフルエンザ様疾患調査で検出された。この2名の患者は軽度の症状を呈していたが、豚または他の動物への暴露は不明である。3例目は人工呼吸器を必要とする重度の疾患へ発展しており、飼育豚に暴露されていた。少なくともアジア亜型株ユーラシア鳥類様 A (H1N1) v インフルエンザによる2例は以前 (2010年と2011年) にも中国で報告されている。

さらに、WHO は欧州のイタリア、オランダ、スイスにおける豚起源の鳥様 A (H1N1) インフルエンザウイルスのヒトへの感染を3例報告しており、これらは全て2016年に発症していた。このうち2例は重度の臨床疾患に発展し人工呼吸器を必要としたが、1例は軽度の症状のみであった。全症例が回復し、全症例で発症以前に豚への直接的な暴露があった。

アメリカ合衆国では、3つの異なる州からヒトへの A (H1N1) ウイルス感染が3例同定されており、全てが2015年に発症している。これにより、2005年以降のアメリカ合衆国におけるヒトへの A (H1N1) v ウイルス感染症例数が合計で20例となった。3例のうち1例は軽度の症状、残る2例が入院となり、2例が回復して1例が死亡した。この症例が A (H1N1) v ウイルス関連死の最初の症例となった。この3名全員が豚と密接な接点を持っていたか、養豚施設またはその近くで仕事をしていた。

ウイルス学的情報

中国の3例から分離されたウイルスは、以前のヒト症例から分離された EA 株内の全8遺伝子とは遺伝的に異なるようである。分離されたうちの3つにおいては、HA、NA そして M 遺伝子のみが EA 株に属していた。一方、PB2、PB1、PA と NP 遺伝子は A (H1N1) pdm09 ウイルスに、NS 遺伝子は古典的な豚株に属していた。2017年2月に、このユーラシア A (H1N1) v ウイルスの株に対する CVV が提案された。

オランダで分離された株、イタリアから分離された株、そしてスイスから分離された株の4つの遺伝子画分の全ての遺伝子断片の全体 (または部分的な) 配列は、これらの3つのウイルスが豚起源のもの

であることや、1979年から豚に存在しているアジア亜型株ユーラシア鳥類様 A (H1N1) 豚インフルエンザのヨーロッパ亜型株の近縁種であることを示している。オランダでのヒト感染症例から分離されたウイルスのみ、抗原性検査に利用可能であった。この結果より、このウイルスは現存の CVVs とは抗原的に区別されることが判明し、2017年3月に新しい CVV が提案された。

アメリカ合衆国で報告されたヒト感染症例から分離された3つのウイルスは、古典的な豚 A (H1) ウイルスの γ 株に密接に関連している HA 遺伝子を持っていた。ヒト感染症例から分離されたウイルスの1つに遺伝的、抗原的変化があるため、2015年9月に新しい CVV が提案された。

* A (H1N2) v ウイルスによるヒトへの感染：

分布、転帰、暴露

この報告期間中に、WHO に A (H1N2) v による感染症が新たに5例報告され、1例を除く全ての症例がアメリカ合衆国のものであった。2015年11月に発症した5例目は、インフルエンザ様疾患 (ILI) 調査によって検出され、南ブラジル地域から報告された。2例が入院したが、5例は全て回復した。また、全症例において発症する前の週に豚への暴露があった。

ウイルス学的情報

これらのヒト感染症例からのウイルスは全て地元の豚の集団を循環しているウイルスと類似していた。2016年にアメリカ合衆国でヒト感染症例から分離された1つのウイルス由来の HA 遺伝子は、古典的な豚インフルエンザウイルスの α 系統に属していた。残りの3つのウイルスは豚インフルエンザウイルスの δ 系統に最も類似した HA 遺伝子を持っていた。豚 A (H1) ウイルスの δ 系統は、パンデミック前の季節性ヒト A (H1N1) ウイルスに由来する。それらのウイルスに対する現存 CVVs の反応と予防接種後のヒト血清が不足していたので、このウイルスに対する新しい CVV が2017年3月に提案された。

* A (H3N2) ウイルスによるヒトの感染：

分布、転帰、暴露

2015年から2017年にかけて、24例の A (H3N2) v ウイルスによるヒト感染が検出または報告された。1例はカナダから、そしてもう1例はベトナムから遡及的に検出され、残りの22例はアメリカ合衆国の5州から報告された。2015年に3症例、2017年に1症例、そして残りの症例は2016年に発症した。大半の症例 (20例) は6月から8月にかけて発生しており、アメリカ合衆国での22症例のうち18例は2016年の7月から8月に発症していた。患者の年齢幅は5か月から19歳までであるが、1例は64歳であった。12例が男性であった。

このうち2例で基礎疾患を持っていたことが報告された。情報が得られた22例のうち、2例は肺炎で入院した (うち1例は基礎疾患を持っていた) が、残りの症例は軽症であった。全ての症例は回復した。また、全ての症例は発症する前の週に豚 (展示用または農場の豚) への直接的または間接的な暴露があった (暴露が報告されていない1例は除く)。具体的に、11例は農産物品評会の出席者であり、6例は農産物品評会の出品者、1例は豚が飼育されている農場への訪問者、もう1例は農産物品評会で獣医として働いていた。残りの4症例では正確な自然曝露の経歴が明記されていなかった。

ウイルス学的情報

アメリカ合衆国において、A (H3N2) v ウイルスによるヒト感染症例から分離された18種のウイルスのうち16種は、以前にヒトから検出されたものとは異なる遺伝子型であった。それらのウイルスは2010年と2011年にヒトに循環し、豚へと伝播したものと同様の H3 HA 遺伝子を保有していた。これより以前と2011年以降におけるヒト感染症例の大半は、1997年から1998年の間にヒトに循環したウイルス (グループ IV) のものと類似した季節性 H3HA を有する豚インフルエンザ A (H3N2) ウイルスに感染していた。2011年以降、ヒト感染症例から分離された A (H3N2) v ウイルスの全てが、1つまたはそれ以上の A (H1N1) pdm09 ウイルス由来の遺伝子を持っていた。

ベトナムで検出されたウイルスは、2003年から2004年の間にヒトに循環していたヒトの季節性 A (H3N2) ウイルスに由来する HA 遺伝子セグメントを有するベトナムの豚に循環しているウイルスに遺伝的に関連していた。カナダでヒト症例から分離されたウイルスは、A (H1N1) pdm09 ウイルスからの内部遺伝子を持った A (H3N2) v ウイルスの最初の検出となった。

2016年9月、同年アメリカ合衆国で検出されたヒト症例由来の A (H3N2) v ウイルスのうち16のサブセットが現存している2つの CVV にあまり反応しないことから、A (H3N2) v ウイルスに対する新しい CVV が提案された。

* 結論：

これらの症例には以下の注目すべき特性があった。どの事例においても持続的なヒトからヒトへの感染は検出されなかった。A (H7N9) ウイルスによるヒト感染症例の急激な増加が見られた。一方で、A (H5N1) ウイルスによるヒト感染症例の急激な減少が認められた。そして、豚インフルエンザ変異ウイルスによるヒト感染症例の約1/4が重症化し、1例が致死性であった。

A (H5N1) によるヒト感染症報告例数はここ数年で劇的に減少しているが、2016年からの A (H7N9)

によるヒト感染症報告例数はこれまでの4回の流行期を合計した数よりもさらに増加している。これまでのところ、家禽または家禽に汚染された環境への暴露がヒト感染症報告例の大部分に関して主な感染起源となったままである。集団発症例が報告されているものの、ウイルスがヒトからヒトに感染する能力を得ているという証拠はない。それにも関わらず、最近の感染の規模と地理分布はウイルスがさらに広がっており、動物集団におけるコントロールが難しくなっていることを証明している。最近、中国の農業区域で、来月中旬に家禽へのA(H7N9)ウイルスに対する全国区予防接種を導入することが発表された。将来的な低病原性または高病原性A(H7N9)の共循環や人畜共通感染症動態における家禽へのA(H7N9)ワクチンの効果が今後の課題である。

診断や調査、医療従事者における認知度の改善は、2016年から2017年間の中国におけるA(H7N9)ウイルスヒト感染症の報告症例数と検出数の増加に影響を与えているかもしれないが、無症状症例の過少診断が続いている可能性があることを認識することが重要である。

インフルエンザウイルスの変異や予測不可能な特性を考慮すると、それらのウイルスが感染症学的またはウイルス学的な変化を遂げた際はいつでも詳細で有益なリスクアセスメントが必要である。WHOは提携機関による支援によって、別の人畜共通感染インフルエンザウイルス（これらの動物インフルエンザウイルスは少なくともヒト感染症を1例引き起こしている）による持続的なヒトからヒトへの感染リスクを明らかにするため、インフルエンザパンデミックリスク評価に関する調査手段(TIPRA)を開発した。TIPRAはあるウイルスの可能性や持続的なヒトからヒトへの感染の影響を明らかにするために、ウイルス特性や生態学または感染症学を含む様々な因子を考慮している。

今日まで、TIPRAはA(H1N1)2009年パンデミックウイルスの前駆体、H5N6、H7N9、H9N2などのインフルエンザウイルスの評価に用いられてきた。それらの評価から、A(H7N9)はA(H1N1)2009年パンデミックウイルスの前駆体の後に、A(H5N6)に匹敵する公衆衛生上の影響を与える、持続的なヒトからヒトへの感染を引き起こす可能性が最も高いと予測されており、将来的にヒトからヒトへの感染をすするであろう。これらの所見はA(H7N9)ウイルスの動物モデルにおける、二重レセプター結合や限定的な空気感染に大きく影響されている。

リスクアセスメントが利用可能な情報にのみ説得力があるのと同様に、詳細な感染症学的と臨床調査は、それらのウイルスのリスクについて深く学ぶために重要である。ウイルス特性、とりわけ抗原特性と完全なゲノム配列解析、動物の健康と公衆衛生の提携機関との緊密な連携は、それらのウイルスがパンデミックを起こす可能性の評価をするために重要である。しかしながら、TIPRAは次のパンデミックウイルスを予測できないので、WHOはインフルエンザウイルスの国際的な観察の重要性と、全ての加盟国が自国で日常的にインフルエンザ調査を強化するように活動と勧告をし続けている。パンデミックを引き起こす可能性のあるインフルエンザAウイルスによるヒト感染症例は全てIHR(2005年)に従って、WHOに報告されるべきである。

* 著者の所属

^a 世界インフルエンザプログラム, 感染危険マネジメント集団, 世界保健機構, ジュネーブ, スイス (連絡先の著者: Katelijin Vandemaële, WHOinfluenza@who.int)

* 承認

WHO 世界インフルエンザ調査応答システム (GIRS)、WHO 地方または国家オフィス

<メッカ巡礼(ハッジ)を目的とするサウジアラビアへの渡航者の健康状態、2017>

* 論説:

この文章はサウジアラビアへの入国に関する完全な必要条件を旅行者に知らせるものである; これはWHOの全ての方策を規定したことによる承認という意味を含まない。

サウジアラビアの保健省は2017年ハッジ(大巡礼)とウムラ(小巡礼)について、入国ビザに関する必要条件と勧告書を次に示すウェブサイト上で公表している。

(<http://who.int/ith/updates/20170408/en/>)

(櫻井友実、横井彩、平野希依、四本かやの、大崎博之、石井豊恵、亀岡正典)