

東京都世田谷区における新型コロナウイルス感染症の 家庭内感染率と家庭内伝播に関わる要因

—従来株およびB.1.1.7系統（アルファ株）流行期の積極的疫学調査より—

カドワキ ムツミ ヤスオカ ケイコ タカハシ チカ ムコヤマ ハルコ
門脇 睦美*1 安岡 圭子*2 高橋 千香*3 向山 晴子*4
キガワ ミカ シラヤマ ヨシヒサ ユアサ モトユキ
城川 美佳*5 白山 芳久*6 湯浅 資之*7

目的 東京都世田谷区における新型コロナウイルス感染症の積極的疫学調査から明らかになった主な感染経路は家庭内感染であった。本研究では、これまで報告がない東京都内の家庭内感染率と家庭内感染の発生に関わる要因を明らかにすることを目的とした。

方法 感染症法に基づいて実施された新型コロナウイルス感染症患者に対する積極的疫学調査で収集されたデータを用いた。従来株流行期である2020年12月とB.1.1.7系統（アルファ株）の流行期である2021年5月の初発患者から同居家族への家庭内感染率を算出した。また、初発患者の属性別の感染率とリスク比を算出し、年代別感染率と発症から診断までの日数について多変量解析を行った。

結果 初発患者における家庭内への感染率は従来株流行期が31.1%、アルファ株流行期は36.6%であった。初発患者の属性と家庭内感染の発生状況では、初発患者の年代、発症から診断までの日数、診断時の症状の有無、世帯人数、療養場所、流行株が家庭内感染の発生の有無と関連していた。多変量解析による結果からは、初発患者の年代では0～19歳に対して65歳以上でリスク比が1.59（95%信頼区間：1.19-2.14）、発症から診断まで2日以内に対して3日以降でリスク比が1.52（95%信頼区間：1.30-1.77）で、それぞれ独立して家庭内感染の発生と関連していた。

結論 世田谷区の積極的疫学調査より、家庭内の初発患者が同居者に感染させる割合は、従来株31.1%、アルファ株36.6%であった。家庭内感染を起こした感染源群から同居家族への感染率が高い関連要因としては、感染源が65歳以上の高齢者であること、患者の発症から診断までの遅れが関連していた。

キーワード 新型コロナウイルス感染症, SARS-CoV-2, 家庭内感染, 積極的疫学調査, B.1.1.7系統（アルファ株）

I 緒 言

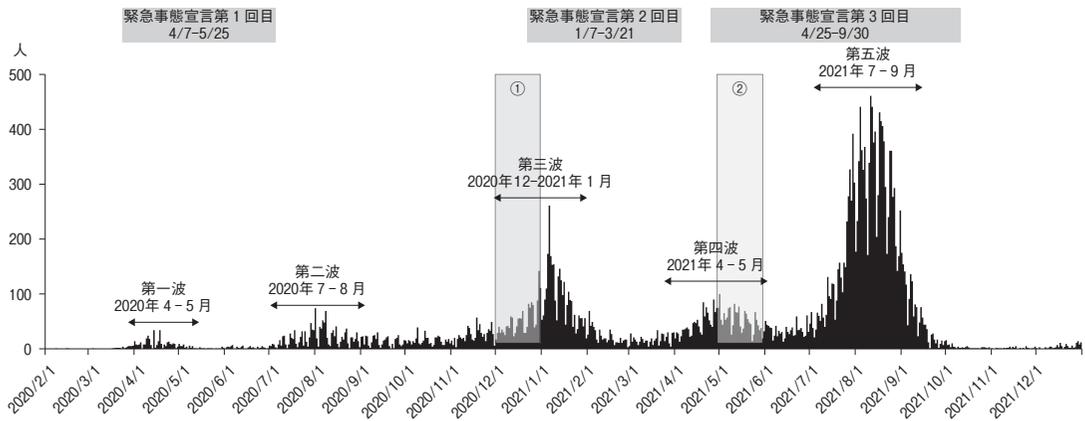
日本国内における新型コロナウイルス感染症の流行は、2020年1月の1例目からオミクロン株流行以前の2021年12月末までで約173万人の患者が発生し、そのうち東京都、大阪府、愛知県、神奈川県といった都心部の患者数が約半数

を占めている¹⁾。新型コロナウイルス感染症の流行は都市部の感染が地方に波及する特性を持っており、都市部の感染封じ込めは国内の感染抑制に寄与するものである。

世田谷区は東京都区部南西部に位置し、人口約93万人、世帯数約48万世帯で、東京都内人口の6～7%を占める最大の人口規模の自治体で

*1 順天堂大学大学院医学研究科グローバルヘルスリサーチ研究室研究生
*2 東京都保健医療局保健政策部調整担当課長 *3 世田谷区世田谷保健所感染症対策課課長 *4 同所長
*5 神奈川県立保健福祉大学大学院保健福祉研究科准教授
*6 順天堂大学国際教養学部・大学院医学研究科グローバルヘルスリサーチ研究室准教授 *7 同教授

図1 世田谷区内の1日別陽性者発生推移(2020年2月~2021年12月)



注 ①2020年12月1日~12月31日 従来株流行期の対象者抽出期間, ②2021年5月1日~5月31日 アルファ株流行期の対象者抽出期間

ある²⁾。世田谷区における新型コロナウイルス感染症の患者発生状況は2020年2月に第1例目を確認後、2021年12月末までで28,604人発生し³⁾、同時期の東京都内の患者累計数の約10%を占め、全国的な流行と同様の波を繰り返している(図1)。

保健所では医療機関からの発生届出後、直ちに「感染症の予防及び感染症患者に対する医療に関する法律(感染症法)」に基づく積極的疫学調査を実施した。そして、患者の感染源の推定と濃厚接触者の把握を行い、管理することで次なる感染の連鎖を抑え、感染を収束させる対策をとってきた⁴⁾。世田谷保健所が実施した積極的疫学調査から明らかになった推定感染経路は、感染源不明を除くと約半数が家庭内感染であり、家庭内で子どもから高齢者までの全世代に感染が拡大している状況がある⁵⁾。家庭内は感染リスクが高い環境であり、家庭内の感染伝播を調査することは新型コロナウイルス(SARS-CoV-2)の伝播力と家庭内のリスクを評価する上で重要である⁶⁾⁷⁾。国内における家庭内感染率に関する先行研究では、地方都市における家庭内二次感染率が報告されているか^{8)~13)}、国内最大の感染規模となっている東京都内における考察はない。また、家庭内感染に係る要因については、家庭内の接触者を対象とした「感染の受けやすさ」に着目しており^{8)~11)}感染源を対象に「感染させやすさ」を検討した

文献は乏しい。

そこで本研究では、同居者がいる患者のうち、同居家族に感染をさせた割合を算出するとともに、家庭内感染を引き起こした感染源群の要因について分析した。

Ⅱ 方法

(1) 対象者抽出

厚生労働省が開発した新型コロナウイルス感染症等情報把握・管理支援システム(HER-SYS: Health Center Real-time Information-sharing System on COVID-19)から、世田谷区に登録された患者のうち①2020年12月に登録された1,691人と、②2021年5月に登録された1,594人を抽出した。2020年12月は新型コロナウイルス感染症の流行開始後、従来株の流行が最も急拡大した第三波開始時期で、2021年5月は首都圏の流行株がB.1.1.7系統(アルファ株)に9割以上が置き変わった¹⁴⁾とされる第四波の時期である(図1)。

次に①および②について、疑似症例と同居者のいない単身者(①531人, ②494人)を除外し、同居者がいる者を抽出した。その際、寮や入所施設、シェアハウスなどで生活している者(①96人, ②89人)は、同室者の有無や共有部分が施設によって異なるため除外した。また、②についてはワクチン既接種者とその家族(8人)

もワクチンによる影響を除外するため除いた。残った①1,064人、②1,003人を同住所地(世帯)で分け、同じ世帯の中で最も発症日が早い者とその家庭内の初発患者とし、初発患者以降に新型コロナウイルス

感染症と診断された者を家庭内感染者(被感染者)とした。また、HER-SYSからは抽出できない感染を受けていない同居家族(非感染者)について調査票より情報を追加収集し(①1,162人、②954人)、同居家族がいても感染状況が不明であった者(①31人、②35人)を除外した。なお、ここでいう同居家族とは同世帯(=家族)ではなくても、生活空間を共有し、家族同様に生活を共にしている同居者と定義した。

以上の工程より、①748世帯2,195人、②661世帯1,922人を集計し、初発患者1,409人と同居家族2,708人に分けた。そして、初発患者のうち家庭内感染を起こした感染源群①233人、②242人と家庭内感染を起こさなかった非感染源群①515人、②419人、同居家族についても感染を受けた被感染者①300人、②348人と感染を受けなかった非感染者①1,147人、②913人に分類した(図2)。

(2) データ収集および解析

集計したデータはID化し、個人情報 を秘匿した。家庭内感染率は、流行株ごとに初発患者数全体を分母とし、同居家族へ感染を認めた者を分子として算出した。次に、初発患者の属性別の家庭内感染率を同様に計算し、リスク比を算出した。年代ならびに発症から診断までの日数と家庭内感染との関連については、性別、症状の有無、世帯人数、流行株を共変量とした口

図2 抽出図

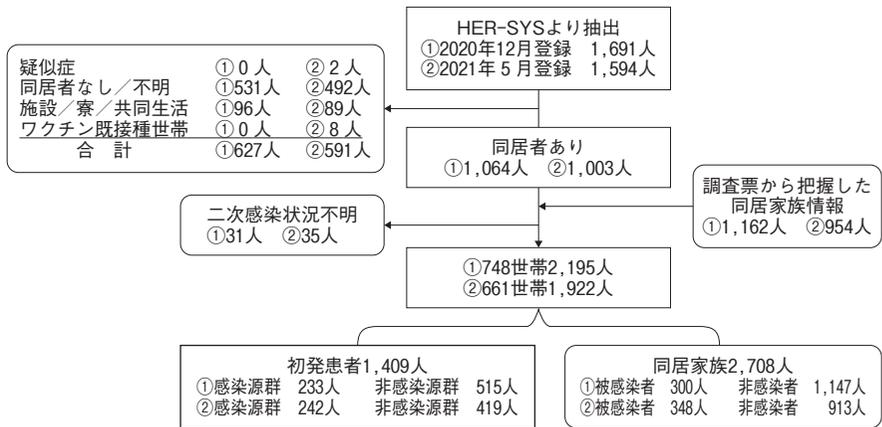


表1 初発患者から同居家族への感染率

	対象者数 (人)	同居家族への感染あり(人)	感染率 (%)
①従来株	748	233	31.1
②アルファ株	661	242	36.6

バスト標準誤差を用いた修正ポアソン回帰分析¹⁰⁾¹⁵⁾を実施した。統計分析はSTATA ver.17(株Light Stone)を用い、有意水準はP<0.05とした。

(3) 倫理的配慮

新型コロナウイルス感染症患者への積極的疫学調査は、感染症法15条に基づいて感染症のまん延防止を目的として実施されている。研究実施にあたっては世田谷区個人情報公開・審議会に報告を行った。また、研究の目的を含む研究実施について区役所掲示板に掲示し、住民に周知を行うことで対象者に拒否できる機会を保障した。研究実施にあたって順天堂大学国際教養学部倫理審査委員会で承諾を得ている(順大第0016号2022年9月29日)。

Ⅲ 結 果

初発患者の中で同居家族へ感染をさせた割合(家庭内感染率)は、①従来株流行期(2020年12月)は31.1%(233/748人)、②アルファ株流行期(2021年5月)は36.6%(242/661人)

であった(表1)。

初発患者の属性と家庭内感染率の発生状況を表2に示した。初発患者の年代、発症から診断までの日数、診断時の症状の有無、世帯人数、療養場所、流行株が家庭内感染の発生の有無と関連していた。家庭内感染ありは、初発患者が高齢であること、発症から診断までの日数が長いこと、診断時の症状ありであったこと、で有意に高くなっていた。初発患者の療養場所は宿泊施設で他の場所よりも家庭内感染率が低く、またアルファ株流行期において家庭内感染率が高くなっていた。

多変量解析を行った結果を表3に示す。初発患者の年代は0～19歳に対して65歳以上でリスク比が1.59(95%信頼区間：1.19-2.14)、発症から診断までの日数は2日以内に対して3日以降でリスク比が1.52(95%信頼区間：1.30-1.77)であり、それぞれ独立して家庭内感染の発生と強く関連していた。

IV 考 察

本研究は、大都市圏にある東京都世田谷区の家庭内感染率とその要因について、感染源となった患者のデータをもとに分析した。新型コロナウイルス感染症と診断された人のうち、他の人に感染させているのは2割と報告されているが¹⁶⁾⁻¹⁸⁾、世田谷区の家庭内感染において、従来株では感染源群の31.1%、アルファ株では36.6%が同居家族に感染させていた。これらは家庭内が感染を広げやすい環境であること¹⁹⁾、流行株の変化では、従来株に比べてアルファ株は感染力が高いという報告¹⁰⁾²⁰⁾と同様と考えられた。また、家庭内感染と関連する感染源群の

表2 初発患者の家庭内感染状況

		家庭内感染あり (n = 475)	初発患者合計 (n = 1,409)	感染率 (%)	リスク比 (95%信頼区間)
性別	男	284	869	32.7	1.00(ref)
	女	191	540	35.4	1.08(0.93-1.26)
年代	平均年齢±標準偏差	42.7±17.9	39.6±16.4		
	0～19歳	37	95	38.9	1.00(ref)
	20～64	380	1 207	31.5	0.81(0.62-1.05)
	65歳以上	58	107	54.2	1.39(1.02-1.89)
発症から診断までの日数	平均日数±標準偏差	4.1±3.1	3.4±2.7		
	0～1日	73	339	21.5	1.00(ref)
	2～3	182	564	32.3	1.50(1.18-1.90)
	4～5	102	261	39.1	1.81(1.41-2.34)
	6日以上	118	245	48.2	2.24(1.76-2.85)
診断時の症状の有無	無症状	10	81	12.3	1.00(ref)
	症状あり	465	1 328	35.0	2.84(1.58-5.09)
世帯人数	2人世帯	182	626	29.1	1.00(ref)
	3人世帯	137	383	35.8	1.23(1.03-1.48)
	4人世帯	114	315	36.2	1.24(1.03-1.51)
	5人以上世帯	42	85	49.4	1.70(1.33-2.18)
	療養場所	自宅	220	611	36.0
宿泊施設		129	537	24.0	0.67(0.56-0.80)
入院		126	261	48.3	1.34(1.14-1.58)
流行株	従来株	233	748	31.1	1.00(ref)
	アルファ株	242	661	36.6	1.18(1.02-1.36)

表3 初発患者における修正ポアソン回帰分析の結果

初発患者(n = 1,409)		リスク比	95%信頼区間
年代	0～19歳	ref	
	20～64	0.88	0.68-1.14
	65歳以上	1.59	1.19-2.14
発症から診断までの日数	2日以内	ref	
	3日以降	1.52	1.30-1.77

注 性別、症状の有無、世帯人数、流行株を共変量とした。

要因として、初発患者の年代と発症から診断までの日数が関連していることが明らかとなった。初発患者の年代による感染リスクについては、オーストラリアでの研究においても初発患者が高齢者であるほど家庭内感染のリスクが高いことが指摘されている²¹⁾。高齢者はウイルス排出期間が長いことや²²⁾、若年者に比べて家庭内にいる時間が長いといった背景が関連していると考えられた。世田谷区内の新型コロナウイルス感染症による死亡者数は、80歳代が最も多く、次いで90歳代、70歳代の順となっている⁵⁾。若年者よりも周囲への感染率が高く、重症化リスクが高い高齢者の感染を防ぐことは、感染した高齢者の命を守るのみならず、さらなる家庭内

感染を防ぐうえでも重要である。

発症から診断までの日数に着目すると、3日以降のグループは2日以内のグループよりもリスク比は1.52 (95%信頼区間 1.30-1.77) で、より同居家族に感染させやすかった。新型コロナウイルス感染症患者の感染性は発症2日前からあり、感染伝播の44%は発症前に起きているとの報告がある²³⁾一方、平時より体調を観察し、疑われる症状がある場合に早期診断することは、家庭内感染の対策として有効であるといえる。

今後も周期的な流行の発生が見込まれるが、令和5年5月8日からは新型コロナウイルス感染症の類型が二類相当から五類に変更された。このため、検査を受けない患者の増加が考えられる。必要時に検査診断が受けられる診療体制の維持と、高齢者を新型コロナウイルス感染症から守るために、高齢者に接する場合には、手洗いやマスク着用、換気など基本的な感染予防対策を継続すること、感染が疑われる場合には早期診断とともに、家庭内隔離や外出を控えるといった行動をとっていくことが求められる。今後、本調査結果を元により効果的な啓発につなげる必要があると考える。

本件の限界としては、患者の同居家族における受診行動によるバイアスが考えられる。すなわち、同居家族であってもPCR検査を希望しない場合や、PCR検査が検査時期によって陰性となり真の陽性を見込んでいない可能性がある。また、家庭内におけるマスク着用の有無や家屋といった生活環境に関する影響については不明である。

V 結 論

世田谷区の積極的疫学調査より、家庭内の初発患者が同居家族に感染させる割合は、従来株31.1%、アルファ株36.6%であった。家庭内感染を起こした感染源群から同居家族への感染率が高い関連要因としては、感染源が65歳以上の高齢者であること、患者の発症から診断までの遅れが関連していた。

謝辞

本稿の作成にあたり、共に流行の波を乗り越え、ご協力いただきました世田谷保健所感染症対策課の皆様、世田谷区の保健師の皆様に感謝申し上げます。本資料作成にあたり、開示すべきCOIはありません。

文 献

- 1) 厚生労働省. 新型コロナウイルス感染症. 国内の発生状況など. (https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/0000164708_00001.html) 2023.2.4.
- 2) 東京都の統計. (<https://www.toukei.metro.tokyo.lg.jp/jsuikai/js-index2.html>) 2023.3.9.
- 3) 世田谷区. 区内の新型コロナウイルス感染症の検査陽性者数等について. (<https://www.city.setagaya.lg.jp/mokuji/kusei/001/001/004/d00185364.html>) 2022.1.3.
- 4) 国立感染症研究所. 新型コロナウイルス感染症患者に対する積極的疫学調査実施要領 令和3年11月29日改定. (<https://www.niid.go.jp/niid/images/cfeir/covid19/COVID19-02-211129.pdf>) 2023.2.13.
- 5) 世田谷区. 新型コロナウイルス感染症の感染状況および取組みについて. 令和4年2月. (https://www.city.setagaya.lg.jp/mokuji/fukushi/003/005/006/011/017/d00187169_d/fil/soukatsu-220207.pdf) 2022.11.3.
- 6) Zachary J. Madewell, Yang Yang, Ira M. Longini, et al. Household Transmission of SARS-CoV-2 A Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Network Open* 2020 ; 3 (12) : 2031756. doi:10.1001/jamanetworkopen.2020.31756
- 7) 高橋佑紀. 積極的疫学調査からわかった変異株の感染力. *公衆衛生* 2022 ; 86(8) : 722-4
- 8) Kuba Yumani, Shingaki Ayako, Nidaira Minoru, et al. Characteristics of Household Transmission of COVID-19 during Its Outbreak in Okinawa, Japan from February to May 2020. *Japanese Journal of Infectious Disease* 2021 ; 74 : 579-83. (<https://doi.org/10.7883/yoken.JJID.2020.943>)
- 9) Ogata Tsuyoshi, Irie Fujiko, Ogawa Eiko, et al. Secondary Attack Rate among Non-Spousal

- Household Contacts of Coronavirus Disease 2019 in Tsuchiura, Japan, August 2020–February 2021. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 2021 ; 18 : 8921. (<https://doi.org/10.3390/ijerph18178921>)
- 10) Tanaka Hideo, Hirayama Atsushi, Nagai Hitomi, et al. Increased Transmissibility of the SARS-CoV-2 Alpha Variant in a Japanese Population. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 2021 ; 18:7752. (<https://doi.org/10.3390/ijerph18157752>)
- 11) Ogata Tsuyoshi, Tanaka Hideo, Nozawa Yumiko, et al. Increased Secondary Attack Rate among Unvaccinated Household Contacts Coronavirus Disease 2019 Patients with Delta Variant in Japan. *International Journal of Environmental Research and Public Health* 2022 ; 19 : 3889. (<https://doi.org/10.3390/ijerph19073889>)
- 12) Miyahara Reiko, Tsuchiya Naho, Yasuda Ikkoh, et al. Familial Clusters of Coronavirus Disease in 10 Prefectures, Japan, February–May 2020. *Emerging Infectious Disease* 2021 ; 27 (3) : 915–8. doi:10.3201/eid2703.203882.
- 13) Miyahara Reiko, Tamura Kosuke, Otani Kanako, et al. Secondary attack rates of SARS-CoV-2 alpha and delta variants in Japan. *Research Square* 2022. (<https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-142063/v1>)
- 14) Kobayashi Yusuke, Arashiro Takeshi, Otsuka Miyako, et al. Replacement of SARS-CoV-2 strains with variants carrying N501Y and L452R mutations in Japan : an epidemiological surveillance assessment. *Western Pacific Surveillance and Response Journal* 2022 ; 13 : 1–10 doi:10.5365/wpsar.2022.13.3.943
- 15) Guanyong Zou. A Modified Poisson Regression Approach to Prospective Studies with Binary Data *American Journal of Epidemiology* 2004 ; 159 (7) : 702–6 (<https://doi.org/10.1093/aje/kwh090>)
- 16) 厚生労働省. 新型コロナウイルス感染症のいまに関する11の知識 (2023年4月版). (<https://www.mhlw.go.jp/content/000927280.pdf>) 2023.6.20.
- 17) Dillon Adam, Peng Wu, Jessica Wong, et al. Clustering and superspreading potential of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS CoV-2) infections in Hong Kong. *Research Square* 2020. (<https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-29548/v1>)
- 18) Danielle Miller, Michael A. Martin, Noam Harel, et al. Full genome viral sequences inform patterns of SARS-CoV-2 spread into and within Israel. *NATURE COMMUNICATIONS* 2020 ; 11 : 5518 (<https://doi.org/10.1038/s41467-020-19248-0> | www.nature.com/naturecommunications)
- 19) Kolandaswamy Karumanagoundar, Mohankumar Raju, Manickam Ponnaiah, et al. Secondary attack rate of COVID-19 among contacts and risk factors, Tamil Nadu, March–May 2020 : a retrospective cohort study. *BMJ Open* 2021 ; 11 : e051491. doi:10.1136/bmjopen-2021-051491
- 20) Zachary J. Madewell, Yang Yang, Ira M. Longini, Jr, et al. Household Secondary Attack Rates of SARS-CoV-2 by Variant and Vaccination Status An Updated Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Network Open* 2022 ; 5 (4) : e229317. doi:10.1001/jamanetworkopen.2022.9317
- 21) Anna A Sordo, Andrew Dunn, Evangeline RK Gardiner, et al. Household transmission of COVID-19 in 2020 in New South Wales, Australia. *Communicable Diseases Intelligence*. 2022 ; 46 (<https://doi.org/10.33321/cdi.2022.46.16>)
- 22) Hui Long, Jing Zhao, Hao-Long Zeng, et al. Prolonged viral shedding of SARS-CoV-2 and related factors in symptomatic COVID-19 patients : a prospective study. *BMC Infectious Diseases* 2021 ; 21 : 1282 (<https://doi.org/10.1186/s12879-021-07002-w>)
- 23) Xi He, Eric H. Y. Lau, Peng Wu, et al. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19. *Nature Medicine* 2020 ; 26 (5) : 672–5 (<https://doi.org/10.1038/s41591-020-0869-5>)