

精神科病院におけるヒトメタニューモウイルスが原因と推定された集団感染事例

茨城県衛生研究所 ○後藤慶子, 黒澤美穂, 本谷 匠, 永田紀子
茨城県土浦保健所 梅澤昌弘
茨城県疾病対策課 土井育子, 小林雅枝

1 はじめに

ヒトメタニューモウイルス (Human metapneumovirus: HMPV) は 2001 年に RS ウイルス (Human respiratory syncytial virus: RSV) と同様の臨床症状を呈した小児の鼻咽頭から発見されたウイルスである。パラミクソウイルス科ニューモウイルス亜科メタニューモウイルス属に分類されるマイナス 1 本鎖 RNA ウイルスであり, 2 つの group (A, B), 4 つの subgroup (1A, 2A, 1B, 2B) に分類される。HMPV は春から初夏にかけて流行する乳幼児の急性呼吸器感染症として知られており, 小児のウイルスに起因する呼吸器感染症の 5~10% が HMPV によると考えられている。症状の大部分は上気道炎だが, 乳幼児や高齢者では重症化し, 気管支炎や細気管支炎, 肺炎を引き起こすことがある。院内感染や老人施設での集団感染事例が散見されるが, 長期間にわたり同一のウイルスが感染拡大した事例報告は少ない。

今回, 2016 年 7 月上旬から 8 月中旬にかけて県内の精神科病院において, HMPV が原因ウイルスと考えられる集団感染事例を経験したことから, その概要および HMPV の分子疫学解析結果を併せて報告する。

2 事例概要

2016 年 7 月 14 日, 県内の精神科病院 (入院者 280 名, 職員 174 名) より, 管轄する保健所に発熱や咳嗽, 咽頭痛等の感冒症状を呈する集団発生が起きているとの連絡が入った。この一報を受け, 同日保健所による現地調査が行われ, 発症者の隔離, 病棟間の交流停止, 標準予防策と環境消毒等に関する助言・指導を行った。疫学的調査の結果, 発症者は 7 月 2 日から 8 月 16 日の約 1 ヶ月半にわたり発生し, 最終的な発症者数は 109 名に達した (図)。その内訳は入院者 93 名 (男性 70 名, 女性 23 名), 職員 16 名 (男性 8 名, 女性 8 名) であり, 年齢分布は入院者 59.7 ± 12.4 歳 (平均±標準偏差), 職員 40.5 ± 13.7 歳 (平均±標準偏差) であった。また, 当該施設は 5 つの病棟からなり, うち 4 つの病棟において発症者が確認された。本事例における症例定義は, 「咳嗽, 咽頭痛, 鼻汁または 37.0°C 以上の発熱」のいずれかを有する者とされた。発症者の主な臨床症状は, 発熱 ($37.0 \sim 39.5^{\circ}\text{C}$) 103 名 (94.5%), 咳嗽 36 名 (33.0%), 咽頭痛 29 名 (26.6%), 鼻汁 20 名 (18.3%) であった。発症者のうち 3 名が肺炎と診断され, うち 2 名には呼吸器系の基礎疾患はなかった。

3 原因病原体の探索

原因病原体を特定するために, 発症者から採取した鼻咽頭ぬぐい液 15 検体 (7 月 14 日採取: 5 検体, 8 月 5 日採取: 10 検体) について, FTD Respiratory pathogens 21 (rikengenes) を用い, 病原体検査 [HMPV, RS ウイルス, インフルエンザウイルス (A, B 型), ヒトライノウイルス, エンテロウイルス, ヒトボカウイルス, ヒトパラインフルエンザウイルス (1~4 型), コロナウイルス (229E, NL68, OC43, HKU1), アデノウイルス, ヒトパレコウイルス, 肺炎マイコプラズマ] をリアルタイム RT-PCR

法で実施した。鼻咽頭ぬぐい液 15 検体のうち、13 検体（7 月 14 日採取：5 検体，8 月 5 日採取：8 検体）から HMPV を検出した。HMPV 以外の病原体遺伝子は検出されなかった。

4 HMPV の分子疫学解析

検出された HMPV の *F* 遺伝子を RT-PCR 法で増幅し、ダイレクトシーケンス法により塩基配列 (357bp) を決定し、最尤法 (ML 法) による系統樹解析を行った。また、更に詳細な比較を目的とし、7 月 14 日および 8 月 5 日に採取した各 1 検体について、*F*、*SH* および *G* 遺伝子を RT-PCR 法で増幅後、次世代シーケンサー (NGS) を用い、各領域の塩基配列を決定し、比較を行った。HMPV の *F* 遺伝子 (357bp) の系統樹解析の結果、HMPV B2 に型別された。また、NGS を用いた遺伝子解析の結果、解析を実施した 2 検体の塩基配列は *F* 遺伝子 (1,644bp) で 99.9%、*SH* 遺伝子 (627bp) および *G* 遺伝子 (711bp) は 100%一致した。

5 考察

県内の精神科病院において、1 ヶ月半にわたり HMPV B2 の関与が推定された集団感染事例を経験した。NGS による詳細な遺伝子解析の結果から、*F* 遺伝子において 1 塩基の違いが認められたが、*F* 遺伝子は *G* 遺伝子と比較し、変異を起しにくいと言われている。そのことから、本事例は極めて類似した HMPV が長期間にわたり、施設内で感染拡大したと推察された。また、発症者がいなかった 1 つの病棟は寝たきり者のため病棟外への移動や患者同士の接触がなく、ケア度が高いため平時より職員の感染予防策が徹底されていたことにより、感染患者の発生を防ぐことが出来たと考えられる。

本事例は発生初期に感染予防策の指導を実施したが、病院の特性から入院者の自己衛生管理や予防対策の徹底が困難であり、多くの発症者が生じたと推察された。このような施設においては、平時より標準予防策の徹底がより一層重要であると考えられる。また、HMPV は乳幼児に急性呼吸器感染症を引き起こすウイルスとして知られていたが、今回の事例から成人の急性呼吸器感染症の原因ウイルスとしても重要視すべき存在であることが示唆された。特に高齢者施設における集団感染や院内感染に注意が必要であると再認識した。

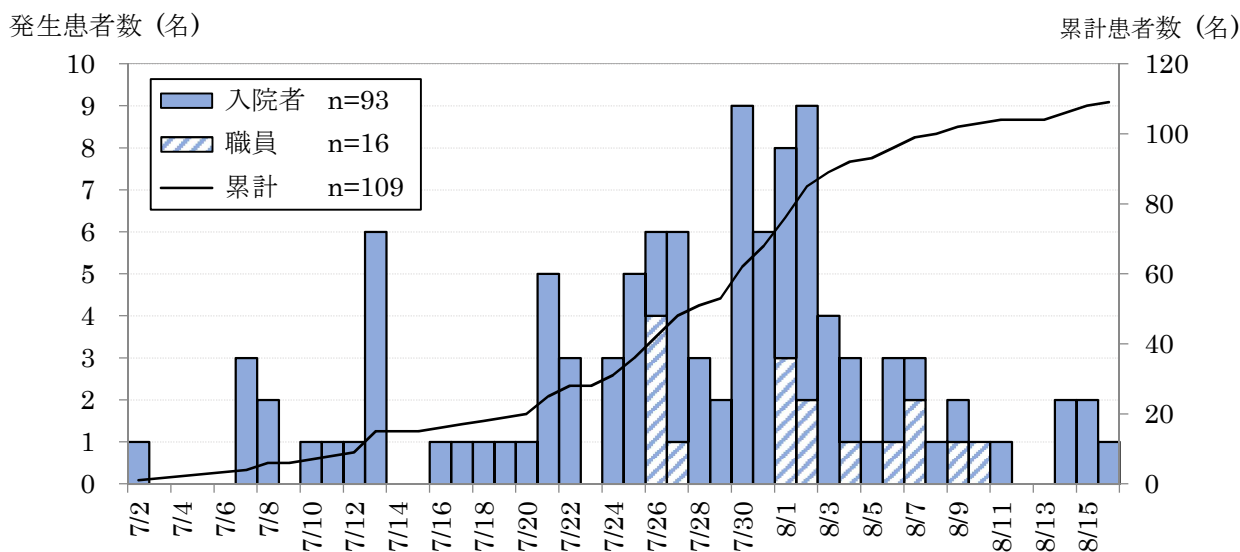


図 発症者の発生状況