

## 短 報

山形県における感染症媒介蚊の地域別生息状況と  
幼虫の環境適応性に関する調査（2023-2024年）

柳生裕子, 石栗優香, 会田健, 鎌水いずみ, 中島克則

Survey of the regional distribution of disease-transmitting mosquitoes and  
environmental adaptability of their larvae in Yamagata Prefecture (2023-  
2024)

Hiroko YAGYU, Yuka ISHIGURI, Takeshi AITA, Izumi YARIMIZU, and Katsunori NAKAJIMA

山形県内における感染症媒介蚊の地域別生息状況及び幼虫の環境適応性を調査した。BG-センチネル2トラップで捕獲した蚊を同定した結果、各地域において種別構成に違いがみられ、村山、置賜地域ではヒトスジシマカ、最上、庄内地域ではアカイエカの割合が高いことが明らかとなった。また、幼虫の生息水のpH測定及び耐水温試験では、幼虫は5.8～10.4の幅広いpH環境に適応可能である一方、45°Cを超える水温では短時間に死滅することが示された。

Key Words : 感染症媒介蚊, ヒトスジシマカ, アカイエカ群, 幼虫, 山形県

## I はじめに

近年、デング熱、チクングニア熱、ジカウイルス感染症等の蚊媒介性感染症の流行が熱帯・亜熱帯地域を中心に多数報告されている。日本においても、2014年に東京都を中心とするデング熱の国内感染が確認され大きなニュースとなった。これらのウイルスを媒介するヒトスジシマカは、地球温暖化の影響により日本での生息域を北上させ、分布を拡大している。山形県においてもヒトスジシマカが日常的に見られるようになっており、蚊媒介性感染症が発生するリスクは高まっていると考えられる。本報告では、山形県内における蚊の生息状況、幼虫の生息環境及び耐水温性について調査した結果を報告する。

調査は2023年7月～9月及び2024年6月～9月の間に、山形県内の4地域（村山、最上、置賜、庄内）から1年につき各2地点（市街地、郊外にある公園・公共施設）を選定し、各調査地点において2回ずつ実施した。各調査地点に1台のBG-センチネル2トラップ（Biogents社製）を地面に設置し、バッテリーを使用して約72時間稼働させた。蚊の誘引源には人の皮膚の臭いに似せた専用BGルアーを使用し、雨天対策としてトラップ上部に簡易的な雨よけを設置した（図1）。



図1 BG-センチネル2トラップ

## II 方法

## 1 蚊の地域別生息状況調査

## 1) 調査地点及び捕獲法

## 2) 蚊の処理と生息種の同定

トラップから回収した捕虫袋を保冷状態で搬送後、 $-80^{\circ}\text{C}$ の冷凍庫で24時間殺処理を行った。その後、マイクロスコープ（ハイロックス社製）を用いて観察し、形態学的に種の同定を行った。蚊の分類体系と種名は津田<sup>1)</sup>に従った。アカイエカとチカイエカは形態的区別が困難なため「アカイエカ群」とした。

## 2 幼虫生息水の pH 測定及び同定

県内4地域にある公園や公共施設内のうち、幼虫が確認された20地点の溜まり水（飲水場下や自然発生の溜まり水）を柄杓で採水し、pHメーターで計測した。また、幼虫を捕獲し飼育して羽化させ、成虫と同様に形態学的に同定を行った。

## 3 幼虫の耐水温試験

捕獲した幼虫10匹を飼育水（pH6.5、水温 $23.3^{\circ}\text{C}$ ）と共にカップに入れ、恒温水槽で加温した。水温は25、30、35、40、43、 $45^{\circ}\text{C}$ に設定し、各温度に到達後20分経過した時点で生存数を記録した。

## III 結果及び考察

## 1 蚊の地域別生息状況調査

本調査で確認された蚊種は4種類であり、最も多く捕獲されたのはヒトスジシマカ、次いでアカイエカ群であった（表1）。各地域に種別構成の違いが認められ、村山及び置賜地域ではヒトスジシマカの割合が高く、最上及び庄内地域ではアカイエカ群の割合が高い結果となった（図2）。

蚊は種類により好む環境が異なることが知られているため、人家の多い市街地と自然環境が豊かな郊外の1地点ずつで調査を行ったが、明確な違いはみられなかった。

## 2 幼虫生息水の pH と生息蚊種

幼虫が確認された20地点の溜まり水のpHは5.8～10.4の範囲であった（表2）。pH10.4の地点では藻類の繁茂が観察された。調査地点のうち17地点はpH6～8の範囲内であり、一般的な自然水のpHと概ね一致した。種別にみると、アカイエカ群、ヒトスジシマカ、ヤマトヤブカの幼虫はいずれも幅広いpH環境で確認され、種を問わず幼虫は多様な水質環境に適応している可能性が示唆された。

表1 地域別蚊種及び個体数(2023年, 2024年)

2023年					
	アカイエカ群	ヒトスジシマカ	ヤマトヤブカ	キンイロヤブカ	種別不明
村山	3	21	0	0	1
最上	7	0	0	0	0
置賜	1	9	5	0	2
庄内	20	11	0	1	0
合計	31	41	5	1	3
2024年					
	アカイエカ群	ヒトスジシマカ	ヤマトヤブカ	キンイロヤブカ	種別不明
村山	0	7	0	0	3
最上	11	5	0	0	1
置賜	6	39	0	0	1
庄内	21	19	0	0	1
合計	38	70	0	0	6

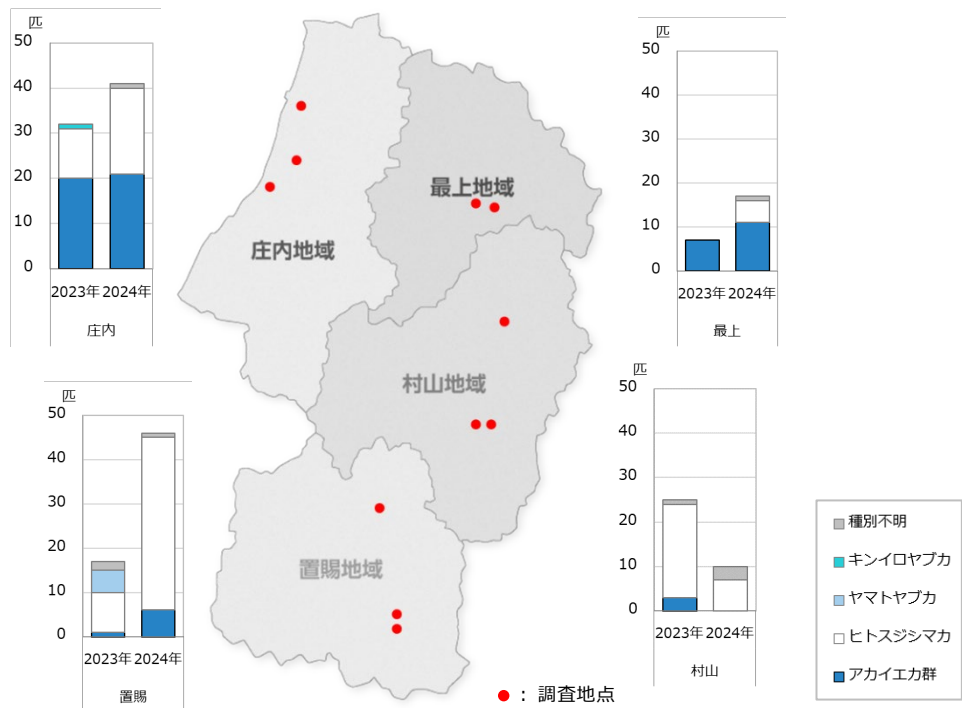


図2 地域別種別構成(2023年, 2024年)

3 幼虫の耐水温試験

試験の結果、25～40℃では高い生存率を示したが、43℃では著しく低下(2/10, 20%)し、45℃では全て死滅した(0/10, 0%) (図3)。これにより、幼虫の生存上限温度が40℃台前半にあり、比較的広い温

度範囲に耐えるが、45℃を超える水温では短時間に死滅することが明らかとなった。防除の観点からは、自然環境における通常の水温条件では死滅は困難であると考えられる一方、一時的・局所的な加温が駆除の有効な手段となり得ることが示唆された。

表2 幼虫生息水のpHと生息蚊種

	pH														
	5.8	5.9	6.2	6.4	6.5	6.6	6.7	6.8	6.9	7.1	7.2	7.3	7.4	8.6	10.4
アカイエカ群	6			3	1						23	3	1		
ヒトスジシマカ	1			35		15	30	6		6	8	4			5
ヤマトヤブカ	5	15	5	4				3	5	5			1	4	2
コガタアカイエカ												1			
合計	12	15	5	42	1	15	30	9	5	11	31	8	2	4	7

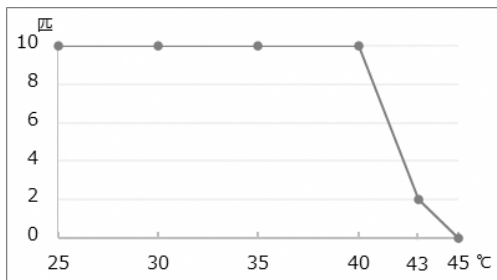


図3 幼虫の水温ごとの生存数

IV 文献

- 1) 津田良夫: 蚊の観察と生態調査, SCIENCE WATCH, 北隆館, 東京(2013), 口絵 I~XX

## 山形県の急性呼吸器感染症（ARI）サーベイランスにおける病原体検出状況

高橋智子, 小川直美, 的場洋平, 池田辰也

### A situation of virus detection on surveillance of acute respiratory infections (ARIs) in Yamagata Prefecture

Tomoko TAKAHASHI, Naomi OGAWA, Yohei MATOBA, Tatsuya IKEDA

山形県の急性呼吸器感染症（ARI）サーベイランスにおいて、2025年第8週から第26週までに採取された705検体についてウイルス遺伝子検出を実施し、379検体（53.8%）から12種類、460件のウイルスが検出された。最も多く検出されたウイルスはヒトライノウイルス（26.2%）であり、次いでヒトパラインフルエンザウイルス3型（12.9%）、ヒトメタニューモウイルス（7.1%）、ヒトパラインフルエンザウイルス4型（5.1%）、RSウイルス（4.7%）、ヒトアデノウイルス（3.1%）、インフルエンザウイルスAH1pdm09（2.0%）、新型コロナウイルス（1.6%）、インフルエンザウイルスAH3（1.1%）、インフルエンザウイルスB（1.0%）、ヒトパラインフルエンザウイルス1型（0.3%）、ヒトパラインフルエンザウイルス2型（0.1%）であった。ヒトライノウイルスは調査期間を通じ流行していた一方、ヒトメタニューモウイルスは第8週から第14週、ヒトパラインフルエンザウイルス3型は第13週から第23週、ヒトパラインフルエンザウイルス4型は第23週から第26週を中心に流行していた。ARIの動向を詳細に把握するため、継続したサーベイランスが必要である。

キーワード：急性呼吸器感染症, Acute Respiratory Infection, ARI, 呼吸器ウイルス

#### I はじめに

令和7年4月7日の感染症法施行規則の改正により、急性呼吸器感染症（ARI）が感染症法上の5類感染症に位置付けられ、定点サーベイランスの対象となった。その目的は、平時から流行しやすい呼吸器感染症の動向を把握し、未知の呼吸器感染症が発生し増加し始めた場合に迅速に探知すること等である。ARIサーベイランスは、定点医療機関を受診し、症例定義を満たした患者数による患者サーベイランスと、病原体定点医療機関において採取された検体について、衛生研究所等で病原体検索を行う病原体サーベイランスからなり、微生物部では後者を担っている。今回当部でARIサーベイランスの準備を開始した2025年第8週からサーベイランス開始後の第26週までの期間に、県内の医療機関で採取された検体の検査結果を報告する。

#### II 材料および方法

2025年第8週（2025年2月17日）から2025年第26週（2025年6月29日）までの期間に、山形県内の10か所の医療機関で急性呼吸器感染症の症状（咳嗽、咽頭痛、鼻汁等）を呈した患者から採取された鼻咽頭拭い液705検体を使用した。なお、病原体定点医療機関は、第14週までと第15週以降で変更があった。

検出対象は、ARIサーベイランス対象病原体であるインフルエンザウイルス、新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）、RSウイルス（RSV）、ヒトパラインフルエンザウイルス、ヒトメタニューモウイルス（hMPV）、ヒトアデノウイルス（HAdV）、ヒトライノウイルス（HRV）、エンテロウイルス（EV）とした。インフルエンザウイルスはインフルエンザウイルスAH1pdm09（FluAH1pdm09）、AH3（FluAH3）、およびB（FluB）、パラインフルエンザウイルスは1-4型（HPIV1-4）をそれぞれ検出することとし、全13項目につい

てウイルス遺伝子を検出した。

検体から High Pure Viral RNA Kit (Roche) または Maxwell® RSC Viral Total Nucleic Acid Purification Kit (Promega) を使用して RNA 及び DNA を抽出し、Prime Script RT Master Mix (Takara Bio) により cDNA を作製した。

リアルタイム PCR は、TaqMan Fast Advanced Master Mix (Applied Biosystems), プライマー, プローブを混合し、1µL の cDNA を加えて計 10µL の反応系とした。検査対象ウイルスおよびプライマー, プローブの最終濃度を表 1 に示す。測

95°C, 20 秒の後に 95°C, 3 秒と 58°C, 30 秒を 45 サイクルとした。

エンテロウイルスについては、CODEHOP-snPCR による VP1 領域または VP4-VP2 領域の遺伝子検出を行った<sup>9)</sup>。目的とする増幅産物が確認されたものについてダイレクトシーケンシングで塩基配列を決定し、BLAST 検索により型別を行うこととした。

### III 結果

表 1 リアルタイムPCRの対象ウイルスとプライマー・プローブ

ウイルス (ターゲット)	オリゴ名	塩基配列、5' → 3'	終濃度 (µM)	文献
FluA(H1pdm09) (HA遺伝子)	NIID-swH1 TMPPrimer-F1	AGAAAAGAATGTAACAGTAACACACTCTGT	0.9	(1)
	NIID-swH1 TMPPrimer-R1	TGTTCCACAATGTARGACCAT	0.9	(1)
	NIID-pdmH1 Probe1(2023)	(FAM)CAGCCAGCAATRTTRCATTACC(MGB)	0.3	(2)
	NIID-pdmH1 Probe2(2023)	(FAM)CAKCCAGCAATGTTACATTGACC(MGB)	0.2	(1)
FluB系統 (NS遺伝子)	NIID-TypeB TMPPrimer-F1	GGAGCAACCAATGCCAC	0.9	(1)改変
	NIID-TypeB TMPPrimer-R1	GTKTAGCGGTCTTGACCAG	0.9	
	NIID-TypeB_Probe2	(VIC)ATAAACTTYGAAGCAGGAAT(MGB)	0.25	
SARS-CoV-2 (N遺伝子)	NIID_2019-nCoV_N_F2	AAATTTTGGGGACCAGGAAC	0.9	(3)改変
	NIID_2019-nCoV_N_R2	TGGCAGCTGTGTAGGTCAAC	0.9	
	NIID_2019-nCoV_N_P2	(NED)ATGTCGCGCATTGGCATGGA(MGB)	0.25	
FluH3 (HA遺伝子)	NIID-H3 TMPPrimer-F1	CTATTGGACAATAGTAAACCGGGRGA	0.9	(1)
	NIID-H3 TMPPrimer-R1	GTCATTGGGRATGCTTCCATTTGG	0.9	
	NIID-H3-Probe1	(FAM)AAGTAACCCCKAGGAGCAATTAG(MGB)	0.25	
HPIV-3 (HN遺伝子)	HPIV-3 F	ATGGACATGGCATAATGTGCTAT	0.9	(4)改変
	HPIV-3 R	AATGCTYCCCTGTGGGATTGAG	0.9	
	HPIV-3 Probe	(NED)TCCCATGGCATTTCATTGTTTCTGGTCT(MGB)	0.25	
HPIV-4 (Nucleoprotein)	HPIV-4 AB F	CAAAYGATCCACAGCAAAGATTC	0.9	(4)
	HPIV-4 AB R	ATGTGGCCTGTAAGGAAAGCA	0.9	
	HPIV-4 AB Probe	(VIC)GTATCATCATCTGCCAAAT(MGB)	0.25	
RSV (M遺伝子)	Pan-RSV Forward Primer	GGCAAATATGGAAACATACGTGAA	0.9	(5)
	Pan-RSV Reverse Primer	TCTTTTTCTAGGACATTGTAYTGAACAG	0.9	
	Pan-RSV Probe	(FAM)CTGTGTATGTGGAGCCTTCGTGAAGCT(BHQ1)	0.25	
HPIV-1 (HN遺伝子)	HPIV-1 F	CCATCCTTTTTCTGCAATGTATCC	0.9	(4)改変
	HPIV-1 R	ATTGCAAACACTCTGATTAACATTGG	0.9	
	HPIV-1 Probe	(VIC)CGGTGGCTTAACAACCTCCGCTCCAAGG(MGB)	0.25	
HPIV-2 (HN遺伝子)	HPIV-2 F	GGACGCCTAAATATGGACCTCTC	0.9	(4)改変
	HPIV-2 R	GTGAGTGTAAACCAATGGGTCT	0.9	
	HPIV-2 Probe	(NED)CCCAGCTTTATCCCTCAGCAACATCTCCC(MGB)	0.25	
HRV (5'UTR)	Irons S(Forward Primer)	GCACTTCTGTTTCCCC	0.9	(6)
	EntA(Reverse Primer)	GCAATCAGGGGCGGAG	0.9	
	RV-TYPE-C Probe	(FAM)CCTGCGTGGCTGCC(MGB)	0.25	
hMPV (N遺伝子)	hMPV-N+35	CATAYAARCATGCTATATATAAAGAGTCTCA	0.9	(7)改変
	hMPV-N-197	CCTATYTCWGCAGCATATTTGARTCAG	0.9	
	hMPV-N95	(VIC)CAACHGCAGTRACCCYTCATATTRCA(MGB)	0.25	
HAdV (Hexon)	HAdV F	GCCACGGTGGGTTTCTAAACTT	0.9	(8)改変
	HAdV R	GCCCCAGTGGTCTTACATGCACATC	0.9	
	HAdV Probe	(NED)TGCACCAGACCCGGGCTCAGGTACTCCGA(MGB)	0.25	

定には、Quant Studio 3 (Thermofisher Scientific) を用い、

週毎の検体数、ウイルス 13 項目の陽性数および検出率を表

2に示した。検体数は、準備期間である第8週から第14週までは週約20-30検体で推移していたが、ARIサーベイランスが開始され、定点医療機関が変更となった第15週以降は毎週約50-60検体に増加した。ただしゴールデンウィーク期間である第18週および第19週は減少した。705検体中379検体(53.8%)からウイルス遺伝子が検出された。ウイルス13項目の週毎の検出率は41.1%から76.9%で推移した。

**表2 山形県のARIサーベイランスにおけるウイルス13項目の検出割合(2025年第8-26週)**

週	検体数	陽性数	検出率(%)
8	17	9	52.9
9	29	14	48.3
10	28	14	50.0
11	20	13	65.0
12	19	13	68.4
13	21	13	61.9
14	20	13	65.0
15	48	26	54.2
16	46	31	67.4
17	56	23	41.1
18	26	20	76.9
19	8	5	62.5
20	57	30	52.6
21	48	31	64.6
22	50	24	48.0
23	51	22	43.1
24	52	26	50.0
25	60	31	51.7
26	49	21	42.9
合計	705	379	53.8

各ウイルスの検出状況を表3に示した。最も多く検出されたウイルスはHRV(185検体, 26.2%)であり、次いでHPIV-3(91検体, 12.9%), hMPV(50検体, 7.1%), HPIV-4(36検体, 5.1%), RSV(33検体, 4.7%), HAdV(22検体, 3.1%), FluAH1pdm09(14検体, 2.0%), SARS-CoV-2(11検体, 1.6%), FluAH3(8検体, 1.1%), FluB(7検体, 1.0%), HPIV-1(2検体, 0.3%), HPIV-2(1検体, 0.1%)であった。重複検出の状況を表4に示した。705検体のうちウイルスが重複して検出された検体は54検体(7.7%)であった。その

うち2種の重複検出は49検体(7%), 3種の重複検出は5検体(0.7%)であり、HRVとの重複例が46検体と最も多かった。

ピーク時の週毎の検出率が25%を超えたHRV, hMPV, HPIV-3の検出状況を図に示した。HRVは第9,13週を除き、全期間を通じ10%以上の検出率を示した。特に第14週から第26週は第15週を除き検出率20%以上を示し、ピーク時の検出率は46.2%(第18週)であった。hMPVは第8週から第14週まで検出率が10%以上であり、第9週(34.5%)にピークを示した。HPIV-3は第8週, 第11週, 第14週から第21週, 第23週で検出率10%以上であった。特に第17,18週を除く第15週から第21週までは検出率20%以上であり、ピークを示した第15週, 第19週, 第21週の検出率は25.0%であった。

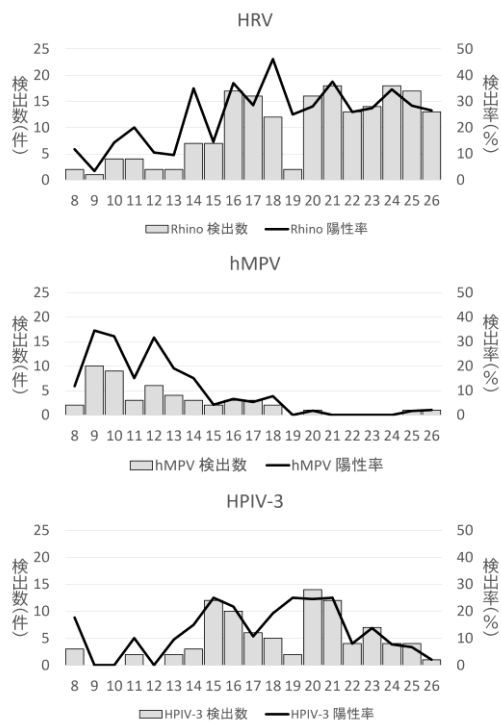
その他の検出ウイルスで週毎の検出率が10%を超えたウイルスは、FluAH1pdm09(第11週15.0%, 第12週15.8%), RSV(第9週10.3%, 第10週14.3%), HPIV-4(第19週12.5%, 第22週16.0%, 第24週11.5%, 第25週10.5%), HAdV(第11週10.0%)であった。

**表4 山形県のARIサーベイランスにおける重複感染の状況(2025年第8-26週)**

検出ウイルス		検体数
2種重複	HRV HPIV-3	14
	HRV RSV	8
	HRV HPIV-4	7
	HRV hMPV	6
	HRV HAdV	3
	HRV SARS-CoV-2	2
	HPIV-4 HAdV	2
	HPIV-4 FluB	1
	HPIV-4 SARS-CoV-2	1
	HPIV-4 RSV	1
	HPIV-4 HPIV-1	1
	HRV FluAH1pdm09	1
	RSV SARS-CoV-2	1
	hMPV HAdV	1
3種重複	HRV HPIV-3 HAdV	2
	HRV HPIV-3 HPIV-4	1
	HRV HPIV-4 HAdV	1
	HRV HPIV-4 RSV	1

**IV 考察**

本報告では、山形県のARIサーベイランスにおいて2025



#### HPIV-3の検出数および検出率 (2025年 第8-26週)

年第8週から第26週に採取された検体の遺伝子検査によるウイルス検出状況を報告した。この結果から、HRVが全調査期間を通じ流行し、hMPVは2月から3月(第8-13週)、HPIV-3は4月から5月(第14-22週)、HPIV-4は6月(第23-26週)に流行したと推察された。

当所の長期にわたる呼吸器ウイルスの疫学研究<sup>10,11)</sup>では、hMPVは春、HPIV-3は春から夏、RSVは秋、インフルエンザA型は冬を中心に流行していることを観察してきたが<sup>11)</sup>、2020年には新型コロナウイルス感染症パンデミックが発生し、流行パターンに大きく影響を与えていたことを報告した<sup>12,13)</sup>。今回の結果からは、hMPVとHPIV-3は新型コロナウイルス感染症パンデミック前の流行パターンに戻りつつあることが示唆された。

ARIサーベイランスの目的である未知の感染症の早期探知においては、陰性率の増加がその指標になると考えられる。しかし、ARIサーベイランス対象病原体以外にも国内流行の報告があるウイルスにはヒトパレコウイルスやヒトコロナウイルス等があるため、その解釈には注意が必要である。また、本調査においては細菌性のARIは検査していない。

長期間にわたるウイルスの流行パターンや季節性を把握することは、疫学研究の基本であり、ウイルス感染症制御を考えるうえで必要な情報である。限られた人員、予算の中で全ての呼吸器ウイルスを網羅することは困難であるが、地域における感染症の流行をとらえることは地方衛生研究所の役割であることから、長期的な視点を持って検査方法や検査体制の在り方等を検討していく必要がある。

#### V 参考文献

- 1) 国立感染症研究所, インフルエンザ診断マニュアル 第5版 <<https://id-info.jihs.go.jp/relevant/manual/010/influenza20230829.pdf>>, 2025年7月9日アクセス
- 2) WHO, WHO information for the molecular detection of influenza viruses <[https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/molecular-detection-of-influenza-viruses/protocols\\_influenza\\_virus\\_detection\\_2024.pdf?sfvrsn=df7d268a\\_8](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/molecular-detection-of-influenza-viruses/protocols_influenza_virus_detection_2024.pdf?sfvrsn=df7d268a_8)>, 2025年7月9日アクセス
- 3) 国立感染症研究所, 病原体検出マニュアル 2019-nCoV Ver.2.9.1 令和2年3月19日 <<https://id-info.jihs.go.jp/relevant/manual/010/2019-CoV20200319.pdf>>, 2025年7月9日アクセス
- 4) Kaida A, Kubo H, Takakura K, et al. Associations between co-detected respiratory viruses in children with acute respiratory infections. *Jpn J Infect Dis.* 2014; 67:469-75.
- 5) 国立感染症研究所, 病原体検出マニュアル, ヒトオルソニューモウイルス(RSウイルス) 令和5年8月改定 第4.0版 <<https://id-info.jihs.go.jp/relevant/manual/010/RSVirus20230807.pdf>>, 2025年7月9日アクセス
- 6) Sikazwe CT, Chidlow GR, Imrie A, et al. Reliable quantification of rhinovirus species C using real-time PCR. *J Virol Methods.* 2016; 235:65-72.
- 7) Matsuzaki Y, Takashita E, Okamoto M, et al. Evaluation of a new rapid antigen test using immunochromatography for detection of

- human metapneumovirus in comparison with real-time PCR assay. J Clin Microbiol. 2009; 47: 2981-84.
- 8) Heim A, Ebnet C, Harste G, et al. Rapid and quantitative detection of human adenovirus DNA by real-time PCR. J Med Virol. 2003; 70:228-39.
- roepidemiology in Yamagata, Japan, between 1999 and 2018. Jpn J Infect Dis 2019 ; 72 : 211-223.
- 9) W Allan Nix W. A., Oberste M S, Pallansch M A Sensitive, seminested PCR amplification of VP1 sequences for direct identification of all enterovirus serotypes from original clinical specimens. J Clin Microbiol. 2006 ;44:2698-704.
- 10) Mizuta K, Tanaka W, Komabayashi K, et al. : Longitudinal epidemiology of viral infectious diseases combining virus isolation, antigenic analysis, and phylogenetic analysis as well as seroepidemiology in Yamagata, Japan, between 1999 and 2018. Jpn J Infect Dis 2019 ; 72 : 211-223.
- 11) Mizuta K, Abiko C, Aoki Y, et al. : Seasonal patterns of respiratory syncytial virus, influenza A virus, human metapneumovirus, and parainfluenza type 3 infections on the basis of virus isolation data between 2004 and 2011 in Yamagata, Japan. Jpn J Infect Dis 2013 ; 66 : 140-145.
- 12) 佐々木美香, 駒林賢一, 池田陽子ら. 2021年の山形県における感染症発生動向調査のウイルス検出状況. 山形県衛生研究所報. 2022.55 : 7-10.
- 13) 水田克巳, 小川直美, 駒林賢一ら. COVID-19の呼吸器ウイルス感染症への影響—特にRS・インフルエンザA型・季節性コロナウイルス・メタニューモウイルス・パラインフルエンザ3型の季節性に注目して—. 臨床とウイルス. 2023 : 51 : 270-2.

表3 山形県の急性呼吸器感染症サーベイランスにおける呼吸器ウイルス検出状況 (2025 年第8-26 週)

ウイルス	週	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	合計
FluA/H1pdm09	検出数	0	2	0	3	3	2	0	2	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	14
	陽性率	0.0	6.9	0.0	15.0	15.8	9.5	0.0	4.2	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0
FluA/H3	検出数	1	1	0	1	0	2	0	0	2	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	8
	陽性率	5.9	3.4	0.0	5.0	0.0	9.5	0.0	0.0	4.3	0.0	0.0	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.1
FluB	検出数	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	2	0	0	7
	陽性率	0.0	0.0	0.0	0.0	5.3	4.8	0.0	0.0	0.0	0.0	3.8	0.0	0.0	2.1	0.0	2.0	3.8	0.0	0.0	1.0
SARS-CoV-2	検出数	1	0	0	0	1	0	1	3	0	1	1	0	3	0	0	0	0	0	0	11
	陽性率	5.9	0.0	0.0	0.0	5.3	0.0	5.0	6.3	0.0	1.8	3.8	0.0	5.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.6
RSV	検出数	0	3	4	0	0	1	0	3	2	3	0	0	3	3	0	2	4	3	2	33
	陽性率	0.0	10.3	14.3	0.0	0.0	4.8	0.0	6.3	4.3	5.4	0.0	0.0	5.3	6.3	0.0	3.9	7.7	5.0	4.1	4.7
HPiV-1	検出数	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2
	陽性率	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	2.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.3
HPiV-2	検出数	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
	陽性率	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	1.7	0.0	0.1
HPiV-3	検出数	3	0	0	2	0	2	3	12	10	6	5	2	14	12	4	7	4	4	1	91
	陽性率	17.6	0.0	0.0	10.0	0.0	9.5	15.0	25.0	21.7	10.7	19.2	25.0	24.6	25.0	8.0	13.7	7.7	6.7	2.0	12.9
HPiV-4	検出数	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	2	3	8	2	6	6	4	36
	陽性率	0.0	3.4	0.0	0.0	5.3	0.0	0.0	2.1	0.0	0.0	3.8	12.5	3.5	6.3	16.0	3.9	11.5	10.0	8.2	5.1
hMPV	検出数	2	10	9	3	6	4	3	2	3	3	2	0	1	0	0	0	0	1	1	50
	陽性率	11.8	34.5	32.1	15.0	31.6	19.0	15.0	4.2	6.5	5.4	7.7	0.0	1.8	0.0	0.0	0.0	0.0	1.7	2.0	7.1
HAdV	検出数	0	0	2	2	1	0	0	0	1	0	1	0	4	0	3	1	1	3	3	22
	陽性率	0.0	0.0	7.1	10.0	5.3	0.0	0.0	0.0	2.2	0.0	3.8	0.0	7.0	0.0	6.0	2.0	1.9	5.0	6.1	3.1
HRV	検出数	2	1	4	4	2	2	7	7	17	16	12	2	16	18	13	14	18	17	13	185
	陽性率	11.8	3.4	14.3	20.0	10.5	9.5	35.0	14.6	37.0	28.6	46.2	25.0	28.1	37.5	26.0	27.5	34.6	28.3	26.5	26.2
EV	検出数	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	陽性率	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0