

精神科病棟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

衛生研究所 ○後藤慶子, 梅澤昌弘¹⁾, 土井育子²⁾, 本谷 匠, 永田紀子

1) 土浦保健所 2) 疾病対策課

1. はじめに

ヒトメタニューモウイルス (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, 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, 長期間に渡り, 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棟において, 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の連絡があった。原因病原体を探索するため, 発症者5例の鼻腔ぬぐい液を採取し, 呼吸器感染症に起因する17種類のウイルス病原体検査を実施した。その結果, 5例からHMPVのみが検出された。その後も発症者の発生は続き, 1病棟を除く4病棟の入院患者および職員へ感染拡大した。8月5日に再度発症者10例のウイルス病原体検査を実施したところ, 8例からHMPVのみが検出された。本事例の発症者は7月2日から8月16日までに計109名(入院患者93名, 職員16名)に達し, HMPV以外の呼吸器感染症ウイルスが検出されなかったことから, HMPVが原因ウイルスと推定された。

3. 材料および方法

材料: HMPVが検出された咽頭または鼻腔ぬぐい液13検体

方法: 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(357nt)を決定し, 遺伝子型別を実施した。また, 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法で増幅し, 次世代シーケンサー(NGS)を用い, 各領域の塩基配列を決定, 比較を行った。

4. 結果および考察

HMPVのF遺伝子(357nt)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(1,644nt)で99.9%, SH(627nt)およびG遺伝子(711nt)は100%一致した。F遺伝子はG遺伝子と比較し, 変異を起こしにくいと言われており, 本事例は極めて類似したHMPVが長期間に渡り, 施設内で感染拡大したと推察された。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への協力の徹底が困難であり, 多くの発症者を生じたと考えられた。このような施設においては, 呼吸器集団感染を防ぐために平時より標準予防策の徹底がより一層重要であると思われる。