



NewsLetter

自治医科大学 地域医療オープン・ラボ

2020
Nov
特別号

A 型肝炎感染様式の変遷 (汚染水系感染から性行為感染へ)

自治医科大学内科学講座 消化器内科学部門 渡邊俊司講師(茨城24期卒業)、三浦光一准教授(秋田15期卒業)らは、ウイルスの遺伝子配列をFull-genome解析することで、MSM間のA型肝炎ウイルスの世界的な流行感染の一端を解明しました。今回、その研究成果が*Hepatology Research*誌に掲載され、日本肝臓学会の研究奨励賞に選出されましたので、渡邊氏に研究の意義と経緯を伺いました。

論文タイトル：Full-genome characterization of the RIVM-HAV16-090-like hepatitis A virus strains recovered from Japanese men who have sex with men, with sporadic acute hepatitis A.

論文著者：Watanabe S, Morimoto N, Miura K, Takaoka Y, Nomoto H, Tsukui M, Isoda N, Ohnishi H, Nagashima S, Takahashi M, Okamoto H, and Yamamoto H.

掲載雑誌：Hepatology Research 2019; 49: 521-530

<https://doi.org/10.1111/hepr.13313>

Q1. A 型肝炎が性行為によって感染するというのはどういうことですか？

A型肝炎は、世界的には発展途上国を中心に年間150万人の感染者が報告されていますが、衛生環境の整った日本では、年間100-150人程度の報告であり、比較的まれな感染症になりました。ウイルスに汚染された魚介類の経口摂取で感染することが、医学書でも定番となっている事実です。実際、私たちも学生や研修医を指導する際にも、そのように教えてきました。

一方で、ヨーロッパや北米などの地域では、MSM (Man who sex with man : 男性と性的接触をもつ男性) 間での感染が問題視されています。1970年代にスウェーデンで報告されて以来、性的接触による感染流行が2001-2003年のオランダ、2005-2009年のスペイン、2008-2009年のイタリアで報告されました。これは、男性同性愛者間でのオーラルセックスによると考えられています。

当時から、日本でもMSM間での感染報告はあったものの5例程度と少数でした。近年、アジア地域では2015年の台湾での1000人以上の大流行がみられ、MSMによるA型肝炎感染拡大は、より身近なものとなりつつありました。

Q2. 今回の研究のきっかけを教えてください。

2018年2月にHIV感染合併のA型肝炎症例を経験しました。HIVとA型肝炎の合併例は少なく、症例報告を検討していましたが、その後立て続けに同様の症例が来院しました。都市部を中心としたA型肝炎の小流行は報告されていましたが、栃木県のような田舎での感染者増加と関連しているとは思いませんでした。それでも各症例で感染経路についての詳細な病歴聴取の結果、都内でのMSM間性的接触のエピソードに行き着きました。

また、当院ウイルス学教室の先生方のご協力により、それらのA型肝炎ウイルスが、世界のMSM間で流行しているA型肝炎ウイルス“Euro Pride株”と同一であることが判明しました。

ちなみに、“Euro Pride”は1992年から毎年開催されている同性愛者の祭典で、参加者は10万人とも100万人とも言われています。2020年はアムステルダムでの開催予定でしたが、COVID-19のため中止になったとのこと・・・。

Q3. 研究で苦労したことはありますか？

感染経路の特定に際しては、その病歴聴取が大変重要です。食物の摂取歴や海外渡航歴は通常の病歴聴取で十分な情報を得ることが可能です。一方で性的接触歴は、とても繊細な情報であります。単刀直入に聞く方法もありますが、医師患者関係の破綻にも繋がりがかねない質問であり、十分な注意が必要です。今回の3症例はいずれもHIV感染が合併しており、比較的質問もしやすい(?)状況であり、詳細な病歴確認が可能でしたが、それでもプライバシーへの配慮などが重要でした。昨今、時代の変化とともにLGBTについての認知も進んでいるとはいえ、いまだ性的接触歴の聴取に難渋することも多く、重要な病歴を確認できない場面も起こりうると思っています。筆者は、「感染経路特定の重要性」、「症状がなくとも感染が拡大する可能性」、「他の感染症に、感染してしまう(感染させてしまう)可能性」、など事前に十分な説明をした上で、sexual historyについての質問をするように心がけています。

Q4. 今回の研究の意義を教えてください。

今回、ウイルスの遺伝子配列をFull-genome解析することで、世界各国から報告されるMSM間のA型肝炎ウイルスの部分配列とも“完全に一致”し、世界的な流行感染の一端を解明することができました。2016年にアムステルダムで開催された“EuroPride”を契機に報告されたA型肝炎は、その後イギリス、フランス、オーストリア、アメリカ合衆国、イタリア、イスラエル、タイと世界各国に伝播し、今回我々が報告した、日本国内でのMSM間での流行に繋がっています。(図)

日々の診療の一症例が、世界的に流行しているウイルスによる感染の一端であることが判明し、改めて、症例を深く掘り下げて評価することの重要性を再認識できました。これからも、症例一人ひとりを注意深く観察し、診療を続けていきたいと思っています。

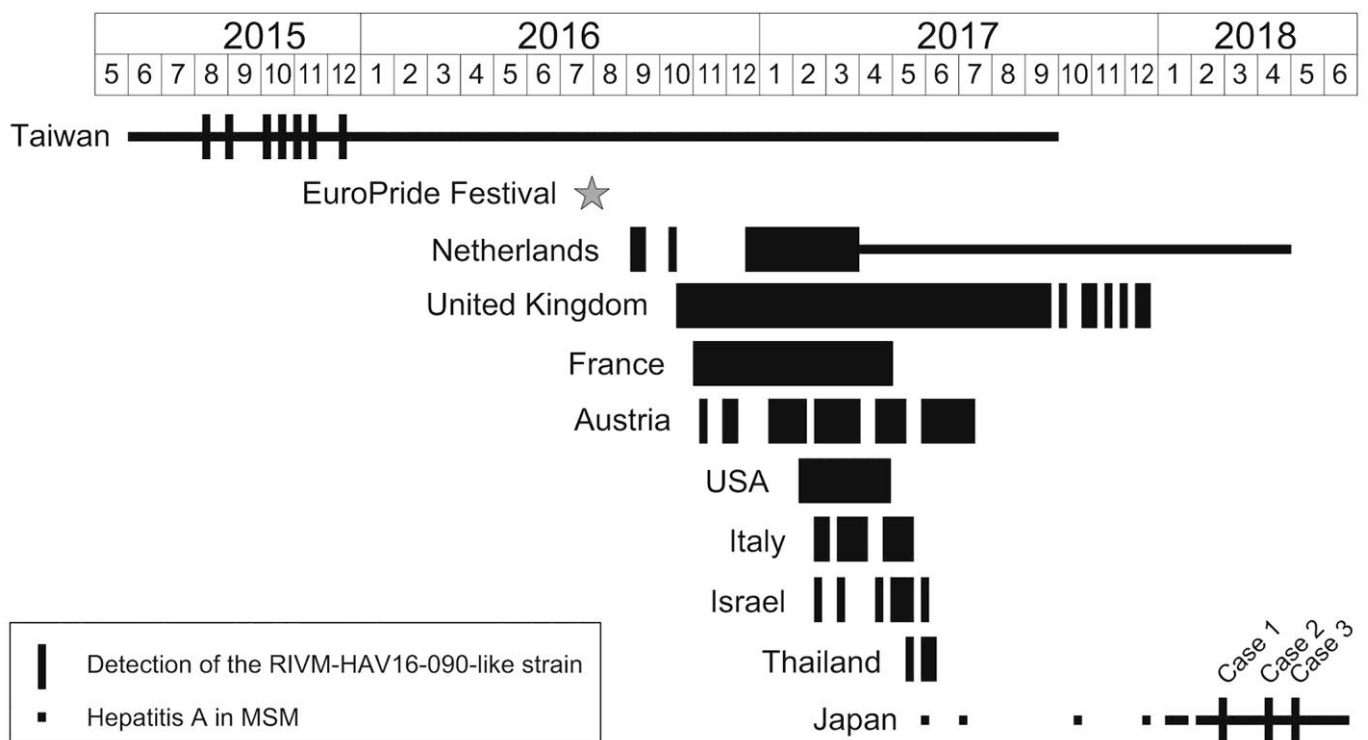


図) 各国における、MSMでのA型肝炎症例。報告時期の推移