



# CiDER-PDP

Center for Infectious Disease Education and Research, Policy Discussion Paper

PDP008

「コロナ危機から見る政策形成過程における専門家のあり方」

感染症対策における最新技術動向－感染状況の把握と下水サーベイランスの現在地

北島正章 東京大学大学院工学系研究科附属水環境工学研究センター

元岡大祐 大阪大学微生物病研究所

小出直史 大阪大学感染症総合教育研究拠点(CiDER)

村上道夫 大阪大学感染症総合教育研究拠点(CiDER)

## 感染症対策における最新技術動向－感染状況の把握と下水サーベイランスの現在地

北島正章<sup>1,2</sup> 元岡大祐<sup>3</sup> 小出直史<sup>2,4</sup> 村上道夫<sup>2,\*</sup>

### ◆要約(和文)

新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の世界的パンデミックは、人々の日常生活に深刻な影響を及ぼした。特に、感染症対策において医療提供体制は重要な柱であり、先行きが不透明だった状況も重なり、医療提供体制の逼迫は医療現場に多大な負荷と混乱をもたらすとともに、甚大な社会不安を引き起こすこととなった。医療提供体制に関する予見的な情報や示唆がより充実していれば、政策形成や行政対応において有用な知見として活用できた可能性がある。本稿では、感染状況の把握における下水サーベイランスの最新技術動向に焦点を当て、自治体との連携やパリオリンピック・パラリンピックにおける実践例を踏まえて考察する。さらに、これらを基に、将来の感染症対策の1つとして下水サーベイランスの可能性について検討する。

### ◆要約(英文)

The global COVID-19 pandemic has had a profound impact on people's daily lives. In particular, the healthcare provision system serves as a critical pillar in combating infectious diseases. However, the strain on this system, compounded by an uncertain outlook, placed immense burdens and disruptions on the medical field, while also generating significant social unrest. If more robust predictive information and insights regarding the healthcare provision system had been available, they could have served as valuable resources for policymaking and administrative responses. This paper examines the latest technological advancements in sewage surveillance for monitoring infection trends, with a focus on collaborative efforts with local governments and practical applications during the Paris Olympics and Paralympics. Based on these analyses, the potential of sewage surveillance as a future countermeasure against infectious diseases is explored.

---

<sup>1</sup> 東京大学大学院工学系研究科附属水環境工学研究センター

<sup>2</sup> 大阪大学感染症総合教育研究拠点 (CiDER)

<sup>3</sup> 大阪大学微生物病研究所

<sup>4</sup> 大阪大学社会技術共創研究センター(ELSI センター)

\* The author to whom correspondence should be addressed.

michio@cider.osaka-u.ac.jp

-----  
キーワード：

新型コロナウイルス感染症 (COVID-19)、下水疫学、下水サーベイランス、PCR、次世代シーケンサー、大規模イベント、感染状況の把握、網羅的分析、空港検疫、未知の病原体

-----  
作成日：2024年 12月 2日

本稿は、2024年9月17日にナレッジキャピタル (SpringX 超学校) と大阪大学 CiDER の連携企画として実施された「エビデンスと共に考える「いのち」と「くらし」を豊かにする講座 season2 下水疫学 大阪・関西万博に向けた最先端の知見」のアーカイブ資料<sup>5</sup>をもとに文字起こし・編集したものです。

本稿作成にあたり、村上道夫と小出直史は日本学術振興会<sup>6</sup>の先導的人文学・社会科学研究推進事業 学術知共創プログラム・課題 A「コロナ危機から視る政策形成過程における専門家のあり方」(JPJS00123812864) より研究資金の支援を受けています。

小出直史は「日本財団・大阪大学 感染症対策プロジェクト」の一環として CiDER 部局横断型「感染症」研究促進プログラムより、それぞれ研究資金の支援を受けています。

北島正章は、日本医療研究開発機構<sup>7</sup>の新興・再興感染症に対する革新的医薬品等開発推進研究事業「下水中病原体ゲノムの高感度解析技術を核とした感染症の越境流入監視体制の確立および国際連携基盤の構築」(24fk0108713h0001) より研究資金の支援を受けています。

元岡大祐は、科学技術振興機構<sup>8</sup>の共創の場形成支援プログラム<sup>9</sup>「未来型知的インフラモデル発信拠点」(JPMJPF2115)より研究資金の支援を受けています。

---

<sup>5</sup> URL : <https://www.youtube.com/watch?v=EZtgelxjSM>

<sup>6</sup> JSPS (Japan Society for the Promotion of Science)

<sup>7</sup> AMED (Japan Agency for Medical Research and Development)

<sup>8</sup> JST (Japan Science and Technology Agency)

<sup>9</sup> JST 共創の場形成支援プログラム (<https://www.jst.go.jp/pf/platform/outline.html>)

-----  
「コロナ危機から見る政策形成過程における専門家のあり方」  
感染症対策における最新技術動向－感染状況の把握と下水サーベイランスの現在地

【素材】エビデンスと共に考える「いのち」と「くらし」を豊かにする講座 season2  
下水疫学－大阪・関西万博に向けた最先端の知見

【議事次第】

日時： 令和6年9月17日（火） 19:30~20:30

場所： 会場開催 & YouTube Live(無料配信)

アーカイブ： <https://www.youtube.com/watch?v=EZtgelxljSM>

登壇者：

村上道夫 大阪大学感染症総合教育研究拠点・教授

北島正章 東京大学大学院工学系研究科附属水環境工学研究センター・特任教授

大阪大学感染症総合教育研究拠点・連携研究員

元岡大祐 大阪大学微生物病研究所・講師

\*アーカイブより文字起こしおよび本稿の編集を小出直史が実施した。

-----  
【目次】

- |                         |      |
|-------------------------|------|
| 1. はじめに                 | 村上道夫 |
| 2. 「国際マスギャザリングイベントでの適用」 | 北島正章 |
| 3. 「メタゲノム解析によるアプローチ」    | 元岡大祐 |
| 4. 参考論文                 |      |

## 1. はじめに

### 【村上】

皆さんこんばんは。大阪大学 CiDER の村上です。よろしくお願いします。

今日は、私からテーマの頭出しをした後、詳細について北島さんと元岡さんにお話しいただく形でプログラムを組んでいます。

今日のテーマは下水疫学です。最近では下水サーベイランス<sup>10</sup>という言葉でも呼ばれるようになりました。具体的には、下水中の病原性微生物を測定することで地域の感染状況の把握や早期検知に活用するというものです。

その対象は、例えば寮・オリパラの選手村などの施設単位から、市区町村から下水処理場に流れてきた下水や、飛行機や空港の下水などがあります。

熱が出て病院に行かないという人はいると思いますが、日々の生活でトイレに行かない人はいませんから、何かに感染している人がいればトイレの下水に含まれていることとなります。下水から病原性微生物やウイルスを測定することで、対象地域の施設や、市区町村、あるいは飛行機や空港にいる人（集団）の感染状況が分かります。

たくさんの方が下水に流すわけですから、ウイルスなどは薄まっているのではないかと思われるかもしれませんが、実際、濃度は低いのですが、それらを分析する技術がコロナ期間に開発されました。例えば、新型コロナウイルスであれば、1日で10万人中1人の感染者がいれば測定可能なくらいのレベルで測定できます。人を対象にする（PCR検査等）よりも低コストで、週に3回ぐらい下水処理場を測るだけで地域の感染状況がほぼわかります。新型コロナウイルスが5類<sup>11</sup>に移行してから、感染状況の報告は1週間ごとにまとめて報告することになりましたが、新型コロナウイルス感染症については、下水の方が最大で10日ほど早く検知することができます。つまり、下水を調べることで感染状況を先行して把握することが可能になります。それから、網羅性という特徴もあります。人を対象にした定点把握では、ある程度の感染症は網羅的に測っていますが、対象にしてないものもあります。例えばヒトメタニューモ<sup>12</sup>はその一例で、下水から測定することができます。

今回、新しい話として紹介するのが、飛行機や空港の下水調査です。特に国際線であれば、

---

<sup>10</sup> 下水中にはヒト由来の新型コロナウイルスが存在することから、下水サーベイランス（下水中のウイルスを検査・監視すること）により、地域の新型コロナウイルス感染症のまん延状況の把握や、特定の施設における感染有無の探知等を行い、効果的・効率的な対策につなげられる可能性があり、国内外で下水サーベイランスに関する研究・取組が行われている（<https://www.caicm.go.jp/action/survey/surveillance.html>）。

<sup>11</sup> 感染症法によって定められる感染症の分類の1つで、1~5類、新型インフルエンザ等感染症、指定感染症、新感染症がある。（<https://www.mhlw.go.jp/content/10906000/000957753.pdf>）

<sup>12</sup> ヒトメタニューモウイルス（hMPV）：RSウイルスと似た呼吸器症状を引き起こすウイルス。1~6月に流行が見られ、季節性インフルエンザの後、3~4月に多いとされる。

海外から日本、あるいは日本から海外といった国際的な病原性微生物の移動について評価することができます。つまり、持ち込みや持ち出しを評価できるということです。今回、「大阪・関西万博に向けた最先端の知見」という題目にしたのは、こういった背景からです。それから、未知の感染症を検知するという点に関して、様々な病原性微生物を包括的に測定できます。最先端なところで、将来的には未知の感染症や変異株などを検知できる可能性があって注目されています。

下水疫学というのは、人から排泄されたウイルス、下水から検出されるものにバラつきがあるという特徴から、地域の感染状況をうまく説明できないのではないか、と考えられている人もいるかもしれません。そのように説明する研究者もおられますが、それは誤解であると述べたいと思います。

図1は、5類に移行する前までの札幌市におけるデータです（図1）。青い線が新型コロナウイルスの新規感染者報告数、赤いプロットが下水中の新型コロナウイルスの濃度ですが、これらは非常に高い相関を示していることがわかります。この時の調査条件が、週に15回下水試料の測定、101週の調査、定量限界以下のデータは13%、データの扱いは数学的に適切な方法であり、分析の再現性も非常に高い、といった特徴をもっています。すなわち、適切な調査方法をとれば下水疫学調査から感染状況を的確に説明できるということです。詳しい話はその後、北島さん、元岡さんにさせていただきます。北島さん、お願いします。

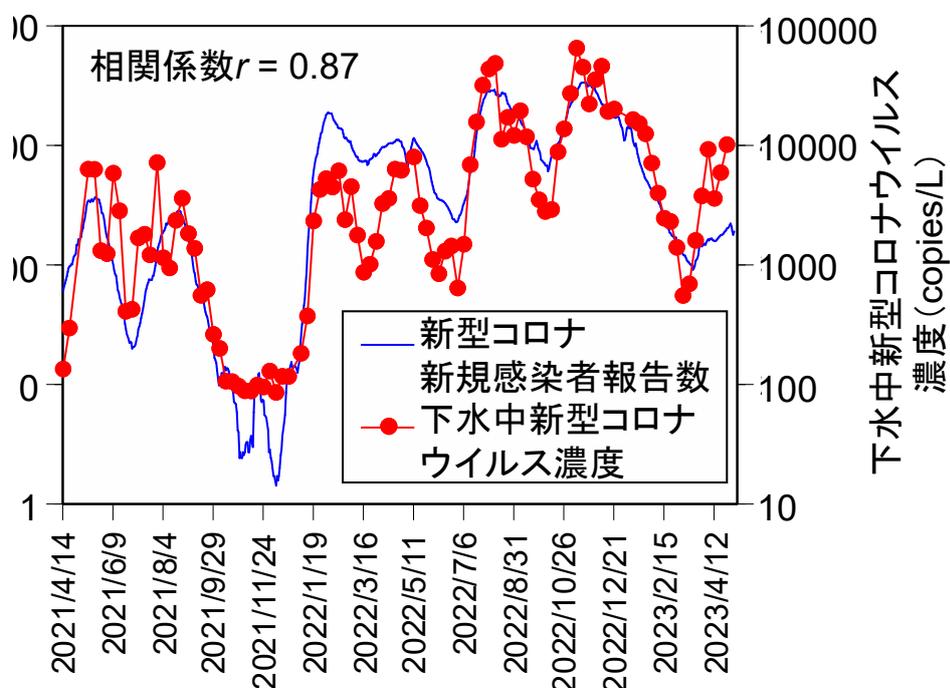


図1 札幌市における下水疫学の適用例

## 2. 国際マَسギャザリングイベントでの適用

### 【北島】

皆さん、こんばんは。先ほどご紹介いただきました北島と申します。

私からは、村上先生のお話について、具体的なお話をさせていただきたいと思います。国際マَسギャザリング<sup>13</sup>イベントでの適用として、万博は最も大きな国際的なマَسギャザリングイベントの一つであるといえます。その他のマَسギャザリングイベントとしては、やはりオリンピック・パラリンピックでしょう。ちょうど先日、パリオリンピック・パラリンピックが開催されたところですが、今日は直近のパリオリンピック・パラリンピックの話、それから3年前の東京オリンピック・パラリンピックの話も織り交ぜながら話題提供させていただきたいと思います。

下水疫学調査を実施するにあたって重要になるのは、どういう病原体を検出対象にするかです。これまで我々は、コロナ禍において新型コロナウイルスに対して下水疫学調査を適用してきました。ところが、万博開催時、つまり2025年の4月から10月あたり、こういった感染症が日本や世界で流行っているか分かりますか？と聞いて答えられる方はいないと思います。それから、次のパンデミックもそのうちくると言われていますが、来年の4月にパンデミックが起こっているかどうかは誰にも分からないので、今の時点でどの病原体を調べるということを決めきることはできません。そこで重要になるのが、来年の万博開催時は有事なのか平時なのかです。今の状況のままなのか、それとも新しい病原体が世界的に流行っているのかというところが重要になってきます。

これらを決める上で、非常に重要なことが3つあると言われています：

- 1) 下水からの検出可能性
- 2) イベントが開催されている時期や地域で重要な病原体かどうか
- 3) 下水疫学というデータが、既存の疫学調査のデータを補完できるかどうか、またその付加価値がどれくらいか

下水疫学調査を実施する意義は、リアルタイムで活用する場合には感染拡大状況の早期検知や感染実態を把握することです。あるいは、下水(サンプル)を保管しておいて、後に分析することで過去を振り返ることです。仮に、万博開催後に何かしら世界的な感染やパンデミックが起きた場合、万博からの感染ではないということ、完全に証明することはできないにしても、可能な限りの証拠として提出することはできます。下水調査で網羅的に感染状

---

<sup>13</sup> マَسギャザリング：世界保健機関(WHO)は、「特定の場所に特定の目的を持ってある一定期間、人々が集積することで特徴づけられるイベントで、その国やコミュニティの計画や対応リソースに負担をかける可能性があるもの」と定義している。

況を調べることができますので、ここから出てないということは万博が原因ではなかったと考えられます、というような使い方ができると考えています。万博までもう少し時間がありますが、研究者として何ができるか、何をすべきかについてお話ししたいと思います。

参考になるのは、先般開催されました パリ・オリパラでの下水疫学調査の実施事例です。すでに論文報告がされていて、世界中の人が読める文献で、先ほど申し上げた非常に重要な3つのファクター（以下）を考慮して、対象病原体の絞り込みがパリで実施されました。

- 1) 下水からの検出可能性
- 2) 下水疫学の付加価値
- 3) イベントにおける重要性

もともとどれだけの病原体リストがあったかという点、60の病原体がありました。それだけの病原体全てを調べようと思えば調べられますが、優先順位の高さについて、3つのクライテリアに従って絞り込まれました。最終的に絞り込まれたのは6種類の病原体で、ポリオウイルス、インフルエンザウイルス（A型、B型）、それからエムポックスウイルス<sup>14</sup>、SARS-CoV-2（新型コロナウイルス）、それから最後に麻疹ウイルスです。これらの6種類の病原体が先述の3つの条件を考えて優先順位が高いと判断され、パリ・オリパラでは、下水疫学調査が周辺地域の下水処理場で実施されました。このような事例というのは、今後我々がマスクギャザリングイベントを開催する上では非常に有用な知見になると考えています。

パリ・オリパラでも新型コロナウイルスが調べられていましたが、新型コロナウイルスの感染拡大はまだ終わっていません。世界的な公衆衛生上の危機は終わったとも言われていませんし、日本では感染症法上の位置付けが5類に移行<sup>15</sup>されました。しかし、感染者はかなり多い状況が続いていることをうかがわせるのが、札幌市の最新の下水サーベイランスデータです。最近のデータを見ると、下水中のウイルス濃度に比べて感染者の報告数が下振れしています。先ほど村上先生からご紹介があったように、全数報告の時にはこれらがぴたっと一致しています。最近のデータでは、下水中のウイルス濃度と比べると感染者数は低くなっています。これは様々な要因が考えられます。受診控えや、そもそも症状が出る人が少なくなっているとかです。下水疫学調査の大きな利点は、客観的かつ同じ手法で連続的なデータを得ることができることです。

下水疫学調査は、様々な病原体に活用することができまして、新型コロナウイルスだけではなく、新型コロナウイルス以外の呼吸器感染症ウイルスであるインフルエンザウイルス、RSウイルス、ヒトメタニューモウイルスも検出することができます。新型コロナ、インフルエンザ、RSウイルス感染症は、5類感染症に分類されています。一方で、ヒトメタニューモ

---

<sup>14</sup> エムポックスは、モンキーポックスウイルス(別名 エムポックスウイルス) 感染による急性発疹性疾患。我が国の感染症法では4類に位置付けられている。(https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/12052-mpox-intro.html)

<sup>15</sup> 令和5年5月8日から、新型コロナウイルス感染症の位置付けは2類相当から5類へ移行された。これにより、医療体制・感染対策等の諸対応が変更された。

ウイルス感染症は、5類感染症にも分類されていません。このため患者数の定点報告が義務付けられていません。ちょうど1年前の2023年8月から9月にかけて、インフルエンザウイルス、RSウイルスの濃度は非常に下がるのですが、ヒトメタニューモウイルスが、これを見計らったように濃度が上がってきました。しかし、ヒトメタニューモウイルスは定点報告のデータがないため、医療関係者はなかなか感染流行状況のデータにアクセスしにくい状況にあるようです。このようなデータを、下水疫学調査から得ることができれば、例えば「今の風邪様症状は、ヒトメタニューモウイルスが多そうだ」というデータを医療現場に提供することができる可能性があり、臨床検査の効率化につながると考えています。

このように、新型コロナウイルス以外の感染症にも対象を拡大できることが分かってきています。海外では、下水疫学調査の対象が、他のウイルスにも拡大されています。例えば、アメリカのCDC<sup>16</sup>が主導している下水サーベイランスでは、新型コロナウイルスに加えて、先ほど紹介しましたインフルエンザウイルス(A型、B型)、RSウイルス、エムボックスウイルス(いわゆるサル痘ウイルス)も拡大されています。カリフォルニアの事例では、これらのウイルスに加えて、ヒトメタニューモウイルス、ノロウイルス、エンテロウイルス、A型肝炎ウイルスといった腸管系のウイルス、即ち我々の腸で増えるウイルスにも適用されています。また、カンジダアウリスという真菌にも適用されています。このような中、今後、我々が懸念すべき病原体にはどのようなものがあるか。今、アメリカで鳥インフルエンザの牛への感染が問題になっているのをご存知でしょうか。アメリカではこの鳥インフルエンザが社会的に大きな問題になっています<sup>17</sup>。アメリカでは、鳥インフルエンザウイルスが持っているH5遺伝子が下水から検出されたという報告がすでに出ています。ポルトガルでは、流入下水から熱帯感染症ウイルスであるデングウイルス<sup>18</sup>やチクングニアウイルス<sup>19</sup>が都市下水から検出されたと報告されています。このポルトガルの事例の著者は、デングウイルスやチクングニアウイルスの下水からの検出率が増えた時は、南米でこれらのウイルスが流行していた時期だったと考察しています。ポルトガルは南米との結びつきが強いいため、南米で流行しているウイルスがポルトガル国内に持ち込まれ、下水からの検出結果はそれを反映しているのではないかと考察されています。

次に、どこを対象とするかというのも非常に重要なポイントです。どこというのは、下水処理場なのか、それとも個別施設なのか、空港なのかということです。個別施設の例からお話すると、例えば万博会場ですと、来場者や催し物をされる方々が宿泊する施設などが考えら

---

<sup>16</sup> アメリカ疾病対策予防センター (Centers for Disease Control and Prevention: CDC)

<sup>17</sup> 2024年3月に米国カンザス州およびテキサス州の乳牛において、HPAIウイルス(H5N1亜型)の陽性が確認された。その後、複数の州の農場(すべて乳牛)で感染が確認されている(2024年6月17日現在で12州101農場)  
([https://www.maff.go.jp/j/council/seisaku/eisei/bukai\\_68/attach/pdf/240627-28.pdf](https://www.maff.go.jp/j/council/seisaku/eisei/bukai_68/attach/pdf/240627-28.pdf))

<sup>18</sup> デング熱の原因ウイルスで4類感染症に分類される。蚊によって媒介される感染症。  
(<https://www.niid.go.jp/niid/ja/encyclopedia/392-encyclopedia/238-dengue-info.html>)

<sup>19</sup> チクングニア熱の原因ウイルス。蚊によって媒介される感染症で通常は非致死性の発疹性熱性疾患。  
(<https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/437-chikungunya-intro.html>)

れます。それから、下水処理場をモニタリングすると、近畿周辺の広域感染状況をモニタリングすることができます。例えば、海外からの来場者は、その後、大阪、京都、神戸、奈良などを観光されるということもありますので、そのような観光地で感染が拡大していないかどうかをモニタリングすることもできます。そして、国際空港では、航空機の排水やターミナルの下水をモニタリングすることで、海外からの渡航者や海外に渡航する人がどのような病原体を持っているのかを検知することができます。

まず、施設レベルの適用例についてお話したいと思います。ちょうど3年前、東京オリンピック・パラリンピックでの適用事例があります。東京のオリパラ選手村で、我々は新型コロナウイルスの下水疫学調査を実装しました。どういことをやったかと言いますと、オリパラの開催期間中、2ヶ月近くにわたり、毎日選手村に行きマンホールを開けて下水を取りました。その下水を大学に持ち帰って分析して、翌日にオリパラの組織委員会にそのデータをお渡しして、リアルタイムに参照していただきました。パラリンピックの時には選手村内の下水採取地点7箇所のうち陽性だった割合が高い傾向にありました。組織委員会としては、個人の検査結果や市中の感染状況と組み合わせる総合的に勘案した結果、パラ期間中はさらなる感染防止対策を実施されました。皆さんご存じの通り、オリパラの期間中、選手村で大きなクラスターは発生しませんでした。このようなことで、感染対策に貢献できたと考えております。

次に、下水処理場についてです。全数報告時は、下水中のウイルス濃度と感染報告者数が非常によく傾向が合致していることがお分かりいただけるかと思います。つまり、下水中のウイルス濃度を測定すると感染者数がある程度推定できそうだということが分かります。しかし、つい最近のデータを見るとこれらが乖離してきています。ですから、やはりこの時のデータがあるので、下水中ウイルス濃度を測ると真の感染状況はわかる。でも、今の報告されている患者数というのは下振れしているだろうということが最近のデータを見ると分かってくるわけです。下水からの検出感度というのは、手法によっても違いますし、どのような下水を調べるかによっても違ってきます。我々が開発した非常に感度の高い方法で、先ほどの検出された、されないのデータを、検出されたというものを1、検出されなかったものを0としてプロットしまして、ロジスティック回帰<sup>20</sup>という分析方法を用いて、何人感染者がいたら何パーセントの確率で検出できるかを示しています。先ほど村上先生の方から、10万人あたり1人感染者がいたらほぼ検出できるという話がありましたけれども、これがその根拠のデータになっています。

ここまでは、下水中のウイルス濃度を調べるという話でしたが、下水中からゲノム解析という技術を使うと変異株を検出することもできます。下水中の変異株を解析して、変異株を早期に検出できるということを、4年近く前のサンプルからすでに実証しています。この時の

---

<sup>20</sup> 目的変数が0と1からなる2値のデータ、あるいは0から1までの値からなる確率などのデータについて、説明変数を使った式で表す方法のこと。ロジスティック回帰分析を行うと、説明変数を用いてある事象が起こる確率を予測することができる。

変異株というのは、初めて変異株と呼ばれ始めた、イギリス株と呼ばれていた変異株です。今はアルファ株と言われていますが、国内の臨床検体から検出される 3 週間前に取った下水からこのアルファ株を検出したのが我々の成果で、これが変異株の早期検知を実証するものとなっています。

最後のトピックですが、下水疫学調査は国際空港でも使うことができまして、我々は今、鋭意この研究を進めているところです。我々がやっているのは、国内のいくつかの国際空港から下水を取ってきて様々なウイルスを調べています。ここに示しているのは、これまで報道にいただいた我々の取り組みです。空港の下水を監視して、ここに書かれているような色々なウイルスを調べています。下水サーベイランスの空港での適用コンセプトですが、まず、空港では検疫<sup>21</sup>が行われています。検疫に加えて、入国時感染症ゲノムサーベイランスとして、全数検査ではなく、症状がある人かつ調査に同意していただいた方に対して任意で病原体の検査およびゲノム解析の調査が行われています。これが渡航者に対する調査です。加えて、下水調査を行うことで、より網羅的な感染症サーベイランスとなると考えています。我々は、AMED<sup>22</sup>の資金配分を受けて、鋭意研究を進めているところで、様々なウイルス、新興・再興病原体に対して空港の下水を取って分析しているというところです。私たちが最終的に構築したいと考えているのは、日本版 TGS<sup>23</sup>、即ちアメリカの CDC で行われている Traveler-based Genomic Surveillance です。これは人の検査と下水検査を組み合わせるより網羅的な検査体制にしようというものです。ここで問題になるのが、空港のどこから下水を採取するかということです。色んなところから下水を取ろうと思えばできるんですが、様々な課題や特徴があります。

- 1) 航空機の個別の機体から取る
- 2) ラバトリーカー<sup>24</sup>、いわゆるバキュームカーから取る
- 3) 航空機専用の排水処理施設もありますので、ここから取る
- 4) 下水をターミナルから取る
- 5) 空港内の下水処理場から取る

など、いろんな可能性がありますが、航空機から取ることで出発地を特定することができますね。一方、空港内の下水処理場から取ると、出発地の特定は不可能ですが、空港の様々な下水が集まってきますので、より網羅性が高いという特徴があります。

---

<sup>21</sup> 検疫：検疫所では日本に入国（帰国）するすべての人に対して検疫を行う。サーモグラフィー等を用いて発熱の有無を確認するとともに、発熱や咳などの症状がある人、体調や健康に不安のある人を健康相談室へ案内し、詳細な症状や感染症の流行国・地域に滞在していたかどうか等を確認する。検疫感染症に感染している疑いがある場合には、必要に応じて検査を行い、その結果、検疫感染症の患者を発見・確認した場合には、必要に応じて隔離、停留、消毒等の防疫措置を行う。また、人に対するもの以外に、貨物や機内などで感染症を媒介する動物が捕獲された場合には、病原体の有無を検査し、必要に応じて防疫措置を行う。

(<https://www.mhlw.go.jp/general/saiyo/kenetsu/dl/kenetsu-04.pdf>)

<sup>22</sup> AMED：国立研究開発法人日本医療研究開発機構

<sup>23</sup> TGS：Traveler-based Genomic Surveillance

<sup>24</sup> 飛行機のトイレタンクを洗浄する為にグラウンドハンドリングスタッフが使用する GSE（地上支援車輛）機材

航空機から取った方が出発地を特定できるから良いのではないかと思われる方もいらっしゃるかと思います。しかし、個別の航空機検査には様々な限界があります。例えば、確実に「この国からこの病原体が来た」と証明することは不可能です。なぜかという、トランジットの乗客もいますし、排水のタンクを毎回綺麗にするわけではないからです。それから、国家間のコンフリクト、不要なスティグマを生んでしまうかもしれないという懸念もあります。加えて、倫理面、プライバシーの問題もあります。なぜかという、個別の航空機だと検査される対象が数百人に絞られますので、プライバシーに踏み込んでしまう懸念があるからです。それから、乗客全員が、機内でトイレを利用するとは限らないので、航空機排水から病原体が検出されなかったから感染者がいなかったのかと言うと、必ずしもそうは言い切れません。いずれにしても、航空会社の協力は不可欠ですが、航空会社としても協力が難しいという事情もあるようです。

それから、便数が多くて、必ずしも全部を取る（全数検査）のは効率的ではないです。毎日数多くの国際線航空機が日本に到着していますので、全部調べるのは現実的ではないです。そうすると、目的次第で、空港で下水を監視することによって、どういう病原体が入ってきているかということを知りたいのであれば、1番網羅性の高い、下水が集まってくる排水処理施設とかターミナル下水の検査の方が効率的だと考えて、今我々は、このような処理施設から下水を取っているところです。我々以外にも、大阪公立大学の山崎先生<sup>25</sup>らの研究チームが関西国際空港で下水調査をされていて、すでに報道にも出ています<sup>26</sup>ので、もしかしたらご存知の方もいらっしゃるかもしれません。山崎先生の研究グループは、関西国際空港の中の下水処理場で、下水を採取して、およそ30種類の病原体について、PCR<sup>27</sup>と次世代シーケンサー<sup>28</sup>で調査を実施されています。新型コロナウイルス、インフルエンザ、それからデングウイルスなどが検出されていることが、既に報告されているところです。

本日、私は大きく2つお話をさせていただきました。何を対象にするかと、どこを対象にするかです。何を対象とするか、様々な病原体の可能性がありますが、この選定が非常に重要です。そのための3つのクライテリアをお話ししました。もう1つ、新型コロナに加えて、さまざまな病原体に拡張可能であることがすでに実証されているという話もしました。どこを対象にするかは、下水処理場、個別施設、国際空港、それぞれ使い方と特徴があるというようにお話もさせていただきました。私からは以上とさせていただきます。

---

<sup>25</sup> 山崎伸二（大阪公立大学 大阪国際感染症研究センター教授）

<sup>26</sup> 空港の下水を分析し感染症流行を予測 関空で研究始まる (<https://www3.nhk.or.jp/kansai-news/20231013/2000078648.html>)

<sup>27</sup> PCR：Polymerase Chain Reaction（ポリメラーゼ連鎖反応）のことで、試料の中に含まれる微量のDNAを増幅させる方法のこと。新型コロナウイルス感染症では、唾液などの試料から体内にウイルスが存在するか（感染しているか）を確認する試験として用いられた。

<sup>28</sup> 次世代シーケンサー（NGS）は、従来のシーケンシング技術に比べて、高速かつ大量のデータを解析できる技術。第1世代（1970年代/サンガー法）、第2世代（2000年初頭/454パイロシーケンシング、イルミナシーケンシング）、第3世代（2010年代/PacBio SMRTシーケンシング、ナノポアシーケンシング）、第4世代（2020年代/ハイスループットシーケンシング）とNGSそのものも進化し続けている。

### 3. メタゲノム解析によるアプローチ

#### 【元岡】

皆さんこんばんは。大阪大学の元岡と申します。よろしく申し上げます。

私は、メタゲノム解析<sup>29</sup>という手法を用いて下水疫学研究に取り組んでいます。メタゲノム解析という単語は、あまり聞き慣れない言葉かと思いますが、村上先生の最後のところでお話されていたように、未知の病原体をも見つけられる可能性がある手法です。下水の解析で病原体を検出すると言っても、いつどこで何が出てくるのか、何を対象にモニタリングしておけばよいのか十分にわかりません。何を対象にするべきかがわからないので、よく知っている病原体以外にどんな病原体がいるのかを知りたいということで、メタゲノム解析を用いています。

メタゲノム解析の説明に先立って、ゲノム解析と次世代シーケンス技術について少しお話させていただきたいと思います。その後、下水疫学に対するゲノムからのアプローチで、実際に行っているメタゲノム解析の取り組みや、万博に向けた体制や取り組みについて、お話できればと思っています。

ご存知の方も多いかもしれませんが、まずはゲノムについてお話したいと思います。

私たちを含むすべての生き物の生命現象は、ゲノムと呼ばれる、設計図に書かれています。これがいわゆる、DNA<sup>30</sup>と呼ばれるもので、アデニン、チミン、グアニン、シトシンと呼ばれる4つの塩基が繋がってできています。これらが機能を発揮する時に、RNA<sup>31</sup>と呼ばれるものに転写されて、その後、タンパク質と呼ばれるものに翻訳されて、私たちの身体が構成されています。

DNAには、私たちの身体のこと全てが書かれていて、こんな体の大きさになるとか、目の色、髪の色なども書かれています。ゲノムを明らかにすることは、私たちの体に起きる、様々な病気の原因を知ることにもつながりますし、それに紐づいて、治療薬の解明にもつながるため、ゲノムを解析することはすごく大事だということでいろんな研究がされてきました。

---

<sup>29</sup> メタゲノム解析：環境中の微生物ゲノム DNA を全て抽出・収集し、これらの塩基配列を網羅的に読むことで、遺伝子の配列情報からどのような微生物が生息し、その様な機能をもつのかを把握することができる。研究分野名はメタゲノミクス (metagenomics)。

<sup>30</sup> DNA：デオキシリボ核酸(Deoxyribonucleic Acid)。遺伝情報の設計図。核の中の染色体にあり、A (アデニン)、T (チミン)、G (グアニン)、C(シトシン)の4つの塩基で構成され、2本のポリヌクレオチド鎖が二重らせんを形成しているポリマーである。

<sup>31</sup> RNA：リボ核酸 (Ribonucleic Acid)。遺伝情報発現の実行役。A (アデニン)、U (ウラシル)、G (グアニン)、C(シトシン)の4つの塩基で構成される。

DNA 配列を解析できるようにしたのが 1977 年のフレデリック博士<sup>32</sup>が開発したゲノム解析手法になります。ヒトゲノムは非常に大きく、約 30 億文字（塩基対）配列が繋がってできています。これはヒトだけの話ではなくて、新型コロナウイルスのゲノム配列ですら同じように 4 つの文字（塩基）でできています。正しくは、新型コロナウイルスは RNA がゲノムですが、4 つの文字（塩基）でできていることには変わりはなく、ゲノムの大きさ（長さ）は、ヒトに比べると小さく 29,903 文字でできています。

ヒトゲノムが 1 番最初に解析され始めたのは、1990 年のことですが、この時に世界的なプロジェクトとなって、13 年間の年月と 3000 億円もの予算を使って最初のヒトゲノムが解明されました<sup>33</sup>。こんなにお金と時間がかかったら、私の病気の原因はなんだろうって知りたくても解析することは到底できないわけですね。これをもっと早く安くできるような技術として開発されてきたのが、次世代シーケンサーというものです。この技術は新しく、今から 20 年ほど前に登場してきました。1 番最初に登場してきた次世代シーケンサーは、おおよそ、20 億円のお金があれば 1 人のゲノムが解析できるようになりました。それでもめちゃくちゃ高いですけども、昔に比べればだいぶ安くなったと言えるかと思います。その後もいろんなメーカーが、次世代シーケンサーの技術開発に取り組んできまして、1 番新しいシーケンサーを使うと、約 3 万円で、ヒト 1 人のゲノムがわかるようになっています。さらに、一晩で 100 人のゲノム解析ができますので、3000 億円/13 年の時代からすると、いかに技術革新があったかがわかるかと思えます。このようにすごくハイスループットなシーケンサーを使わないとできないのがメタゲノム解析です。

メタゲノムは、先ほどからご説明してきましたゲノムに、さらに超越するってというような意味である"メタ"を融合した造語です。

例えば、腸内フローラ<sup>34</sup>や腸内細菌という言葉はお聞きになったことがあるかなと思います。私たちの体の中には、たくさんの菌たちが住んでいて、私たちの体と相互作用しながら、健康を維持していることがわかっています。このように、いろんな生物がいる状態から取ってきたゲノムをメタゲノム、これらを解析することをメタゲノム解析と呼んでいます。

私たちはメタゲノム解析を感染症の分野に応用しようと思って、研究を続けてきました。例えば、お腹が痛くなった時に、何に感染したのかを知りたいとします。お腹の中にはいろんな菌が住んでいて、私たちの健康にとって大事な菌たちもいます。それを共生細菌と呼んでいます。その中にウイルスや病原菌などが入ってきて悪さをして下痢になってしまう。この時に、何が原因であるかを知るために検査がされるわけです。PCR 法は、狙ったターゲットを感度良く捉えることができる方法になります。だから、例えば、お腹が痛い理由につい

---

<sup>32</sup> フレデリック・サンガー：1977 年にサンガー法と呼ばれる DNA シークエンシング技術を開発。

<sup>33</sup> ヒトゲノム計画：1990 年にアメリカのエネルジー省と厚生省によって 30 億ドルの予算が組まれ発足。15 年間の研究計画であったが、2000 年にゲノムのドラフトが完成した。その後、完全・高品質なゲノム完成に向けた作業が継続され、2003 年 4 月 14 日に完成版が公開された。

<sup>34</sup> 腸内細菌叢

て、ノロウイルス感染を疑って PCR をしたら検出することができます。しかし、想定していないウイルスはターゲットとならず検出できません。そうすると原因はわからなくなります。例えば、咳などの風邪症状で病院に行って、新型コロナウイルスやインフルエンザの検査をされたとして、2 つとも陰性だったら、「何かわからないけど風邪っぽいですね」で終わってしまいます。メタゲノム解析では、菌やウイルスなどすべてのゲノムをバラバラにして、それらをまとめて解析してしまう方法のため、どんな生き物がいたとしても全部明らかにすることができます。

本当にそんな魅力的なことができるのかという点について検証してきた 2 つの事例をご紹介します。

1 つ目は、一般的な検査の対象外だったために、病原体が特定できていなかったケースに対してメタゲノム解析を適用した事例です。重症の呼吸器不全になって入院されていたお子さんの事例で、検査しても原因がわからなかったためメタゲノム解析してみました。すると、WU ポリオーマウイルス<sup>35</sup>というウイルスが検出されました。ウイルス自体は比較的新しいウイルスで、風邪を引き起こすことで知られていましたが、入院しないといけないほど重症になることは分かっていなかったため、WU ポリオーマウイルスの病原性について新しい知見を得ることにつながりました (#1)。これはメタゲノム解析による網羅的解析で初めてわかったことと思います。

2 つ目は、真菌といってカビによる感染症を起こしたケースです。CT<sup>36</sup>の結果、肝臓や脾臓に膿瘍<sup>37</sup>があり、感染を起こしている状態が確認されていました。どういった病原体に感染しているのかを調べるために、患者さんから生検<sup>38</sup>といって、針を挿して、検体や血液を採取して、培養を経て菌を増やそうとしましたが何も増えてきませんでした。針を挿して採取した組織を染色して顕微鏡で観察したら、原因となりそうな菌が見えてきました。見た目は明らかに真菌なんですけど、これがどういうカビなのかと言われても、専門家であっても鑑別することは難しいそうです。メタゲノム解析を行ったところ、この原因菌がトリコスポロン・アサヒ<sup>39</sup>っていう真菌だということがわかりました (#2)。

このように原因を知ることができると、対処法が取れる (取りやすい) ケースもありますので、従来法で分からなかった時にメタゲノム解析が使えるといえます。これを下水疫学に応用していきたいと考えています。現在の感染症検査と我々が取り組むメタゲノム解析によ

---

<sup>35</sup> WU ポリオーマウイルス：ヒトポリオーマウイルスの 1 つで、*Wukipolyomavirus* に属する。2007 年にジョンズホプキンスの研究グループにより報告された。(https://pure.johnshopkins.edu/en/publications/identification-of-a-novel-polyomavirus-from-patients-with-acute-r)

<sup>36</sup> CT：Computed Tomography (コンピュータ断層撮影) のこと。人体の輪切り画像をコンピュータで再構成する技術。

<sup>37</sup> 膿瘍：原曲された組織間隙に膿が溜まった状態のこと。

<sup>38</sup> 生検：生体検査のこと。患者の幹部の一部を針やメスなどで採取し、顕微鏡等による詳細な検査を実施すること。

<sup>39</sup> *Trichosporon asahii*：間質性肺炎の 1 つである夏型過敏性肺炎を引き起こすことが知られている。

る感染症サーベイランスをまとめています（図2）。

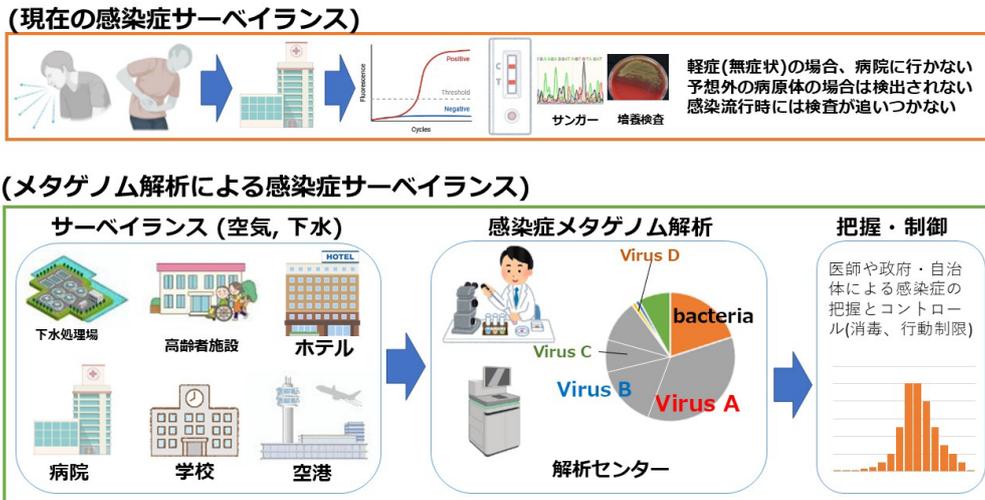


図2 メタゲノム解析による感染症サーベイランスフロー

現在は、何か症状がある方が病院に行って検査することで初めて何が感染原因かがわかります。当然、無症状の人は病院に行きませんから、検査が行われることはありません。先ほども述べたように、想定していないウイルスも対象外のため検査されることはありません。私たちが感染症を大きく広げてしまう原因は必ず私たちから排出されてきます。そういうものは、施設排水や下水処理場とかに集まってきますので、下水サンプルに対してメタゲノム解析をすれば、円グラフで書いているように、その施設や地域にどんな病原菌・ウイルスがいたかを網羅的に明らかにできるということに取り組んでおります。

これらの取り組みは、COI-NEXT という大阪大学が採択されているプロジェクトで住民と育む未来型知的インフラ創造拠点の研究として行っています。インフラ状況について最新技術を使って正しく把握し、必要に応じて産官学と地域住民が連携していち早く対策を取る仕組みを作ろうという取り組みです。インフラというと、一般的に土木関係がイメージされると思いますが、感染症も言ってみればインフラの1つで、早く異常を察知して対策を取らないといけないものだと思います。私たちは大阪府内の下水処理場、学校、保育施設や人が集まりやすい場所からサンプリングして、どのような病原体が、どんな感度、精度で検出できるのかという課題に取り組んでいます。下水処理場や学校などからサンプリングした下水についてゲノムのDNA、RNAを抽出して、PCR検査とメタゲノム解析をしてウイルスを検出したり、変異解析したりしています。

下水中にウイルスや悪い菌が、たくさん存在している状況はあたり前ではありません。ほとんどの人は健康で感染している人が少しいるという状況がほとんどですから、下水中のウイルス濃度は薄いというわけです。濃縮することで感度を上げないと解析として使えないため、私たちは標的型メタゲノム解析という改良版メタゲノムの開発に取り組んでいます。

具体的には、標的プローブ<sup>40</sup>というものを使って、狙ったウイルス群をまとめて集めることをやっています。この方法の有効性を表1に示しています。

表1 SARS-CoV-2 陽性検体の PCR 検査、メタゲノム解析の結果

サンプル	検体の種類	PCR法 (Ct値)	一般的なメタゲノム解析		標的型メタゲノム解析	
			SARS-CoV2 mapping rate (%)	SARS-CoV2 coverage (%)	SARS-CoV2 mapping rate (%)	SARS-CoV2 coverage (%)
A	喀痰	25.7	5.73	100	99.92	100
B	ぬぐい	30.7	0.01	85	89.01	99
C	swab	34.3	0	-	23.23	13

<sup>40</sup> 標的遺伝子配列の相補鎖となる RNA にビオチンを付加したもの。

ここではサンプル A、B、C の 3 つのサンプルを挙げております。これらは全て新型コロナウイルスに感染した患者さんからいただいた検体です。検体の種類としては、喀痰、ぬぐい、スワブ（綿棒）で拭ったものです。これらに対して PCR 検査をした結果を Ct<sup>41</sup>値で書いています。この Ct 値ってというのは、数値が小さいほどウイルスの量が多いことを意味します。つまり、A はウイルスがいっぱい、B は中くらい、C はすごく少ないサンプルです。これらのウイルスが含まれる量に違いのあるサンプルについて標的型メタゲノム解析をやってみました。一般的なメタゲノム解析をやった結果を真ん中辺りにお示ししています。SARS-CoV-2 マッピンググレイトというところを見ていただきたいんですが、これは検出感度のようなものとお考えいただけたらと思います。ウイルスがたくさんいた、A のサンプルではウイルスをちゃんと検出できましたが、中程度(B)や少ししかいなかった検体(C)では、ほとんどウイルスを検出できませんでした。ウイルス量がある程度、存在する患者さん由来の検体ですら、十分に検出することができないため、そのメタゲノム解析手法を下水に適用しても、当然使えないわけで、感度を上げないといけません。私たちが行っているこの標的型メタゲノム解析では、中程度のウイルスしかいない時でも、大きく改善されて 89%の検出率になります。そして、ほとんどウイルスがいなくてというようなケースでも 23%検出することができていて、大きく改善することができています。この方法を使って、実際に下水についての網羅的なウイルスのメタゲノム解析を、ある都市の下水処理場で 1 月、2 月の 4 点をサンプリングしてきて行いました。表 2 には、検出されたウイルスの種類とそれぞれのウイルスのリードカウントを書いています。この数字は、多ければ多いほど、たくさん見つかったことを意味しています。

上から、呼吸器感染を起こすようなウイルス、新型コロナウイルス、インフルエンザ、そして先ほど小児が感染した事例の WU ポリオマウイルス、パルボウイルス<sup>42</sup>などが見つかってきました。お腹が痛くなるようなノロウイルス、サポウイルス<sup>43</sup>、ロタウイルス<sup>44</sup>なども見つかっています。これら以外にも多種多様なウイルスが同時 1 回の解析で検出できており、下水からもさまざまなウイルスを検出できることがわかってきました。さらに、検出するだけでなく、メタゲノム解析ではゲノムを読んでいるためゲノムにどんな変異があったかについても知ることができます。図 3 には、下水を対象に標的型メタゲノムを 2023 年 5 月と 8 月に実施し、新型コロナウイルスのゲノムに着目した分析結果を示しています。ゲノム中でよく解析できたところを灰色の山で表しています。山が高ければ高いほどよく読めたところを、低いところはあまり読めていなかったところを示しています。総じて、ほとんどゲノム

---

<sup>41</sup> Ct (Cycle Threshold) 値： PCR の過程で増幅回数を示す値のこと。一般に Ct 値が低ければサンプル内の DNA・RNA 量は多く、Ct 値が 40 を超えるものは検出限界以下とする。

<sup>42</sup> ヒトパルボウイルス B19 感染症・伝染性紅斑 (<https://www.niid.go.jp/niid/ja/5th-disease-m/5th-disease-idwrc/11849-idwrc-1526.html>)

<sup>43</sup> 胃腸炎を引き起こす、サポウイルス(SaV)

<sup>44</sup> 急性胃腸炎を引き起こす ([https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou\\_iryuu/kenkou/kekkaku-kansenshou/yobou-sesshu/vaccine/rota/index.html](https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryuu/kenkou/kekkaku-kansenshou/yobou-sesshu/vaccine/rota/index.html))

全体が読めていることがわかります。灰色の山の中に入っている赤や緑の線は 1 番最初に武漢で報告されたウイルスに対して入った変異になります。たくさんの変異が入っていて、どれだけウイルスが変化したかがわかります。黄色で囲ったところに赤い線が入っていて、5 月・8 月の下水からの解析でも全部赤い線が入っています。これらはウイルスが武漢型から獲得してずっと持ち続けている変異ということになります。青く囲ったところはなかった変異、5 月になかった変異が 8 月に緑色で出てきたりして、これらが変異株ということになります。

表 2 メタゲノム解析で検出されたウイルスとリード数

ウイルス種類\時期	1月4日	1月12日	1月25日	2月15日
新型コロナウイルス	0	1,162	2	196
インフルエンザAウイルス	0	106	0	0
WUポリオーマウイルス	972	1,485	0	0
ボカパルボウイルス1	149	241	0	0
ボカパルボウイルス2	235	10,230	3,389	645
アデノウイルスF	4,608	43,902	6,501	35,079
ノロウイルス	486	123,036	325	2
サポウイルス	28	12,932	0	0
ロタウイルス	25	25,159	0	0
EBウイルス	2,948	47,201	502	3,234
サイトメガロウイルス(CMV)	10,103	12,087	0	0
JCウイルス	2,141	180,241	20,964	64,178
伝染性軟属腫ウイルス	1,000	734	1,478	469
トウガラシ微班ウイルス(PMMoV)	439	1,411,831	2,038	2,605

これが、患者さん由来のデータではなく下水からも分かります。より細かく見てみると、この頃はオミクロン株が流行していて、EG5.1<sup>45</sup>という株が流行っていました。図 4 の上部では、デルタ株とオミクロン株について、スパイクタンパク質のどこに変異があるかをまとめて示しています。紫色は変異をもっていることを意味しています。緑色で囲ったところは、オミクロン株の中でも EG5.1 という株だけが持っている特徴的な変異です。アミノ酸でいうと、52 番目の Q (グルタミン) が H (ヒスチジン) に置き換わった変異で、ウイルスゲノムでは 21,718 番目の G (グアニン) が T (チミン) に置き換わった変異です。この変異が下水からも検出できているかを見てみました。5 月の下水では、100 パーセント G (グア

<sup>45</sup> EG5.1 系統：2023 年 2 月に初めて報告された EG.5 系統は XBB.1.9.2 系統の亜系統である。EG.5 系統及びその亜系統は XBB.1.9 系統、XBB.1.16 系統などの一部にみられる F456L 変異を有しているほか、EG.5.1 系統の一部はこれに加えて L455F 変異を有しており、XBB.1.5 系統と比較して免疫を逃避する可能性が高くなることが示唆されている。(https://www.niid.go.jp/niid/ja/2019-ncov/2551-cepr/12237-sars-cov-2-eg-5-1.html)

ニン)でしたが、8月11日・18日の下水では、T(チミン)が約20%検出されていました(図4左下)。何かのエラーではないことを確認するため、実際の患者さんデータを調べました。右下の図は下水ではなく、患者さん検体からウイルスのゲノム解析をした結果です。ちょうど5月19日は、患者さん由来の検体は2%でG(グアニン)がT(チミン)になっていて、8月になると、およそ25%の患者さんでG(グアニン)がT(チミン)になっており下水からの解析結果と一致していることがわかります。このことから、ウイルスを検出できるだけでなく、どんな変異株がどんな割合で、どのように増えたり減ったりするのかを同時に評価できるところがメタゲノム解析の魅力になります。

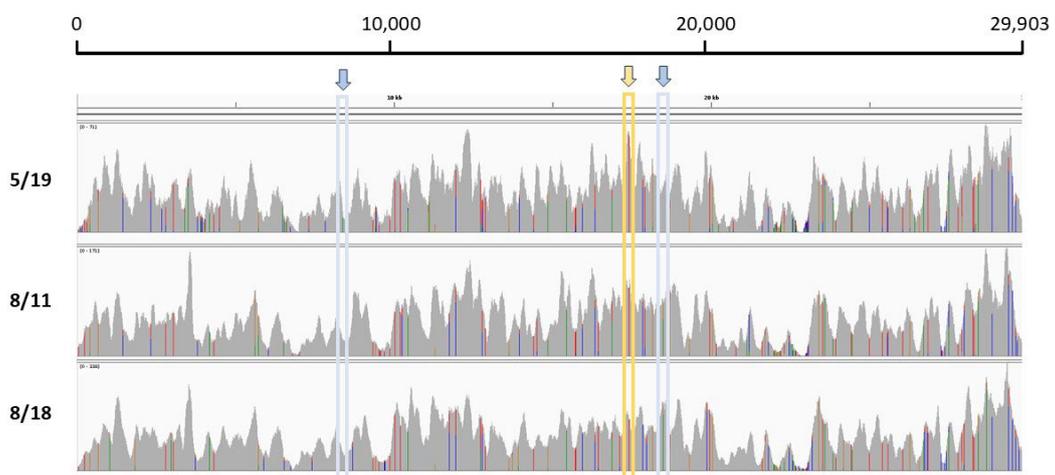


図3 メタゲノム解析による SARS-CoV-2 全ゲノム解析の結果

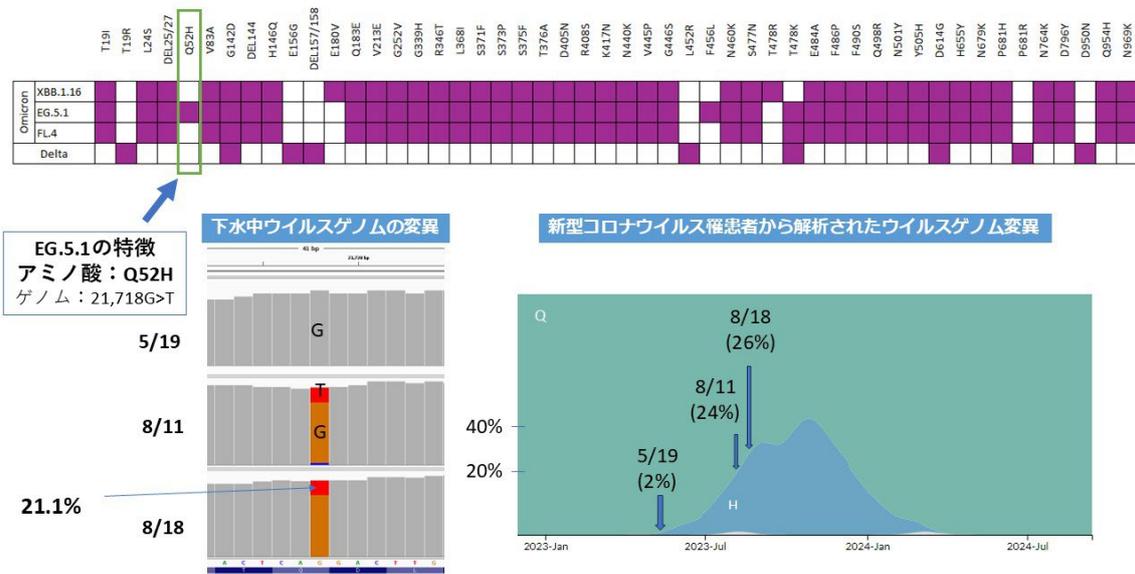


図4 下水中のウイルスと臨床検体中のウイルスゲノム解析の比較

今後、万博でもメタゲノム解析の研究を活かしていくために、私たちは、大阪府と大阪市の事業である先進的サーベイランス研究推進事業というものに関わっています。国際的なマスギャザリングに対応した感染症サーベイランス手法を作るため、メタゲノム解析を取り入れていこうと考えています。大阪公立大学は関空に近いということもあって、立地的にもよく、感染症の専門家もおられることから、一緒に進めております。

いつどこで何を対象にするかは非常に重要です。通常感染症サーベイランスで、新型コロナウイルス、インフルエンザウイルス、RSウイルスなどは常々測っておくべきウイルスだと思っています。それらに加えて、万博や大規模イベントが行われるような時にターゲットに入れておくべきであると考えているのが、ウイルス性の疾患で言えばMERS<sup>46</sup>、蚊を媒介するものとしてデング、ジカ<sup>47</sup>、チクングニアなどです。それ以外にもエムポックスなど、それに加えて細菌感染症も考えております。

最後になりますが、私たちが目指しているのは、不顕性感染も含めたあらゆる病原体の流行状況の正しい把握、つまり病原体の同定と定量です。定量というのはどれくらい多いか少ないかを測ることでありますが、どんなウイルスがいて、それらがこれから増えるのか減るのか、それらは季節性なのかそれとも別の要因なのかなどを網羅的に把握していきたいと思っています。どこで最初に感染が起きて、どのように広がっていくのかを知ることは感染症対策を

<sup>46</sup> 中東呼吸器症候群：コロナウイルス科ベータコロナウイルス属のMERS（Middle East Respiratory Syndrome）コロナウイルス（<https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou/kekkaku-kansenshou19/mers.html>）

<sup>47</sup> ヤブカ（Aedes）属の蚊によって媒介されるジカウイルスによる感染症。ジカウイルスはデングウイルスと同じフラビウイルス科に属し、症状はデング熱に類似するが、それより軽いとされる。（<https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/6224-zika-fever-info.html>）

考えていく上で非常に重要なことでこれらもやっていきたいと考えています。下水を用いたメタゲノム解析は北島先生のお話にもありましたが、早期に網羅的に検知できるところが魅力の一つですから、いろいろなツールを組み合わせることで、早期に感染状況を検知して流行拡大を未然に防いでいくことに取り組んでいきたいと考えています。

#### 4. 参考文献

- #1 WU polyomavirus detected in children with severe respiratory failure  
Kazuhiro Uda, et al., *J Clin Virol.* 2018 Oct;107:25-28. doi:  
10.1016/j.jcv.2018.08.003. Epub 2018 Aug 9.  
(<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30114678/>)
- #2 Identification of causative fungus from sterile abscess using metagenomics  
followed by in situ hybridization  
Hiroya Oki, et al., *Access Microbiol.* 2024 Aug 15;6(8):000779.v3. doi:  
10.1099/acmi.0.000779.v3. eCollection 2024.  
(<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39148686/>)