厚生労働行政推進調査事業費(新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業)
分担研究報告書

2024/2025 シーズンの大阪府におけるインフルエンザの流行について

森川佐依子、中田恵子、大塚真紀（大阪健康安全基盤研究所　ウイルス課）
加瀬哲男　　（大阪公立大学大学院医学研究科　公衆衛生学）

【研究要旨】

大阪府内におけるインフルエンザの流行状況を詳細に解析し、ワクチンの有効性を低下させる原因である、臨床的または迅速診断キット使用の結果インフルエンザと診断されたがインフルエンザウイルスが陰性だった検体について原因となるウイルスを検索した。

感染症発生動向調査事業病原体定点において、インフルエンザ患者から採取された上気道由来検体を用い、MDCK 細胞を用いたウイルス分離、リアルタイム RT-PCR による遺伝子検出を実施した。分離された AH1pdm 亜型、AH3 亜型、B 型 Victoria 系統のインフルエンザウイルス株の一部について、HA 遺伝子全長の塩基配列を解析し、ワクチン株との比較、流行時期との関連について検討した。インフルエンザウイルスが検出されなかった検体については、インフルエンザ様疾患の病原体検索を実施した。

大阪府内における 2024/2025 シーズンのインフルエンザの流行は、2024 年第 46 週に定点あたりの患者数が 1.97 となり、インフルエンザ流行期入りの目安となる「定点あたりの患者数」が 1 を超えた。第 48 週より患者数は急激に増加し、第 51 週に定点あたり患者数は 45.75 となり、警報レベル開始基準値である 30 を超えた。翌第 52 週にピークの 66.27 となった後、年末年始休暇と重なったこともあり、患者数は速やかに減少したが、定点あたりの患者数が 1 を下回ったのは 2025 年第 15 週であった。過去 10 年間の流行と比較すると、本シーズンのようにピーク時の患者数が 50 を超えたシーズンはなかったが、各シーズン第 36 週から翌年第 15 週までの患者数合計は 5 番目であった。本シーズンは AH1pdm09 亜型が主流行となったシーズンであり、2025 年第 4 週以降は AH3 亜型と B 型 Victoria 系統の検出が増加したが大きな流行とはならなかった。

インフルエンザウイルス分離株の HA 遺伝子の系統樹解析の結果、いずれの亜型、系統も全国データと同様に複数のクレードに分かれた。また、分離株の一部について抗インフルエンザ薬に対する耐性変異の有無を調査したが、いずれの薬剤においても耐性株は検出されなかった。

インフルエンザ指定提出機関にてインフルエンザと診断された患者から採取された検体であったが、当課での検査の結果、季節性インフルエンザウイルスが検出されなかったものが 13 検体(5.6%)あった。その内の 2 検体はリアルタイム PCR 法にてエンテロウイルス／ライノウイルス共通領域が陽性となり、いずれもライノウイルスが検出された。また他の 1 検体からはヒトメタニューモウイルスが検出された。

A. 研究目的

年間を通じインフルエンザウイルスの検出、分離・型別、さらに、インフルエンザ以外のウイルス性呼吸器疾患の紛れ込みの検出を行うとともに、分離されたインフルエンザウイルスについては HA 遺伝子の系統樹解析によるワクチン株と流行株の差異について解析し、インフルエンザワクチンの有効性評価に資するデータを得ることを目的とした。

B. 研究方法

1. インフルエンザ定点サーベイランス

大阪府内の流行状況の把握には、大阪府感染症情報センターから発出される患者情報、定点あたり患者数を用いた。警報レベル、流行期入りの目安についても同センターの基準値に従った[1)]。

2. インフルエンザ病原体サーベイランス

インフルエンザ指定提出機関にて採取された上気道由来検体を対象とした。2024/2025 シーズンのうち、2024 年第 36 週（9 月 4 日～9 月 10 日）から 2025 年第 35 週（8 月 25 日～8 月 31 日）までに採取され、大阪健康安全基盤研究所ウイルス課に搬入された 253 検体についてインフルエンザウイルスの分離培養および遺伝子検出を行った。

2025 年第 15 週（4 月 7 日～4 月 13 日）からは、感染症発生動向調査事業内容の変更に伴い、インフルエンザサーベイランスではなく、急性呼吸器感染症（ARI）サーベイランスとなったため、ARI 指定提出機関から搬入された検体に対し多項目遺伝子検査を実施後、インフルエンザ A 型または B 型が陽性となった検体についてウイルス分離および亜型・系統型別を実施した。

3. インフルエンザウイルスの遺伝子検出

搬入された上気道由来検体の 200μL を核酸抽出に供した。抽出した核酸はインフルエンザ診断マニュアル [2] に従いリアルタイム RT-PCR（reverse transcription- polymerase chain reaction）法によるインフルエンザウイルス遺伝子の検出を行った。

ARI サーベイランス開始以降は多項目遺伝子検査に供した RNA の残余検体から亜型、系統型別を実施した。

4. インフルエンザウイルスの分離培養と分離株の薬剤耐性変異の検出

24 ウェルプレートに単層培養した MDCK AX-4 細胞に上気道由来検体を接種後、1 週間細胞変性効果 cytopathic effect （CPE）を観察した。MDCK AX-4 細胞は東京大学医科学研究所　河岡教授より分与されたものを使用した [3]。

CPE が観察された場合、培養上清を回収し、型別に供した。CPE が観察されない場合は盲継代を行い、2 代目で CPE が観察されない場合は分離陰性とした。

CPE が陽性であった培養上清は、リアルタイム RT-PCR 法によるウイルス遺伝子の検出を行うことで型、HA 亜型または B 型の場合は系統を決定した [2]。

研究期間中に分離された株の一部については、国立感染症研究所マニュアルの薬剤耐性変異株検出法 [2]に従い、AH1pdm09 亜型については One-step RT-PCR 法による NA 阻害剤耐性変異株の検出を実施した。さらに AH1pdm09 亜型を含めた各型を対象にポリメラーゼ A（PA）遺伝子の部分塩基配列を決定し、キャップ依存性エンドヌクレアーゼ阻害剤であるバロキサビルマルボキシル（商品名ゾフルーザ）の耐性遺伝子変異を検索した。

5.インフルエンザウイルス分離株の HA 遺伝子系統樹解析

一部の分離株については、HA 遺伝子の全長の塩基配列を決定し [2]、インフルエンザウイルス遺伝子データベース GISAID （Global Initiative on Sharing All Influenza Data）[4]から入手した過去数シーズン、および次シーズンのワクチン株とともに最尤法による系統樹解析を行った。解析に供した株は流行期において検体採取日が偏らないよう分離株を選択した。系統樹上のクレード、サブクレードの区別については全国データを参考とした。

本報告では当課からの国立感染症研究所への分与株に対し、詳細な解析後に還元された塩基配列データ、AH1pdm09 亜型 5 株、AH3 亜型 3 株、B 型 Victoria 系統 3 株分（A/OSAKA/〇〇/〇〇〇〇と大阪のアルファベット表記が全て大文字として区別）を系統樹解析に供した（2025 年 5 月 2 日までの還元データ、非公開）。

6.インフルエンザウイルス陰性検体からのその他の呼吸器ウイルスの検出

ARI サーベイランス体制が整備され、診断名がインフルエンザである臨床検体の搬入は 2025 年第 14 週までで終了となった。

従って、本結果については 2025 年第 14 週までのデータとなる。

インフルエンザウイルスの検出が陰性であった検体については、リアルタイム PCR 法による呼吸器ウイルスの検出を行った [5]。エンテロウイルス（EV）およびライノウイルス（RV）は共通領域を検出するため、陽性となった場合は、VP4-2 領域に対する semi-nested RT-PCR 法を行い、増幅産物のダイレクトシーケンスにて遺伝子配列を決定し、BLAST（Basic Local Alignment Search Tool）にて型別を行った [6]。

（倫理面への配慮）

本報告の一部は、地方独立行政法人大阪健康安全基盤研究所倫理審査委員会の承認を得て（承認番号 1402-02-5）、「人を対象とする医学系研究に関する倫理指針」を順守して実施したものである。

C. 研究結果

1. インフルエンザ定点サーベイランス、病原体サーベイランスに基づく大阪府内のインフルエンザ流行状況とインフルエンザウイルス検出結果

2024/2025 シーズンにおいては、シーズン当初の 2024 年第 36 週にインフルエンザ患者の検体搬入が増加し、A 型 H1pdm09 亜型が複数検出された。その後、第 39 週からは少数ながらも H1pdm09 亜型が検出されていた。第 46 週に定点あたりの患者数が 1.97 となり、インフルエンザ流行期入りの目安となる「定点あたりの患者数」が 1 を超えた後は、第 48 週より患者数が急激に増加し、第 51 週に定点あたり患者数は 45.75 となり、警報レベル開始基準値である 30 を超えた。翌第 52 週にピークの 66.27 となった後、年末年始休暇と重なったこともあり、患者数は速やかに減少したが、定点あたりの患者数が 1 を下回ったのは 2025 年第 15 週であった。過去 10 年間の流行と比較し、本シーズンを除きピーク時の患者数が 50 を超えたシーズンはなく、ピーク時の患者数は最多であったが、各シーズンの第 36 週から翌年の第 15 週までの患者数合計の比較では 5 番目であった [1]（図 1）。

2024 年第 36 週～2025 年第 35 週までに採取され、当所に搬入された 253 検体に対してインフルエンザウイルスの検出を実施した。シーズン当初より少数ではあるが断続的に検体搬入が続いていた。

期間中に検出されたインフルエンザウイルスの亜型・系統は、165 検体が AH1pdm09 亜型、39 検体が AH3 亜型、35 検体が B 型 Victoria 系統であったことから、今シーズンは AH1pdm09 亜型が主流行となったシーズンだったことが明らかとなった。2025 年第 4 週以降は AH3 亜型と B 型 Victoria 系統の検出が増加したが大きな流行とはならなかった。このうち 1 検体のみであるが、医療機関での迅速検査では A 型陽性との情報記載のあった検体から AH3 亜型と B 型 Victoria 系統の両方が検出された。研究期間中に B 型 Yamagata 系統は検出されなかった（図 1）。

2. インフルエンザウイルスの分離培養結果と薬剤耐性変異検出

全ての検体を MDCK AX-4 細胞に接種し、AH1pdm09 亜型 63 株、AH3 亜型 33 株、B Victoria 系統 17 株が得られた。亜型別の分離率は、AH1pdm09 亜型 37.9%、AH3 亜型 84.6%、B Victoria 系統 55.8%と AH1pdm09 亜型の分離率が低く、40%を下回った。

分離株のうち、AH1pdm09 亜型 53 株について NA 阻害剤耐性変異の検出を実施した。また、AH1pdm09 亜型 53 株、AH3 亜型 32 株 B 型 Victoria 系統 19 株についてキャップ依存性エンドヌクレアーゼ阻害剤に対する耐性遺伝子変異の検出を実施した。いずれについても検出に用いた全ての分離株において各薬剤に対する耐性変異は見られなかった。

3. インフルエンザウイルス分離株の HA 遺伝子系統樹解析

国内における分離株の遺伝子系統樹解析の結果については、国立感染症研究所公表の Nextclade 定義の命名法によるクレードの記載法に従った [7,8]。各亜型、系統におけるクレード表記と各クレードに共通するアミノ酸変異については表 1 にまとめた。国立感染症研究所からの還元データを除いた AH1pdm09 亜型 47 株、AH3 亜型 20 株、B Victoria 系統 9 株について HA 遺伝子のほぼ全長の塩基配列を決定した。

AH1pdm09 亜型については、2024/2025 シーズンの分離株は、ほとんどがサブクレード C.1.9 の中に形成されたクラスターである、アミノ酸変異 S83P と I510T を共通に有する C.1.9.3 に属する結果となった（図 2）。その他としては 2 株が D.3 に属し、1 株が C.1.9 に属した。

AH3 亜型について、2024/2025 シーズン後半に流行した分離株は、全てがサブクレード J.2 に属し、さらに共通のアミノ酸変異 T65K と S124N を有する J.2.2 に細分化された。J.2.2 に属する株の中でもさらに I160K の変異があるクラスター、I214T、V347M、I529S 変異を持つクラスター、S145N 変異を有するクラスターに分かれた（図３）。

B 型 Victoria 系統については昨シーズン、今シーズンと 2 シーズン続けて検出が見られたため、系統樹解析を実施した。Victoria 系統については、昨シーズンから大きな変化はなく、サブクレード C.5

に全ての株が属した。最多となったサブクレードC5.1のうちでも、E128Kを持つ一部のクラスターに5株、128番目のアミノ酸変異を持たないクラスターに2株が分岐しており、同位置のアミノ酸変異E128Gを持つ別のサブクラスター、C.5.7に1株、E128D、D129Nを持つC.5.6に1株が属する結果となった。

4. インフルエンザウイルス以外の呼吸器ウイルスの検出

2024/2025シーズン流行期において、臨床症状からインフルエンザと診断されたが、その患者から採取された上気道由来検体からインフルエンザウイルスが検出されなかった検体は13検体（5.6%）であった。依頼書に記載のあった医療機関での迅速診断キットでの診断結果は、A型インフルエンザ陽性6検体、B型インフルエンザ陽性が4検体、マルチプレックスPCR法（ロシュダイアグノスティックス社　コバス）にて同じくB型インフルエンザ陽性が1検体、キット実施・抗インフルエンザ薬処方の記載からA型、B型いずれかのインフルエンザが陽性と考えられたキット陽性例1検体、キット実施状況不明が1検体であった。

この13検体のうちで、リアルタイムPCR法にて他の呼吸器ウイルスが検出されたのは3検体で、キット実施状況の記載はA型インフルエンザ陽性1検体、B型インフルエンザ陽性1検体、キット陽性例1検体であった（表2）。2検体は型別を実施した結果、2検体ともライノウイルスが検出され、それぞれC群ライノウイルス12型、B群ライノウイルス6型であった。キット陽性例1検体からはヒトメタニューモウイルスが検出された（表2、2025年第14週までの結果）。

D. 考察

大阪府内における2024/2025シーズンのインフルエンザの流行は、前シーズンのように流行期が長期間に及ぶことはなかった[9]が、ピーク時の定点あたり患者数は60を超え、過去10シーズンと比較しても急激な患者数の増加が見られたシーズンとなった。AH1pdm09亜型がピークを形成し、患者数の減少した2025年の第4週以降、AH3亜型とB型Victoria系統が散見された。2023/2024シーズンはAH1pdm09亜型、AH3亜型、B型Victoria系統が同程度検出されたが、その前の2022/2023シーズンはAH3亜型の単独流行であり、AH1pdm09亜型に対する感受性者は多く存在したと考えられ、感染者数の増加につながったと考えられた[10]。

当課にインフルエンザ指定提出機関から搬入される検体は、迅速診断キットでインフルエンザ陽性であった患者由来のものが多く、迅速診断結果が表記されていない検体も含めた2024/2025シーズンの253検体に対するインフルエンザウイルスの検出率は94.9%と高値であった。しかしながら、搬入検体のウイルス分離率は48.1%（インフルエンザ陰性検体を含む）と半数以下であった。新型コロナウイルス感染症の流行以降、2022/2023シーズンの分離率も53.1%と低値であり、理由として、近年、医療機関にて測定機器による抗原定量法やマルチプレックスPCR法の導入による診断例が増加し、界面活性剤を含む前処理用の残液検体が散見されるようになったことが考察された[10]。今回、亜型による分離率に大きく違いがあることより、前処理残液の搬入に加え、細胞表面のレセプターに対するウイルスの感受性の差も考えられた。また、亜型ごとのウイルス排出量の差についてはA型の両亜型では差がなく、B型Yamagata系統はA型に比較して排出量は低いという報告がある[11]。うがい液からの分離率が低い原因として、希釈によるウイルス濃度の低下に加えて、近年の流行ウイルスでは亜型ごとの感染者のウイルス排出量の差等が存在し、分離率に影響している可能性も今後は検討しなければならない。

国内における遺伝子系統樹解析の結果については、国立感染症研究所から還元されている（非公表還元データ）。それによると、AH1pdm09亜型ウイルスの分離株については、2024年10月から2025年1月までの解析結果が還元されており、大部分がクレードC.1の中のサブクレードC.1.9に属し、その半数近くがさらに細分化された共通のアミノ酸変異S83P、I510Tを有するC.1.9.3のサブクレードに属し、また、少数はサブクレードC.1.1の中のT216Aを有するDに属していたことが報告されている。AH1pdm09亜型について、昨シーズンの本研究でのサブクレードごとの検出割合はD.2 (73.2%)、C.1.1 (4.9%)、C.1 (7.3%)、C.1.9 (9.8%)、C.1.8 (2.4%)であり、全国データと比較し、C.1.9に属する株が多いことを報告した[9]。サブクレードC.1.9に属した4株のうち、3株はシーズン終盤

の 2024 年 4、5 月に分離された株であったため、サブクレード C.1.9 に属する株が次シーズンに向けての主流となるか注目してきた[9]。2024/2025 シーズンの大阪府内の分離株についても、47 株中の 44 株（93.6%）がサブクレード C.1.9 の中に形成されたクラスターである C.1.9.3 に属する結果となった（図 2）。その他としては 2 株（4.3%）が D.3 に属し、1 株（2.1%）が C.1.9 に属した。

2024 年 10 月から 2025 年 1 月までの AH3 亜型の流行株は世界的にもアミノ酸変異 N122D, K276E を持つ J.2 が主流である。さらに J.2 内の J2.2、J2.1 の新たなサブクレードに一部が属している（非公開還元データ）。本研究では、AH3 亜型について 2023/2024 シーズン冬期となってからはサブクレード J.2 に属する N122D, K276E 変異を有する株が分離されるようになっており、今後このクレードからの派生株が主流となることが推測されていた。AH3 亜型は 2024/2025 シーズン後半に検出されたが（図 1）、分離株は解析した 20 株全てがサブクレード J.2 に属し、さらに共通のアミノ酸変異 T65K と S124N 有する J.2.2 に 13 株（65%）が細分化された。J.2.2 に属する株の中でもさらに I160K の変異があるクラスターに 5 株（25%）、I214T、V347M、I529S 変異を持つクラスターに 4 株（20%）、S145N 変異と有するクラスターに 2 株（10%）と分岐が進んでおり、今後はこれらの分岐に属する株が流行するのか、J.2.2 以外のサブクレードから流行株が出現するか注目される（図 3）。シーズン終盤に当たる 8 月に分離された AH3 亜型の 1 株より、サブクレード J.2.4 から派生したサブクレード K に属する株が 1 株検出された。2025 年夏期の南半球ではサブクレード J.2.4 が急速に増加していると報告されており、現在 2025/2026 シーズンに入って分離されている AH3 亜型株の解析を進めている。

B 型 Victoria 系統については世界的にはクレード C.5 のうちアミノ酸変異 E183K を有するサブクレード C.5.1、D129N を有する C.5.6、E128G、E183K を有する C.5.7 が主流となっている[7]。2024/2025 シーズンの後半から検出されたこともあり、研究期間内での分離株は 2 月と 3 月に採取された 9 株と少数であったが、C.5.1 に 7 株（77.8%）、C.5.6、C.5.7 に各 1 株（11.1%）が属した。128 番目のアミノ酸であるグルタミン（E）については、複数のサブクレードで共通の変異を持つクラスターが確認されている。サブクレード C.5.7 では E からグリシン（G）へ、サブクレード C.5.1 に属する一部の株でも E よりリジン（K）への変異を有するクラスター、C.5.6 でもアスパラギン酸（D）への変異を持つクラスターが確認されており、大阪府での分離株も同変異を持つ株が検出されている（図 4）。現在、B 型 Victoria 系統のウイルスでは、HA タンパクの同位置に何らかの選択圧がかかっている可能性が高く、今後 128 番目のアミノ酸 E からの変異を持つ株が主流行株となってくることが予想された。

WHO のワクチン推奨株選定会議における北半球での 2024/2025 シーズンの流行株の解析の結果では、次シーズン 2025/2026 のワクチン推奨株は、AH3 亜型が変更となり、クレード J.2 に属する A/Croatia/10136RV/2023 となった[12]。一方、AH1pdm09 亜型および B 型 Victoria 系統については北半球での流行株解析も抗原性に大きな変異はなく、2023/2024 シーズンの推奨株である A/Victoria/4897/2022、B/Austria/1359417/2021 から 3 シーズン連続で変更がなかった[7, 12]。

2024/2025 シーズンの流行は AH1pdm09 亜型が主流行であり、特に大きな流行とならなかった AH3 亜型、B 型 Victoria 系統については感染機会のなかった感受性個体は多く存在すると考えられ、次シーズンも流行前のワクチン接種が重要と考えられた。

分離されたインフルエンザウイルスの一部について、抗インフルエンザ薬に対する耐性遺伝子変異の検出を行った。大阪府内における第 13 週までのインフルエンザウイルス分離株では耐性遺伝子変異は検出されなかったが、2025 年 5 月 9 日に更新時の全国データを見ると、バロキサビルマルボキシルの耐性遺伝子変異は AH1pdm09 亜型の 669 株のうち愛知県と岡山県からの 1 株ずつ（0.3%）、AH3 亜型 125 株のうち国立感染症研究所からの 2 株（1.6%）で検出されており、いずれも薬剤投与例からの検出であったと報告されている[13]。NA 遺伝子のノイラミニダーゼ阻害薬の耐性変異については AH1pdm09 亜型の 1684 株のうち、青森県、山形県、茨城県、さいたま市、横浜市の衛生研究所から報告された合計 11 株（0.7%）でオセルタミビルとペラミビルに対して耐性変異株と判定された。そのうちの 6 株がいずれも薬剤未投与例より検出されている[13]。抗インフルエンザウイルス

薬の使用状況に影響されるが、昨年度もこれらの薬剤に対して耐性遺伝子変異が見つかっているものの、耐性株が優位を占める状況とはならなかった。これはウイルスが薬剤の作用部位に変異を獲得することで野生株に比較して増殖力が低下するため[14]と考えられるが、バロキサビルマルボキシルについては耐性株の増殖能が野生株と変わらないとのデータもあるため[15]、今後耐性変異を有しながら、増殖能も高い変異を獲得する株が出現するのか、引き続きのモニタリングが必要である。

2024/2025 のインフルエンザシーズンにおいて、インフルエンザと診断されたがインフルエンザウイルスの分離、遺伝子検出のいずれもが陰性であった検体に付されたインフルエンザの迅速診断キットの結果は、未記載の 1 例を除き全てキット陽性であり、当課での検出結果との不一致が見られた。一般的にインフルエンザが流行していない時期の迅速診断キットの陽性的中率は低いことが知られている[16]。2025 年度以降は COVID-19 を含む ARI サーベイランス体制が整備され、2025 年第 15 週からは診断名 ARI として搬入された検体に対し当課 SOP に基づき多項目検査を実施し、A または B 型インフルエンザが陽性となった検体について、亜型、系統の判別を実施している。サーベイランス体制の変更により、インフルエンザの流行期における他の呼吸器ウイルスの検出状況が明らかとなり、本研究で実施してきた検出ウイルスとの関連が注目される。

E. 結論

2024/2025 シーズンは、AH1pdm09 亜型が主となり、ピーク時の定点あたり患者数は 60 を超え、過去 10 シーズンと比較しても急激な患者数の増加が見られたシーズンであった。ピーク後に AH3 亜型および B 型 Victoria 系統が少数検出された。従って、AH3 亜型および B 型 Victoria 系統については、感染機会がなかった感受性個体は多く存在すると考えられ、次シーズンも流行前のワクチン接種が重要と考えられた。

参考文献

1） 大阪府感染症情報センター. インフルエンザ関連情報. http://www.iph.pref.osaka.jp/infection/influ/shingata.html

2） 国立感染症研究所. リアルタイム RT-PCR(TaqMan Probe 法)による同定. インフルエンザ診断マニュアル(第 5 版)令和 5 年. 25-30.

3） Hatakeyama S, Sakai-Tagawa Y, Kiso M, Goto H, Kawakami C, Mitamura K, Sugaya N, Suzuki Y, Kawaoka Y. Enhanced expression of an α2,6-linked sialic acid on MDCK cells improves isolation of human influenza viruses and evaluation of their sensitivity to a neuraminidase inhibitor. *J Clin Microbiol* 2005; **43:** 4139-4146. GISAID (The Global Initiative on Sharing All Influeza Data). Epi Flu ™ http://platform.gisaid.org/epi3/frontend#79b98

4） Morikawa S, Hiroi S, Kase T. Detection of respiratory viruses in gargle specimens of healthy children. *J Clin Virol* 2015; **64**: 59-63.

5） Ishiko H, Shimada Y, Yonaha M, Hashimoto O, Hayashi A, Sakae K, Takeda N. Molecular diagnosis of human enteroviruses by phylogeny-based classification by use of the VP4 sequence. *J Infect Dis* 2002; **185**: 744-754.

6） 国立健康危機管理研究機構. 感染症情報提供サイト. 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 （2024 年 12 月 24 日）. https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/idss/inful/antigen-phylogeny/2024_1/index.html

7） Nextstrain https://clades.nextstrain.org

8） 森川佐依子，大塚真紀，阿部仁一郎. 大阪府内における 2023/2024 シーズンのインフルエンザ流行状況. *大阪健康安全基盤研究所 研究年報* 2024; **8**: 26-35.

9） 森川佐依子，廣井聡，阿部仁一郎，森治代. 大阪府内における 2022/2023 シーズンのインフルエンザ流行状況. *大阪健康安全基盤研究所研究年報* 2023; **7**: 25-33.

10） Mukai E, Fukushima W, Morikawa S, Nakata K, Hiroi S, Fujioka M, Matsushita T, Kubota M, Yagi Y, Takechi T, Takasaki Y, Shindo S, Yamashita Y, Yokoyama T, Kiyomatsu Y, Matsumoto K, Maeda A, Kondo K, Ito K, Kase T, Ohfiji S, Hirota Y. No association between inactivated influenza vaccination and influenza viral load at diagnosis among young Japanese

children: An observational study of the 2013/2014 through 2017/2018 influenza seasons. *Influenza Other Respir Viruses* 2023; 17 (10) : e13213
11） WHO. Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2024-2025 northern hemisphere influenza season. https://www.who.int/publications/m/item/recommended-composition-of-influenza-virus-vaccines-for-use-in-the-2024-2025-northern-hemisphere-influenza-season
12） 国立健康危機管理研究機構. 感染症情報提供サイト. 抗インフルエンザ薬耐性株サーベイランス 2025 年 5 月 9 日 https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/idss/inful/report/index.html
13） Duan S, Boltz DA, Seiler P, Li J, Bragstad K, Nielsen LP, Webby RJ, Webster RG, GovorkovaEA. Oseltamivir–Resistant Pandemic H1N1/2009 Influenza Virus Possesses Lower Transmissibility and Fitness in Ferrets. *PLoS Pathog* 2010; **6**(7): e1001022.
14） Imai M, Yamashita M, Sasaki-Tagawa Y, Iwatsuki-Horimoto K, Kiso M, Murakami J, Yasuhara A, Takada K, Ito M, Nakajima N, Takahashi K, Lopes TJS, Dutta J, Khan Z, Kriti D, Bakel H, Tokita A, Hagiwara H, Izumida N, Kuroki H, Nishio T, Wada N, Koga M, Adachi E, Jubishi D, Hasegawa H, Kawaoka Y. Influenza A variants with redused susceptibility to baloxavir isolated from Japanese patients are fit and transmit through respiratory droplets. *Nat Microbiol* 2020; **5**(1): 27-33
15） CDC (Centers for Disease Prevention and Control). Information for healthcare providers on interpretation of influenza testing results when virus are not during influenza season. https://www.cdc.gov/flu/hcp/testing-methods/algorithm-results-not-circulating.html

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

該当なし

2. 学会発表

該当なし

H. 知的所有権の取得状況

1. 特許の取得

該当なし

2. 実用新案登録

なし

3. その他

なし

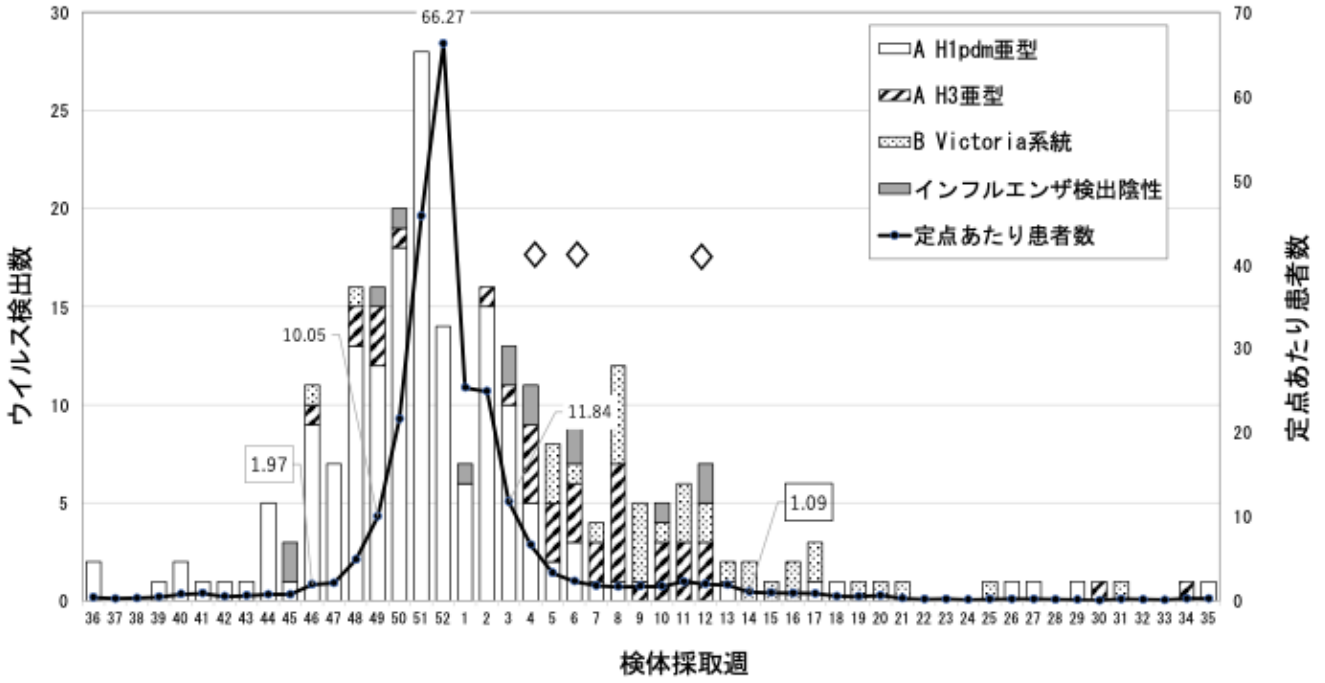


図1. 2024年第36週～2025年第35週のインフルエンザウイルス検出状況と定点あたり患者数の推移
各週の棒グラフ上の◇は、当該週にインフルエンザウイルス（Flu）陰性であった検体1検体につき、インフルエンザウイルス以外の呼吸器ウイルスが検出されたことを示す。 検出ウイルス種については表2に掲載。

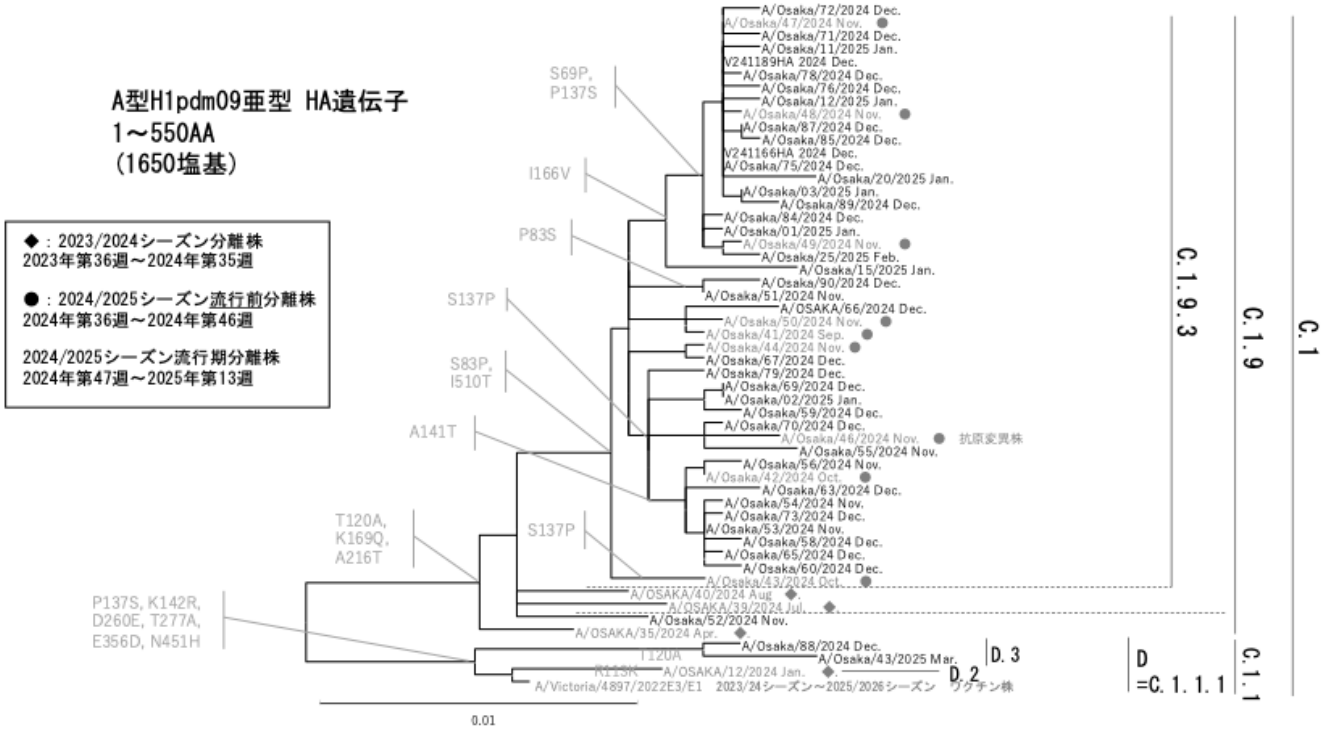


図2 2024/2025シーズンAH1pdm09亜型大阪府分離株のHA全長の遺伝子系統樹解析
国立感染症研究所への分与株の還元シーケンスデータは A/OSAKA/表記、当課でのシーケンスデータはOsaka表記とした。前シーズンの分離株名（2023年9月～2024年8月）は◆、2024/2025シーズン早期（2023年9月～10月）は●、例年の流行期にあたる（2023年11月～2024年4月）はマ無印で表示した。各クレードの分岐点には、クレードごとに共通の特徴的なアミノ酸変異を灰色にて示した。

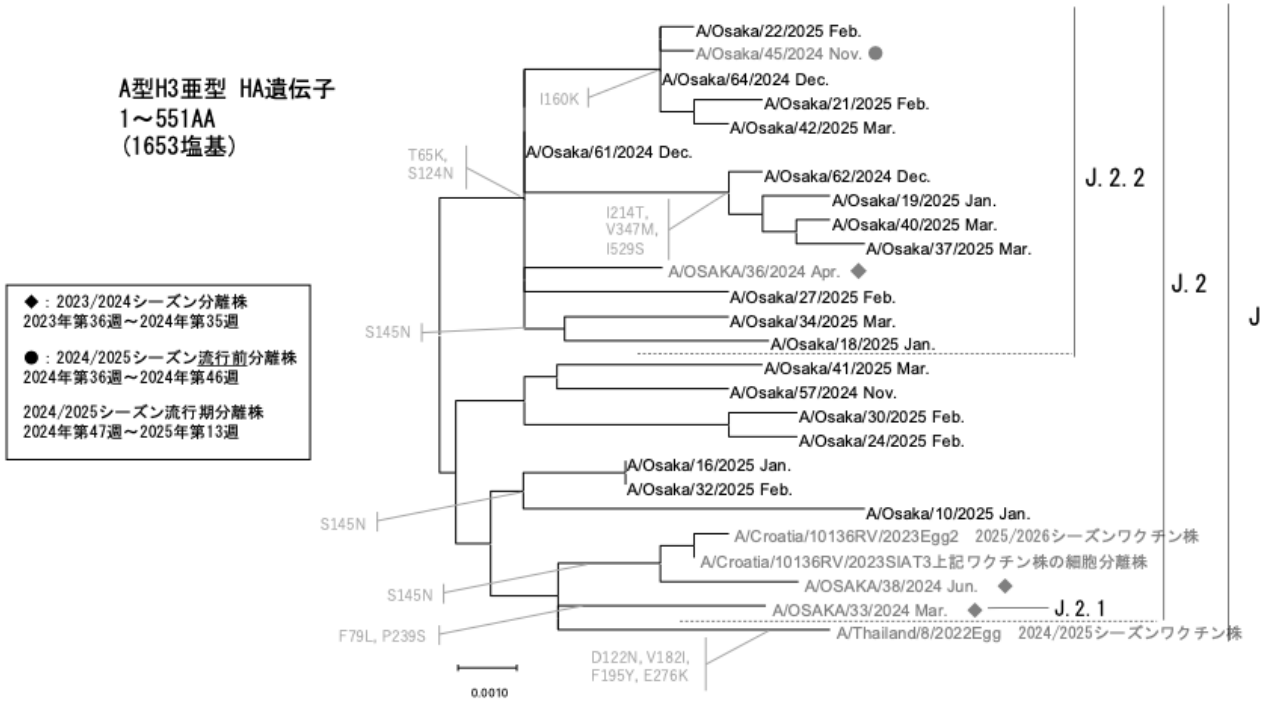


図3　2024/2025シーズンAH3亜型　大阪府分離株のHA全長の遺伝子系統樹解析
各表記、表示は図２と同様

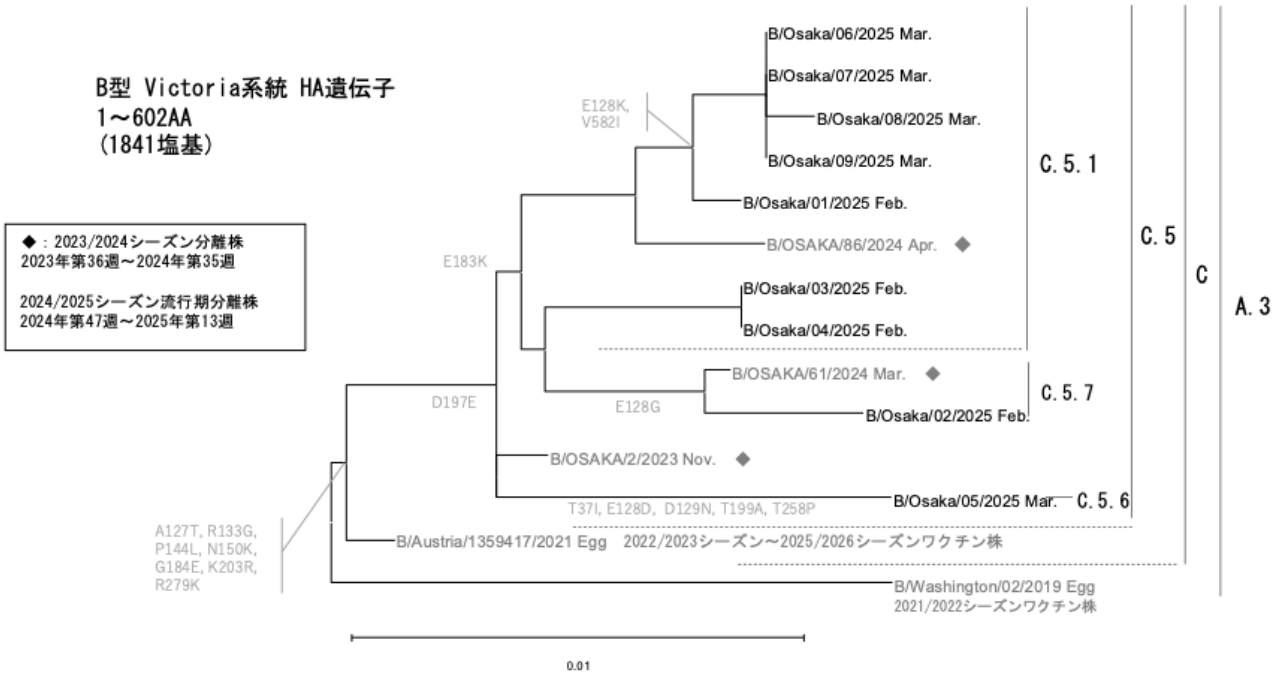


図4　2024/2025シーズンB型Victoria系統　大阪府分離株のHA全長の遺伝子系統樹解析
各表記、表示は図2と同様

表1　インフルエンザウイルスHAタンパクにおける　サブクレードごとの共通アミノ酸変異

AH1pdm01亜型

クレード名	サブクレード名		共通するアミノ酸変異
C.1	C.1.1		P137S、K142R、E224A、D260E、T277A、E356D、I418V、N451H
		D(C.1.1.1)	T216A
		D.1	R45K
		D.2	R113K
		D.3	T120A、I372V
	C.1.9		T120A、K169Q
		C.1.9.3	S83P、 I510T

AH3亜型

クレード名	サブクレード名		共通するアミノ酸変異
G	G.1	J (G.1.3.1.1)	I140K、I223V
		J.1	I25V、V347M
		J.2	N122D、K276E
		J.2.1	F79L、P239S
		J.2.2	S124N

B型 Victoria系統

クレード名	サブクレード名		共通するアミノ酸変異
A.3			△162-164、K136E
	C		A127T、P144L、K203R
		C.5	D197E
		C.5.1	E183K
		C.5.6	D129N
		C.5.7	E183K、E128G

表2　インフルエンザウイルス陰性検体からの呼吸器ウイルス検出状況と迅速診断キット情報

検体採取週		検出ウイルス（医療機関報告による迅速診断キットの結果）
2025年	第4週	ヒトメタニューモウイルス（「インフルエンザ陽性」の記載のみ）
	第6週	C群ライノウイルス12型（B型インフルエンザ陽性）
	第12週	B群ライノウイルス6型（A型インフルエンザ陽性）