

[ノート]

兵庫県における 2017/18 シーズンのインフルエンザウイルスの性状解析

押部 智宏* 荻 美貴 高井 伝仕 近平 雅嗣 稲田 忠明

Characteristic Analysis of the Seasonal Influenza Viruses in Hyogo
Prefecture, Japan, during the 2017/18 SeasonTomohiro OSHIBE*, Miki OGI, Denshi TAKAI, Masatsugu CHIKAHIRA
and Tadaaki INADA*Infectious Disease Research Division, Hyogo Prefectural Institute of Public Health Science, 1819-14, Kanno Kanno-cho, Kakogawa 675-0003, Japan*

In Hyogo prefecture, Japan, influenza activity during the 2017/18 influenza season was the highest in the past 5 seasons. The B (Yamagata lineages) (49%) predominated over AH3 subtype (33%), AH1pdm09 (18%) and B (Victoria lineages) (1%) viruses.

The HA genes of AH1pdm09 viruses fell into the genetic subgroups 6B.1. The HA genes of AH3 viruses fell into the phylogenetic clade 3C.2a2 and clade 3C.2a1 including A/Singapore/Infimh-16-0019/2016 (2018/19 season vaccine strain).

The HA gene sequences of B (Victoria lineage) viruses belonged to genetic group 1A, the B/Brisbane/60/2008 genetic group. The HA genes of B (Yamagata lineage) viruses fell within the genetic clade 3 including B/Phuket/3073/2013 (2015/16~2018/19 season vaccine strain).

I はじめに

インフルエンザは、38℃以上の発熱、頭痛、全身倦怠感、筋肉痛・関節痛を主症状とする感染症である。この原因となる季節性のインフルエンザウイルスは、A型及びB型に分類され、さらに抗原性の違いによりA型は2009年にパンデミックを引き起こしたAH1pdm09とA香港型（以下AH3型）の2つの亜型、B型はYamagata系統及びVictoria系統の2つの系統に分類される。これらのウイルスは少しずつ変異を繰り返しながら宿主の免疫から逃れたり、薬剤耐性を獲得したりすることから、流行するウイルスのタイプ、遺伝子変異、抗原性等の性状変

化を把握することは、次季のワクチン株の選定等のインフルエンザ対策を行う上で重要である。また、A型は鳥類や哺乳類にも幅広く感染する人獣共通感染症であり、特に家禽及びブタから分離されるインフルエンザウイルスの監視も新型ウイルスの出現によるパンデミックの対策として重要である。

当所では、感染症発生動向調査事業の一環としてインフルエンザウイルスのサーベイランスを実施しており、県内のインフルエンザ様疾患患者の検体からウイルス分離、同定、遺伝子解析等の性状解析を行っている。また、感染症流行予測調査事業の感染源調査として、県内で飼育されているブタからインフルエンザウイルスの分離を行っている。本稿では2017/18シーズンのこれらの調査結果について報告する。

感染症部

*別刷請求先：

〒675-0003 加古川市神野町神野 1819-14

兵庫県立健康科学研究所 感染症部 押部 智宏

II 材料と方法

1. 検体

2017/18 シーズン (2017 年第 35 週 (8 月 28 日～9 月 3 日) から 2018 年第 34 週 (8 月 20 日～26 日)) に県内の指定提出機関 (21 か所) で採取された 308 検体及び小学校等の施設における集団感染の疑い事例, 重症例等で健康福祉事務所が採取した 3 検体の合計 311 検体を用いた。また, 2017 年 9 月から 2018 年 8 月に県内飼育のブタから採取した咽頭ぬぐい液 100 検体を材料とした。

2. インフルエンザウイルスの遺伝学的同定検査

AH1pdm09, AH3 型及び B 型ウイルスの同定は, 国立感染症研究所が示した Real-Time RT-PCR 法あるいは RT-PCR 法により行った¹⁾。

3. インフルエンザウイルスの分離

ウイルス分離は既報に基づき²⁾, 咽頭ぬぐい液を MDCK 細胞に接種し, トリプシン添加培地で 5%CO₂, 33°C, 7 日間培養した。細胞変性効果 (CPE) がみられた培養上清は, 1.0%モルモット赤血球あるいは 0.5%ニワトリ赤血球による赤血球凝集試験 (HA) を行った^{3,4)}。

4. インフルエンザウイルス株の同定

AH1pdm09, AH3 型及び B 型の同定は, 赤血球凝集抑制 (HI) 試験法を用いた^{3,4)}。同定用の標準抗血清は国立感染症研究所より分与された免疫ウサギ抗血清 A/Singapore/GP1908/2015 (H1pdm09), A/Hong Kong/4801/2014 (H3), B/Texas/02/2013 (Victoria 系統) 及び B/Phuket/3073/2013 (Yamagata 系統) を使用した。

5. インフルエンザウイルスの遺伝子解析

RT-PCR 法で増幅した HA 遺伝子の HA1 領域をダイレクトシーケンシング法で塩基配列を決定し, Maximum Likelihood 法により系統樹解析を行った。解析に用いる代表株やクレード, サブクレード等の名称は, The Francis Crick Institute Worldwide Influenza Centre (WIC) 又は国立感染症研究所の報告に基づいた⁵⁻⁷⁾。また, ワクチン株や代表株の HA 遺伝子の塩基配列は, GISAID (The Global Initiative on Sharing All Influenza Data) のデータ (EpiFlu™) を引用し, 株名の横に EpiFlu™ の Isolate ID を示した。(Fig.4~7)

6. Real-Time RT-PCR 法による抗インフルエンザ薬剤耐性株の検出

国立感染症研究所が示した Real-Time RT-PCR 法

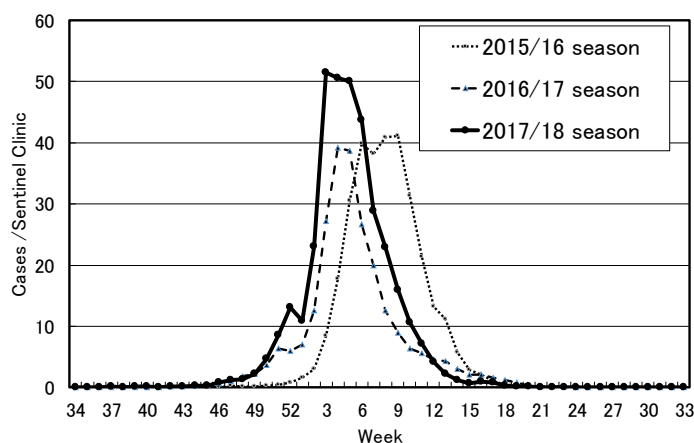


Fig. 1 Weekly cases of Influenza-like illness per sentinel clinic from 2015/16 season to 2017/18 season in Hyogo prefecture, Japan

(Allelic discrimination 法) により, オセルタミビル耐性の指標となる NA タンパクの 275 番目のアミノ酸のヒスチジンがチロシンに置換 (H275Y) した株を検出した¹⁾。

III 結果及び考察

1. 県内のインフルエンザの流行状況

2015/16 シーズンから本シーズンまでの感染症発生病向調査における定点あたりの週別インフルエンザ様疾患患者数を Fig. 1 に示した。

定点あたりの週別患者数は, 全国の調査と同じく 2017 年第 47 週 (11 月 20 日～26 日) に流行開始の指標となる 1.0 人を超え, 2016/17 シーズンと同様に比較的早い流行となった⁸⁾。その後急速に増加し全国より 2 週早い 2018 年第 3 週 (1 月 15 日～21 日) に警報水準とされる定点あたり 30 人を超えてピークを迎えた⁸⁾。この週の患者数は 51.4 人で, 過去 5 シーズンで最高となった。その後, 第 5 週 (1 月 29 日～2 月 4 日) まで 50 人以上が持続した後, 減少に転じ, 第 7 週 (2 月 12 日～18 日) には 28.9 人となり警報水準を下回った。警報水準の持続期間は 4 週間であった。

その後も徐々に減少を続けて第 15 週 (4 月 9 日～15 日) を除く第 16 週 (4 月 16 日～22 日) まで流行が持続した。本シーズンの流行期間は 21 週間で, 過去 5 シーズンの中で 2016/17 シーズンに続いて 2 番目に長かった。この期間の累積患者報告数は 70,577 人と過去 5 シーズンで最も多かった。

2. 県内のインフルエンザウイルス分離・検出状況

本シーズンのインフルエンザウイルスの分離・検出状況を Fig.2 に示した。

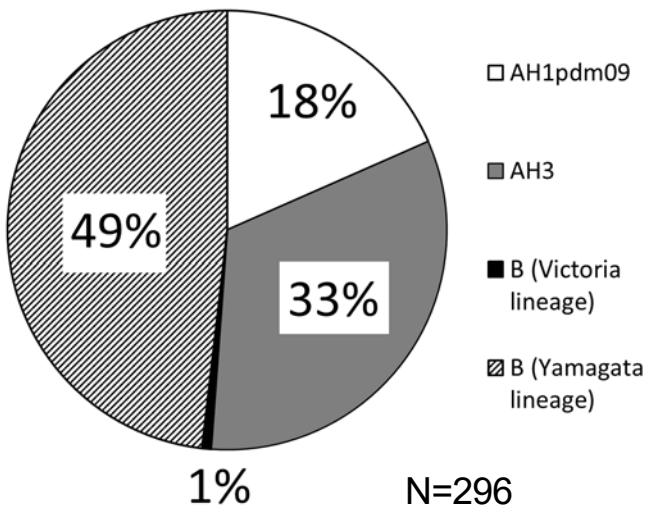


Fig. 2 Proportion of isolation/detection of influenza virus during 2017/18 season in Hyogo prefecture, Japan

検査した 311 検体のうち 296 件 (95%) からインフルエンザウイルスが検出された。内訳は、A 型が 150 件 (51%)、B 型が 146 件 (49%) で、A 型と B 型がほぼ同じ割合で検出された。全国の調査では A 型が 54% を占めており⁸⁾、県内と同様の結果であった。

指定提出機関で行ったインフルエンザの簡易検査で A 型、B 型が共に陽性となった 2 検体 (第 2 週及び第 3 週に検体採取) について、Real-Time RT-PCR 法による検査を行ったところ、AH1pdm09 と B 型 (Yamagata 系統) 及び AH3 型と B 型 (Yamagata 系統) がそれぞれ重複して検出された。簡易検査で A 型、B 型が共に陽性となった場合は偽陽性と判定されることがあるが、本シーズンのように A 型、B 型が同時に流行する場合は重複感染も十分考慮する必要があると考えられた。

A 型と B 型の検出割合はシーズンによって異なり、過去の B 型の推移をみると、2013/14 シーズンは 45%⁹⁾、2014/15 シーズンは 24.5%¹⁰⁾、2015/16 シーズンは 44% を占めていたが¹¹⁾、2016/17 シーズンは 17% であり¹²⁾、本シーズンは直近の 5 シーズンで最も高かった。

本シーズンに検出されたウイルスは、B 型 (Yamagata 系統) が 144 件 (49%)、AH3 型が 98 件 (33%)、AH1pdm09 が 52 件 (18%)、B 型 (Victoria 系統) が 2 件 (1%) であり、B 型 (Yamagata 系統) の検出割合が最も高かった。過去 10 シーズンの亜型 (系統) を比較すると、B 型 (Yamagata 系統) と AH1pdm09 が同じ割合で検出された 2015/16 シーズン以外は A 型のいずれかの亜型が最多となったが、B 型 (Yamagata 系統) が最多となったのは本シーズンが初めてであった。

各亜型 (系統) の検出状況を過去のシーズンと比較すると、A 型は 2012/13 シーズンは AH3 型が主流となり¹³⁾、

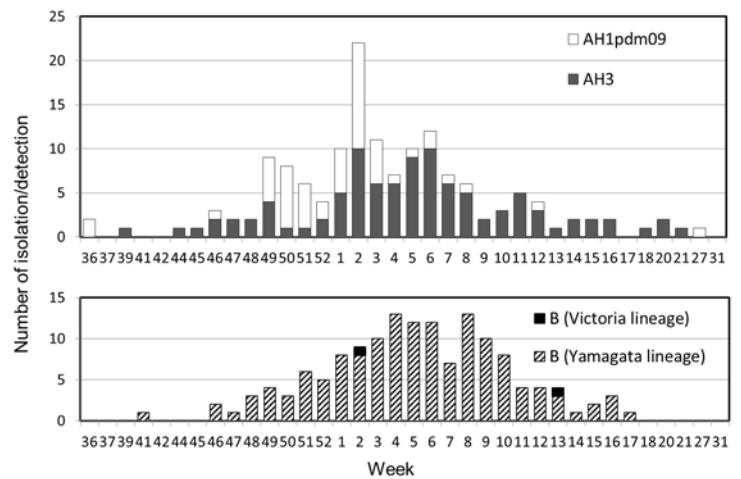


Fig. 3 Weekly isolation/detection of influenza virus during 2017/18 season in Hyogo prefecture, Japan

2013/14 シーズンは AH1pdm09⁹⁾、2014/15 シーズンは AH3 型¹⁰⁾、2015/16 シーズンは AH1pdm09¹¹⁾、2016/17 シーズンでは AH3 型が主体となっており¹²⁾、2012/13 シーズン以降は交互に流行するパターンとなっていたが、本シーズンは 2016/17 シーズンと同じ AH3 型の流行となり、これまでのパターンとは異なっていた。

B 型は 2013/14 シーズンは Yamagata 系統が 67%⁹⁾、2014/15 シーズンは Yamagata 系統が 91%¹⁰⁾、2015/16 シーズンは Yamagata 系統が 64% を占めており¹¹⁾、2013/14 から 2015/16 シーズンは Yamagata 系統が優勢であったが、2016/17 シーズンは Victoria 系統が 69% と優勢となった¹²⁾。本シーズンは Yamagata 系統が 99% を占めて再び Yamagata 系統が優勢となった。全国の調査でも Yamagata 系統が優勢となっており⁸⁾、県内と同様であった。

一方、ブタの咽頭ぬぐい液 100 検体を検査したところ、2018 年 7 月に採取された検体からインフルエンザウイルスが 1 件分離され、国立感染症研究所が遺伝子を解析した結果、8 分節のすべての遺伝子がヒト由来の AH1pdm09 であり、鳥やブタ由来の遺伝子の交雑は見られなかった。このことからヒトのウイルスが直接ブタに感染したものと考えられた。

3. 週別のインフルエンザウイルスの分離・検出状況

本シーズンは第 35 週から調査が開始されたが、第 36 週 (9 月 4 日～10 日) に AH1pdm09 が初めて検出され、流行開始前の第 46 週までに AH3 型が 5 件、AH1pdm09 が 3 件、B 型 (Yamagata 系統) は 3 件の合計 11 件検出され AH3 型が最も多かった。

流行開始の第 47 週からピーク前の第 2 週までの期間は B 型 (Yamagata 系統) が 38 件と最も多く、次いで

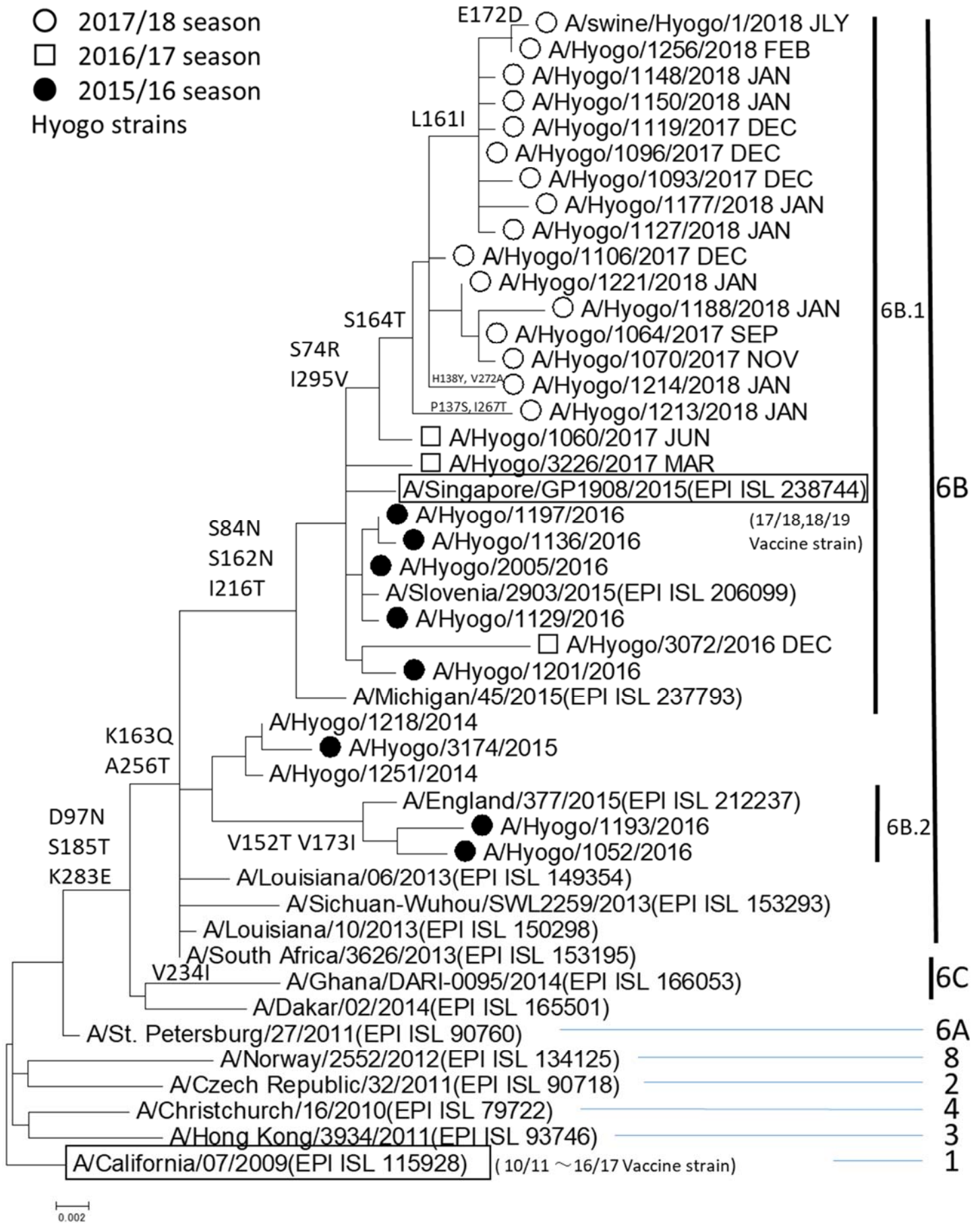


Fig. 4 Phylogenetic analysis of influenza A(H1N1)pdm09 HA genes (HA1)

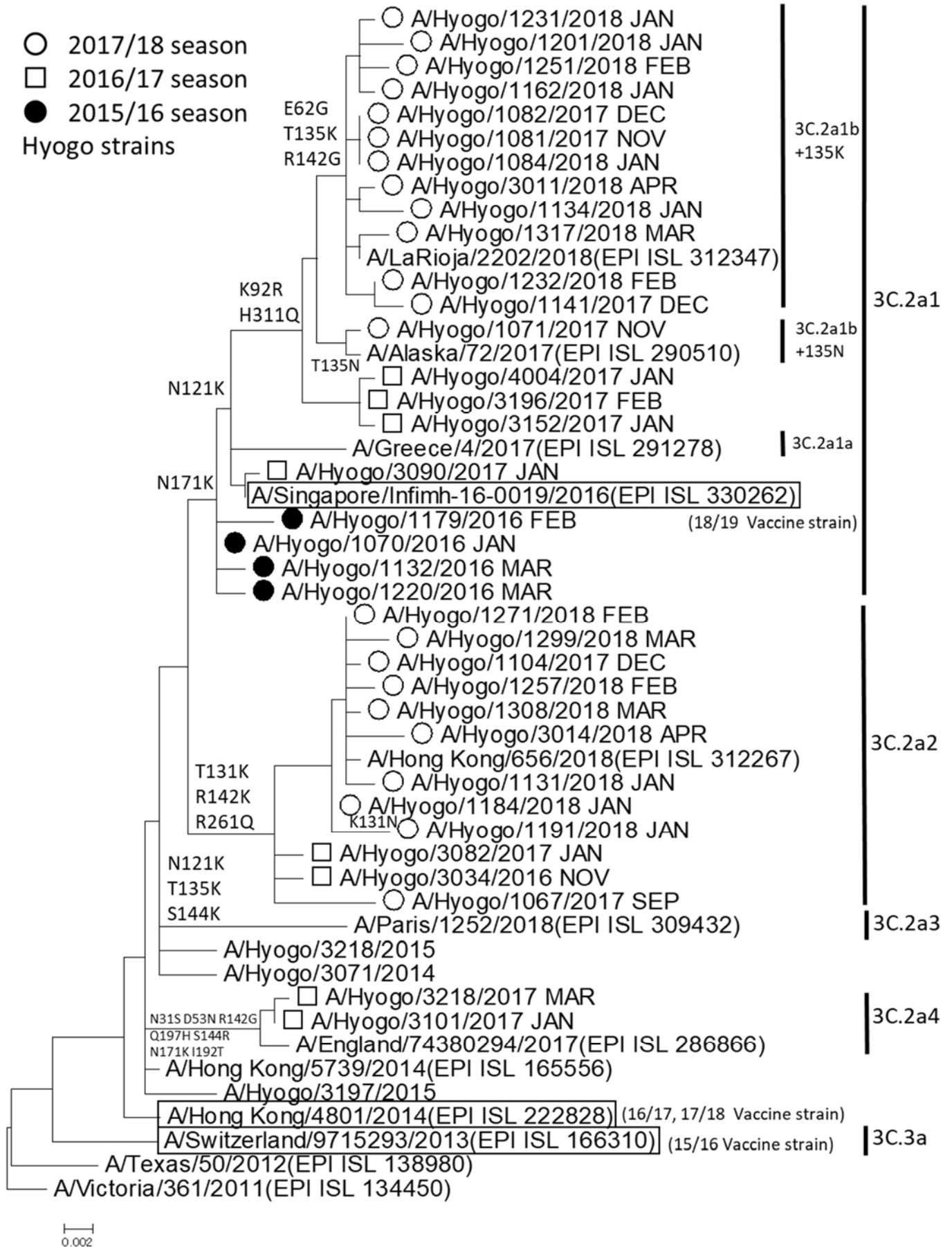


Fig. 5 Phylogenetic analysis of influenza AH3 HA genes (HA1)

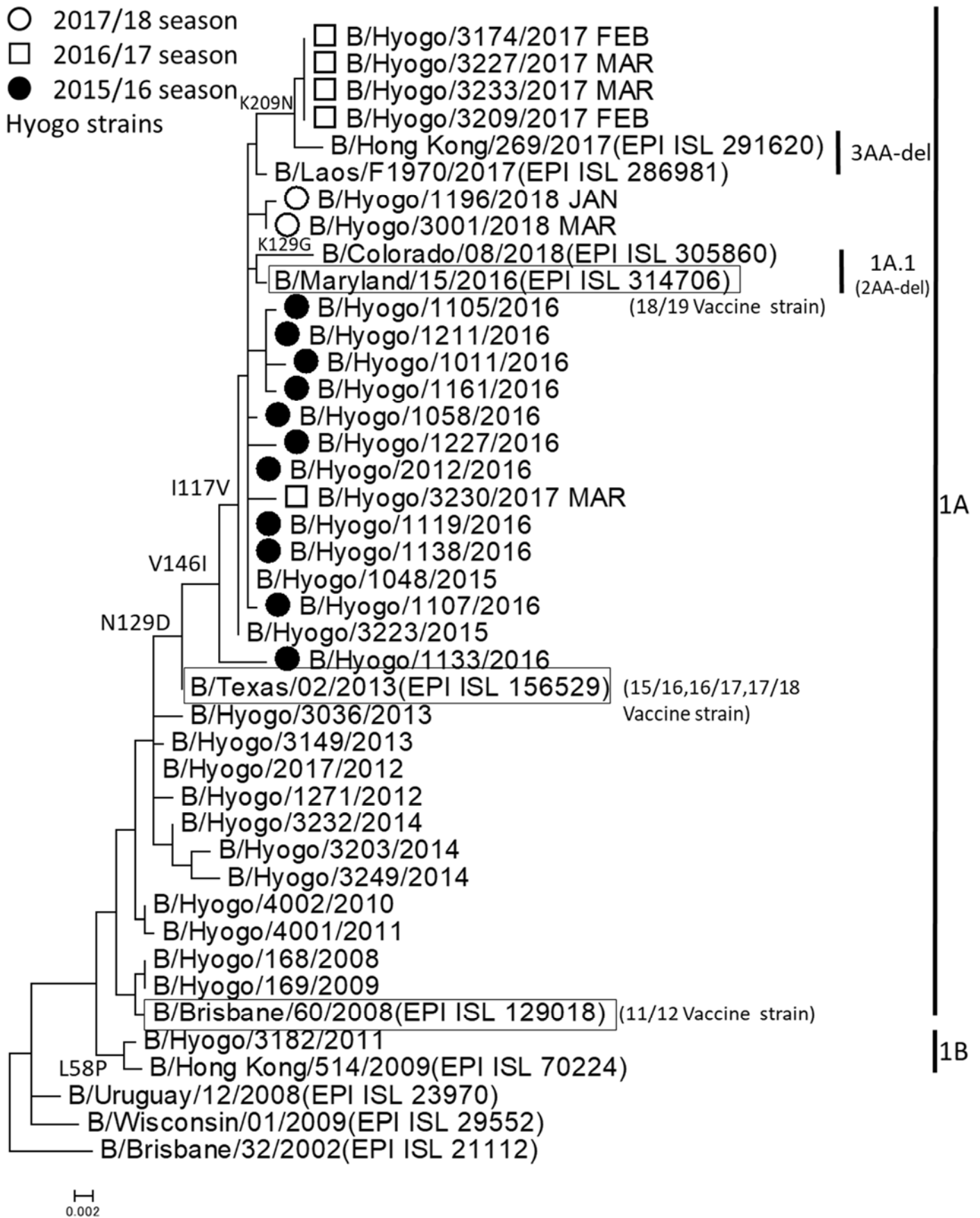


Fig. 6 Phylogenetic analysis of influenza B (Victoria-lineage) HA genes (HA1)

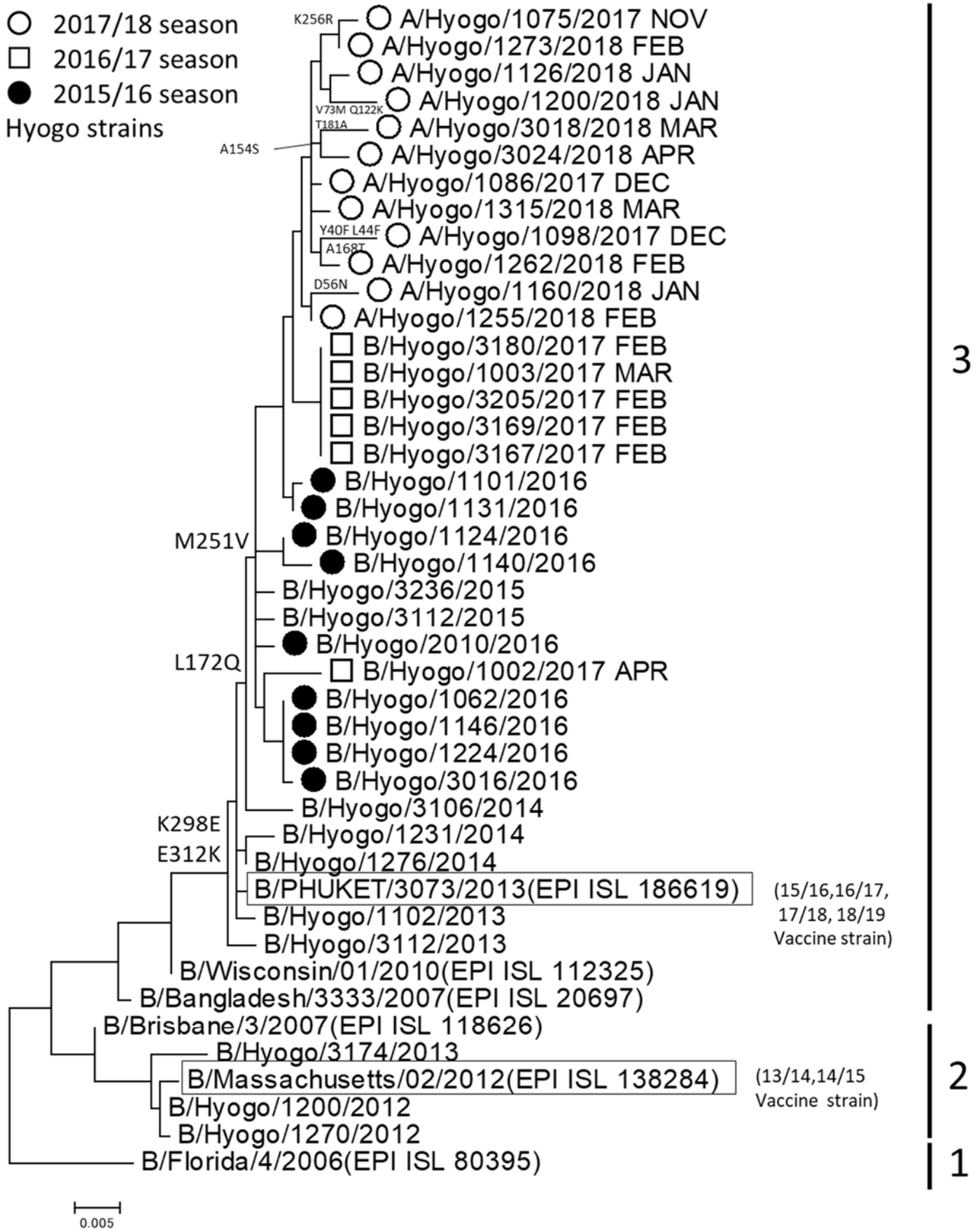


Fig. 7 Phylogenetic analysis of influenza B (Yamagata-lineage) HA genes (HA1)

AH1pdm09 が 36 件, AH3 型が 27 件, B 型 (Victoria 系統) が 1 件であり, AH1pdm09 は AH3 型よりも多く検出された。

警報水準を上回った第 3 週から第 6 週までの期間は, B 型 (Yamagata 系統) が 47 件と最も多く, AH3 型が 31 件, AH1pdm09 が 9 件であり, AH3 型の検出が AH1pdm09 を上回った。

警報水準を下回った第 7 週から流行が持続した第 17 週までの期間は, B 型 (Yamagata 系統) が 57 件と最も多く, AH3 型が 31 件, AH1pdm09 が 3 件検出された。

全検出数のうち最も多かった B 型 (Yamagata 系統) は, 流行開始の第 47 週から終息までの第 17 週まで連続して検出され, 第 2 週と第 13 週の B 型 (Victoria 系統) の 2 件以外はすべて B 型 (Yamagata 系統) であった。

A 型の主流となった AH3 型は, 流行開始前の第 44 週から終息前の第 16 週まで連続して検出され, 特に流行のピーク及び後半に多く検出された。一方, AH1pdm09 は流行の前半に多かった。

例年, 流行の開始からピークにかけては A 型が主体となり, ピーク後の後半は B 型が主流となるケースが多いが, 本シーズンは B 型 (Yamagata 系統) と A 型がほぼ全期間にわたって検出されており, これらのウイルスが同時に混合流行したものと考えられ, また, この同時流行が過去 5 シーズンで最も高いピークを押し上げた要因の一つとして考えられた。

4. 県内分離ウイルス株の遺伝子解析

AH1pdm09 ウイルス分離株の HA タンパク (HA1 領域) の遺伝子系統樹解析の結果を Fig.4 に示した。

AH1pdm09 ウイルスはクレード 1~8 に区分され, クレード 6 はさらにサブクレード 6A, 6B, 6C に分類される¹⁴⁾。2014/15 シーズンの県内株の解析では, D97N, S185T 及び K283E のアミノ酸置換に加えて, K163Q と A256T の置換を持つクレード 6B であった¹⁰⁾。2015/16 シーズンの分離株は, クレード 6B 内に S84N, S162N, I216T 置換を持つクレード 6B.1 と V152T, V173I 置換を持つクレード 6B.2 に属した¹¹⁾。2016/17 シーズンの県内株はすべて 2017/18 及び 2018/19 シーズンのワクチン株である A/Singapore/GP1908/2015 と同じクレード 6B.1 に分類された¹²⁾。解析した本シーズンの 15 株は 2016/17 シーズンと同様にすべてクレード 6B.1 に属し, S164T の置換を有していた。このうち 8 株は L161I の置換があり, さらに 1 株に E172D の置換が見られた。その他, H138Y, V272A の置換を持つ 1 株及び P137S, I267T の置換を持つ 1 株があった。

2018 年 7 月にブタから分離された A/swine/Hyogo/1/

2018 株も本シーズンの特徴であるクレード 6B.1 に属し, L161I, E172D の置換を有していることから, ヒトからブタに感染したとみられる時期は本シーズンであると考えられた。

国立感染症研究所による本シーズンの国内分離株の解析でもすべての株がクレード 6B.1 となっており, 県内分離株と同様の結果であった。

AH3 型ウイルス分離株の HA タンパク (HA1 領域) の遺伝子系統樹解析の結果を Fig. 5 に示した。

AH3 型ウイルスは, 2014/15 シーズン以降 A/Hong Kong/4801/2014 株に代表される 3C.2a クレードと A/Switzerland/9715293/2013 に代表される 3C.3a と 3C.3b クレードに分類された¹⁴⁾。

2016/17 シーズン以降はさらに細分化されて 3C.2a クレードは 1~4 のサブクレードに分類され, さらに 3C.2a1 サブクレードは a, b に分類されている⁵⁾。

2015/16 シーズンの県内株はすべてサブクレード 3C.2a1 に分類された¹¹⁾。2016/17 シーズンの県内株は, 3C.2a クレードに属し, N171K 置換を持つサブクレード 3C.2a1, T131K, R142K, R216Q の置換を持つサブクレード 3C.2a2, N31S, D53N, R142G, S144R, N171K, I192T 及び Q197H の置換を持つサブクレード 3C.2a4 に分類された^{5),12)}。

本シーズンの県内株は解析した 23 株中 13 株 (57%) は 2018/19 シーズンのワクチン株である A/Singapore/Infimh-16-0019/2016 株と同じサブクレード 3C.2a1 に属し, E62G, R142G を持つ 3C.2a1b に分類され, 3C.2a1b 内には, さらに T135K 及び T135N を持つ群があるが, 12 株が T135K 群, 1 株が T135N 群に分類された。

23 株中 10 株 (43%) はサブクレード 3C.2a2 に分類された。また, 3C.2a 内の 3C.2a3, 3C.2a4, 3C.2a1a のサブクレードに属する株はなかった。

全国の調査では, 2018 年 1 月以降増加傾向にあるサブクレード 3C.2a2 に属する株が 75.2% で, 3C.2a1b で T135K 置換を持つ群が 12.8%, T135N 置換を持つ群が 9.0% となっており, 県内では 3C.2a2 に属する株の割合が低かった。

県内株の解析結果から, 3C.2a1b サブクレードはさらに細分化が進み 2 つの群に分類されたことやサブクレード 3C.2a2 に属する株も確認されたことから, AH3 型ウイルス遺伝子の多様化が進んでいることが判明した。

B 型 (Victoria 系統) ウイルス分離株の HA タンパク (HA1 領域) の遺伝子系統樹解析結果を Fig. 6 に示した。

Victoria 系統は, B/Brisbane/60/2008 株に代表されるクレード 1A と L58P 置換を持つクレード 1B に分類さ

れ¹⁵⁾、さらに2018/19シーズンのワクチン株である B/Maryland/15/2016に代表されるI180V, R498Kの置換を持ち2アミノ酸欠損 (162, 63) がある1A.1サブクレードに分類される⁷⁾。2015/16及び2016/17シーズンの県内株もN129D, V146I, I117Vを持つサブクレード1Aに属した^{11),12)}。本シーズンの県内株は2株共に2015/16シーズン以降の県内株と同様にN129D, V146I, I117Vを持つサブクレード1Aに属し、サブクレード1A.1に属する株はなかった。

全国の調査では、県内株と同様に本シーズンの株はすべてサブクレード1Aに属し、N129D, V146I, I117Vのアミノ酸置換を伴っており、サブクレード1A.1に属する株が8株検出された⁷⁾。このサブクレード1A.1に属する株は2015/16から2017/18シーズンまでのワクチン株である B/Texas/02/2013 株に対して抗原変異を伴っていることから⁷⁾、今後、感染が広がる可能性が考えられた。

また、少数ながら分離が報告されている3アミノ酸欠損株 (162, 163, 164) は⁵⁾、県内では検出されなかった。

B型 (Yamagata 系統) ウイルス分離株の HA タンパク (HA1 領域) の遺伝子系統樹解析の結果を Fig. 7 に示した。

Yamagata 系統は、B/Florida/4/2006 株を代表とするクレード1, R48K, P108A 及び S229G のアミノ酸置換が特徴のクレード2と、S150I, N165Y 及び S229D のアミノ酸置換を持つクレード3に区分される¹⁵⁾。

2013/14 シーズンの県内分離株はクレード2と3が混在したが⁹⁾、2014/15 から2016/17シーズンの県内株は、すべてクレード3に属しており、2014/15シーズン以降は L172Q 置換^{10)~12)}、2015/16シーズン以降は M251V 置換を有していた^{11),12)}。

本シーズンに分離した12株を解析した結果、2015/16シーズン以降と同様にすべて L172Q, M251V 置換を持ち、2015/16シーズンから4期連続でワクチン株となった B/Phuket/3073/2013 株と同じクレード3に属していた。

全国の解析でも、本シーズンはすべてクレード3に属しており⁷⁾、県内と同様の結果であった。

また、HA1 遺伝子領域の塩基配列を比較した結果、2016/17シーズンは6株中5株が HA1 領域の塩基配列が同一であったが、本シーズンは12株中一致したものではなく、それぞれ異なるアミノ酸置換を有する株が多くみられたことから、遺伝子の多様化が進んでいるものと考えられた。この原因として、本ウイルスが流行の主体となり、例年に増して大きな規模でヒト・ヒト間で感染が繰り返されたことが考えられた。

5. 抗インフルエンザ薬剤耐性株の検出

AH1pdm09 ウイルス株37株について、Real-Time RT-PCR 法により抗インフルエンザ薬剤耐性株を調査した結果、H275Y 置換を有する耐性株は2株 (5.4%) 検出された。

全国の調査では検出率は1.6%であり¹⁶⁾、県内株は高値を示した。2つの耐性株を HA1 遺伝子領域の塩基配列を比較したところ、同一のウイルスではなかったため散発例であると考えられた。

IV 結 論

兵庫県における2017/18シーズンのインフルエンザの流行は過去5シーズンで最も大きい規模となり、検出されたウイルスは、B型 (Yamagata 系統) が49%となり、次いで AH3 型が33%、AH1pdm09 が18%、B型 (Victoria 系統) が1%となった。

遺伝子系統樹解析の結果、AH1pdm09ウイルスはクレード6B.1に属し、AH3型ウイルスは2018/19シーズンのワクチン株である A/Singapore/Infimh-16-0019/2016 株と同じサブクレード3C.2a1及び3C.2a2に属した。B型 (Victoria系統) はワクチン株と同じサブクレード1Aに属し、B型 (Yamagata系統) の分離株についてもワクチン株と同じくクレード3に属した。

謝 辞

本研究を実施するにあたり、検体採取、連絡調整にご協力いただきました県疾病対策課、県下の健康福祉事務所並びに指定提出機関に深謝いたします。

文 献

- 1) 国立感染症研究所：病原体検出マニュアル インフルエンザ診断マニュアル (第3版) (2014)
- 2) 山岡政興, 押部智宏, 稲元哲朗：A 香港型インフルエンザウイルスのキモトリプシン存在下での MDCK 細胞による分離について。兵庫県立健康環境科学研究センター紀要, 4, 54-57 (2007)
- 3) 根路銘国昭, 杉浦昭, 植田昌宏：オルソミクソウイルス。ウイルス実験学各論, 改訂二版, 国立予防衛生研究所学友会編, 287~330 (1982)
- 4) 根路銘国昭：インフルエンザウイルス, 微生物検査必携, ウイルス・クラミジア・リケッチア検査, 第II分冊, 各論1, 厚生省監修, 第3版, 2-24, 日本公衆衛生協会(2004)

- 5) WHO influenza centre The Francis Crick Institute
London : Report prepared for the WHO annual
consultation on the composition of influenzavaccines
for the Southern Hemisphere 2019
[https://www.crick.ac.uk/partnerships/worldwide-
influenza-centre/annual-and-interim-reports](https://www.crick.ac.uk/partnerships/worldwide-influenza-centre/annual-and-interim-reports)
(accessed 2018-10-2)
- 6) 国立感染症研究所感染症疫学センター：IASR 病原
微生物検出情報（月報），**38**，第 11 号，209-218
(2017)
- 7) 国立感染症研究所：インフルエンザウイルス流行株
抗原性解析と遺伝子系統樹 2018 年 10 月 10 日
[http://www.niid.go.jp/niid/ja/flu-m/flutoppage/2382-
flu/flu-antigen-phylogeny/8363-2018-10-10.html](http://www.niid.go.jp/niid/ja/flu-m/flutoppage/2382-flu/flu-antigen-phylogeny/8363-2018-10-10.html)
(accessed 2018-10-22)
- 8) 国立感染症研究所，厚生労働省結核感染症課：今冬
のインフルエンザについて（2017-2018 シーズン）
[https://www.niid.go.jp/niid/ja/flu-m/590-idsc/8107-
fludoko-2017.html](https://www.niid.go.jp/niid/ja/flu-m/590-idsc/8107-fludoko-2017.html)(accessed 2018-10-2)
- 9) 押部智宏，榎本美貴，高井伝仕，岡藤輝夫ほか：兵
庫県における 2013/14 シーズンのインフルエンザウ
イルス分離株の性状解析．兵庫県立健康生活科学研
究所健康科学研究センター研究報告，**6**，1-
11 (2015)
- 10) 押部智宏，萩美貴，高井伝仕，岡藤輝夫ほか：兵庫
県における 2014/15 シーズンのインフルエンザウ
イルス分離株の性状解析．兵庫県立健康生活科学研
究所健康科学研究センター研究報告，**7**，1-9
(2016)
- 11) 押部智宏，萩美貴，高井伝仕，近平雅嗣ほか：兵庫
県における 2015/16 シーズンのインフルエンザウ
イルス分離株の性状解析．兵庫県立健康生活科学研
究所健康科学研究センター研究報告，**8**，7-15
(2017)
- 12) 押部智宏，萩美貴，高井伝仕，近平雅嗣ほか：兵庫
県における 2016/17 シーズンのインフルエンザウ
イルス分離株の性状解析．兵庫県立健康生活科学研
究所健康科学研究センター研究報告，**9**，1-10
(2018)
- 13) 押部智宏，萩美貴，高井伝仕，岡藤輝夫ほか：兵庫
県における 2012/13 シーズンのインフルエンザウ
イルス分離株の性状解析．兵庫県立健康生活科学研
究所健康科学研究センター研究報告，**5**，17-
23 (2014)
- 14) 国立感染症研究所感染症疫学センター：IASR 病原
微生物検出情報（月報），**36**，第 11 号，199-207
(2015)
- 15) 国立感染症研究所感染症疫学センター：IASR 病原
微生物検出情報（月報），**34**，第 11 号，325-339
(2013)
- 16) 国立感染症研究所：抗インフルエンザ薬耐性株サー
ベイランス 2018 年 10 月 19 日
[https://www.niid.go.jp/niid/ja/influ-resist/8383-flu-
r20181019.html](https://www.niid.go.jp/niid/ja/influ-resist/8383-flu-r20181019.html) (accessed 2018-10-22)

(平成 30 年 12 月 5 日受理)