

## 新興再興感染症と血液製剤の安全性

古田 里佳

新型コロナウイルスの大流行は世界に大被害をもたらしたが、輸血感染症を引き起こさなかった。このパンデミックがこれまでの新興再興感染症と大きく異なっていた点は感染力の強さや変異の速さというウイルス学的側面に加えて、宿主である人間側の科学技術力であった。病原体の高感度検査法は迅速に開発・製品化され、ワクチンや抗ウイルス薬も目を見張る開発スピードで利用可能となった。今回の状況から、今後のパンデミックにおいても同様な対応が期待されている。

近年、ヒト共生微生物について次世代型大量並列シーケンシング (Next Generation Sequencing/Multi-Parallel Sequencing : NGS/MPS) 技術を用い、次々と新規微生物が報告されている。NGS/MPS 技術を用いた解析から、ヒトの種々の臓器・組織の細胞に多様なウイルスが感染している事実も報告され始めている。ウイルス感染症や菌血症の場合を除いては無菌とされていた血漿もそのような組織のひとつであり、健康人の血漿中にはほぼ 100% 何らかのウイルスが循環している。この事実を踏まえ、より安全な血液製剤とは何かを考えてみたい。

キーワード：新興再興感染症、輸血感染症、新型コロナウイルス、plasma virome、メタゲノム解析

### 1. 新興再興感染症が輸血医療に与える影響

新興再興感染症勃発のニュースが出た瞬間に、血液事業に関わるわれわれがまず知りたいのは、その病原体（本稿ではウイルスのみを扱う）が輸血感染症を引き起こすかどうかである。これまでに強毒性鳥インフルエンザウイルスや重症呼吸器症候群コロナウイルス (SARS-CoV)、中東呼吸器症候群コロナウイルス (MERS-CoV) では輸血感染が報告されていない状況から、呼吸器ウイルスは輸血感染しにくいと予想されていた。そして、実際に重症呼吸器症候群コロナウイルス 2 (SARS-CoV-2) 感染による疾患である Coronavirus Diseases 2019 (COVID-19) の多くの症例報告が続く中で、この呼吸器ウイルスも輸血感染を起こさないだろうと米国食品医薬品局 (FDA) が公式に表明し<sup>1)</sup>、血液事業に関わるものとしては胸をなでおろした。一方で、献血者や職員、またそれらの家族の感染により、ドナープールが縮小し、現場で動ける職員数も制限される中、医療機関へ滞りなく必要な血液製剤を供給できたことについては、関連職員の尽力あつてのことである。今回のパンデミックでは、高感度核酸増幅検査 (Nucleic acid amplification test : NAT) が世界の公的公衆衛生組織から迅速に開発・公表され、現在もアップデートが続いており<sup>2)3)</sup>、検査試薬メーカーが開発した全自動

NAT 用検査試薬も各国で緊急承認されたため、流行の早い段階で診断および患者の隔離等が可能であった。また、決定的な抗ウイルス薬は開発されなかったが、予想以上に有効性の高いワクチンが短期間で開発・緊急承認されたおかげで<sup>4)</sup>、感染性・病原性ともに高かった SARS-CoV-2 は幾度も大きな変異と新たな感染波を繰り返しつつも、人類はその都度対応策を講じ、この厄介なウイルスと共存しつつある<sup>5)</sup>。次回、新たなパンデミックが発生した場合も、今回の経験を活かした迅速な対応が期待される。

### 2. 日本赤十字社における SARS-CoV-2 対策

2020 年 1 月、SARS-CoV-2 国内患者発生報告を受け、血液事業本部では献血者や医療機関からの献血後情報によって献血者が献血後に発症または感染者への濃厚接触者であったと判明した場合、対象製剤の出庫を差し止め、既に出庫されていた製剤の回収を行うこととした。そしてこれら製剤の血漿を用いたポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 検査を当初は国立感染症研究所による標準法 (用手法) で、後には全自動 NAT 装置 (ロシュ社 cobas 5800 および専用試薬) で実施してきた。対象製剤がすでに輸血に使用されていた場合は、保管検体や同時製造品を用いて検査を実施した。2020 年 3 月に

最初の PCR 検査を行い、2023 年 4 月末までに約 3,700 件を検査した。PCR 陽性であった 23 例中 14 例で製剤はすでに輸血に使用されていたが、各国から報告された事例同様<sup>6)</sup>、輸血感染は確認されなかった。

### 3. 血液感染しうる病原体による新興再興感染症パ ンデミック

輸血感染を起こす病原体のパンデミックが起こった場合、少なくとも流行初期の輸血感染事例は避けられないだろう。そもそも体調不良の方からの献血は行われないので、輸血感染は発症前にウイルス粒子を血中に放出するようなウイルス種が候補となる。原因ウイルスは流行のかなり早期に同定されると予想されるが<sup>7)</sup>、流行拡大の規模や病原性はある程度の症例数が集まらないと推定できないため、血液事業としてスクリーニング検査等の対策をいつどのような形で導入するかは慎重な議論となるだろう。また、緊急性が高く、迅速な検査導入が必要な場合であっても、年間の国内総献血数は例年約 500 万件であるため、この需要量に検査機器メーカーが対応できなければ、全数スクリーニング検査は実施できない。スクリーニング検査導入決定から最短何週間（何カ月）で新検査が実施可能か、シミュレーションしておく必要もあるだろう。新興再興感染症のパンデミックは主に人獣共通感染症として始まるが<sup>8)9)</sup>、人獣共通感染症の局所的な小規模アウトブレイクは世界中で頻繁に起きており、そこからパンデミックとして拡大流行するかどうかは、世界保健機関(WHO)等の公衆衛生機関が常に注意深くモニタリングを継続している<sup>10)</sup>。新興再興感染症が輸血感染すると判明した場合であっても、全面的な検査導入以外に、その病原体に感染するリスク要因を考慮し、流行の地域性や流行が集中している集団の特徴などから、対象地域での期間限定献血制限や流行地域のみ検査を導入するという方策もあり、効果を上げている。例えば、現在は血液製剤用血液のスクリーニングとして国内全製造施設で実施されている E 型肝炎ウイルス(HEV) NAT は、当初は輸血感染事例報告が続いた北海道でのみに試行的に導入された。その後、国内全域の献血者における抗体調査の結果から、HEV 流行は地域によるばらつきはあるものの、全国に広がっていることが判明し、現在の全国 NAT へと繋がった<sup>11)12)</sup>。

### 4. 健康人の常在ウイルスが輸血医療に与える影響

新興再興感染症では多くの健康人に疾患を引き起こすような病原性の高いウイルスが問題となる。一方で、ヒトには持続感染・潜伏感染しながら、生涯ほとんど何の疾患も引き起こさない複数種類のウイルスが共生しており、これらの一部は輸血によっても感染する<sup>12)13)</sup>。

輸血を受ける患者の多くは免疫機能が不十分なため、このような常在ウイルスでも輸血感染症となる可能性は否定できないが、患者自身がすでに同種のウイルスに感染している場合も多く、これまで常在ウイルスについてはサイトメガロウイルス(CMV)等の一部を除き、特別な対策は取られていない。しかし、近年技術進展が目覚ましい NGS/MPS がヒトの常在ウイルス解析に応用されるようになり、健康な人体の多くの臓器・組織に種々のウイルスが感染しており、血漿中にも循環していることが明らかになっている<sup>14)15)</sup>。ヒトの常在ウイルスは一般には非病原性であり、生涯ほとんど疾患を起こさないと考えられているが、移植医療や加齢に伴う宿主免疫の低下がきっかけとなり病原性を発する場合もある<sup>16)17)</sup>。ウイルス病原性の強弱は宿主のウイルス感受性および免疫状態に大きく依存するので、ヒトが感染すればほぼ 100% の致死率となる狂犬病ウイルスのような一部の人獣共通感染症ウイルス以外は、ウイルスの病原性は確率でしか議論できない。この観点でヒト常在ウイルスの輸血感染症としての発症リスクを評価すれば、「かなり低い確率」ではあるがゼロではないということになる。

### 5. メタゲノム解析

常在ウイルス探索のような網羅的ウイルス検出に使われるゲノム解析技術は NGS/MPS の中でもメタゲノム解析と呼ばれる<sup>18)19)</sup>。特にショットガンメタゲノム法では、微生物の混合検体から同時に抽出した核酸をランダムに短く切断し、それらの核酸断片を大量にシーケンスし、得られた核酸配列のオーバーラップ部分を元にゲノム配列を再構築し、それらをデータベース上の微生物ゲノム配列へ参照することにより、元の検体中に含まれていた微生物集団の構成微生物を同定することができる(図 1)。メタゲノム解析では検出感度は PCR のような標的的特異的核酸検出に比べると低くなるが、どのような微生物が検体中に存在するかの事前情報が全くなくても検出同定することができるため、新興再興感染症勃発時の原因病原体の同定には圧倒的威力を発する<sup>20)21)</sup>。このメタゲノム解析手法で同定される血漿中のウイルス集団は plasma virome と呼ばれ、消化管の常在微生物叢である gut microbiome 同様、個人差があり、種々の疾患との関係についても解析が盛んに進められている<sup>22)23)</sup>。

### 6. plasma virome

血漿メタゲノム解析で検出されるウイルスの大部分は Anellovirus 科とその近縁に属するものである(図 2)<sup>24)25)</sup>。Anellovirus は環状一重鎖の DNA ゲノムを有し、エンベロープを持たない小型のウイルスで自然界に広

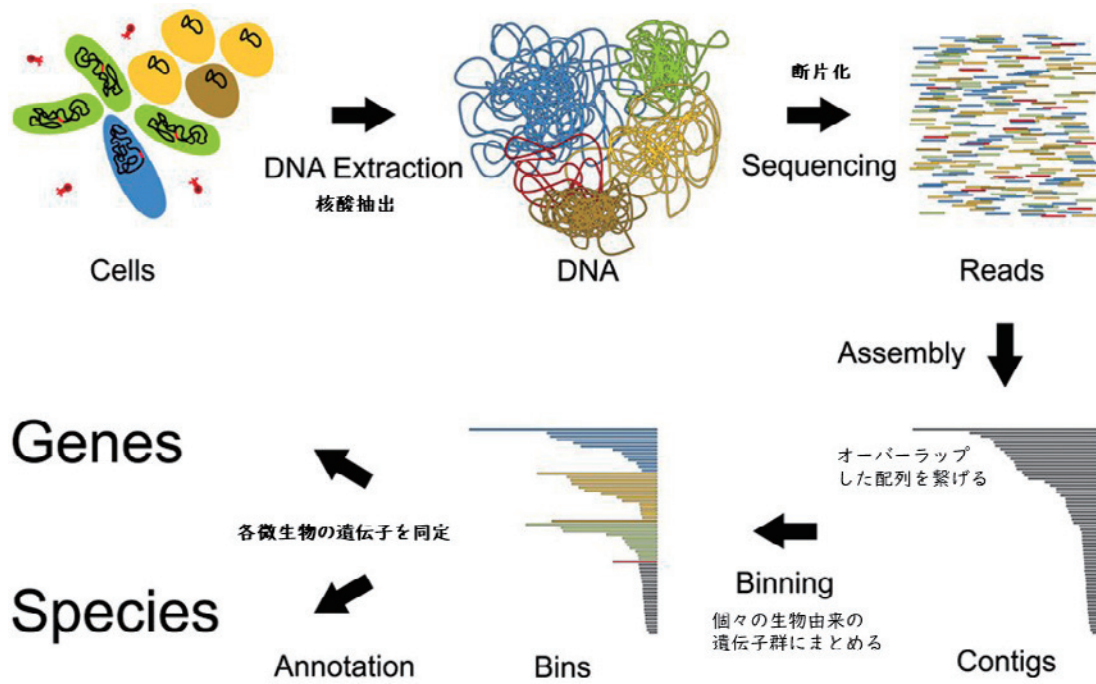


図1 メタゲノムデータから個々の微生物ゲノムを復元する原理と手順

微生物の混合集団を個別に分離せずにそのまま核酸抽出し、核酸を物理的にはほぼ均等サイズへ断片化した後に、NGS/MPSで塩基配列を決定する。各配列 (= Reads) の両端でオーバーラップする領域を繋げて、できるだけ長い配列 (= Contigs) を得る。各 Contig の配列生物種の遺伝子ごとにまとめ (= Bin)、データベースと照合して生物種と遺伝子を決定する (= Annotation)。(文献 37 の“Graphical Abstract”より図を引用、図中に日本語説明一部加筆)。

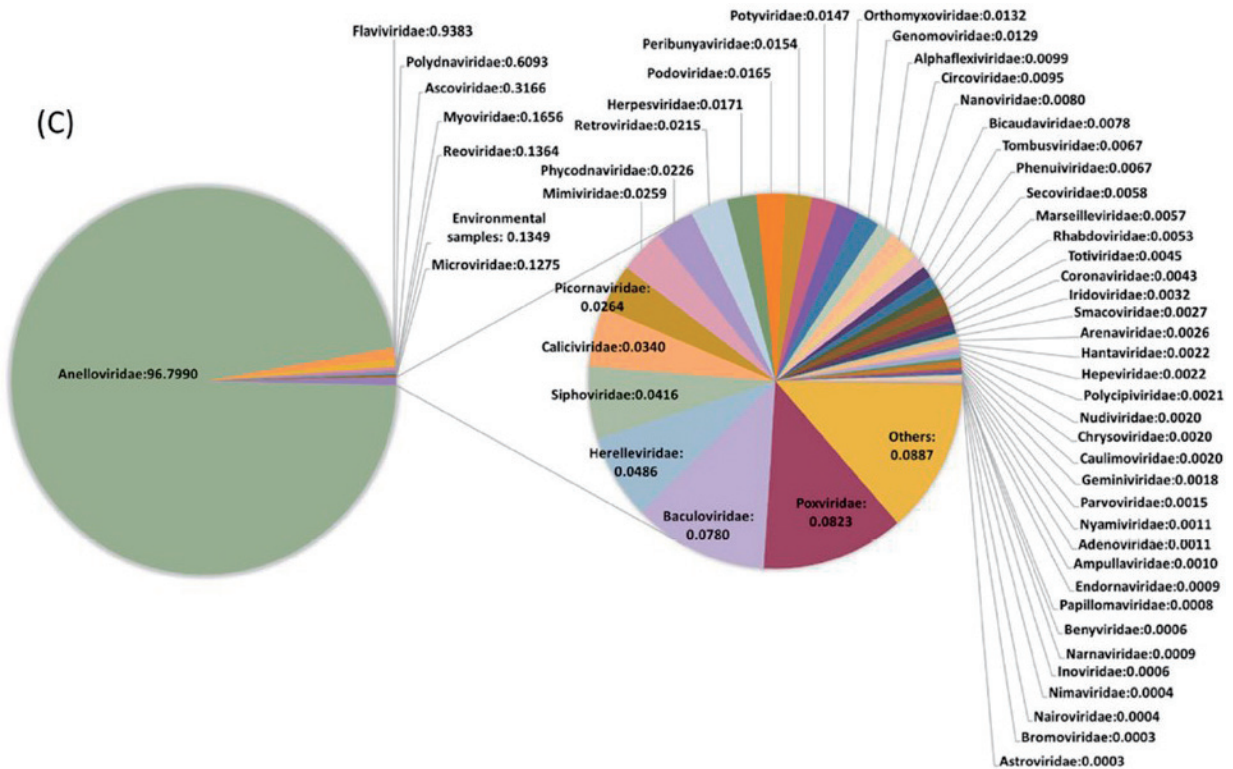


図2 ヒト血漿から検出されるウイルス群：plasma virome

スペインの献血者血漿から検出されたウイルス科の一覧 (文献 25, Figure 2C より引用)。数値は各ウイルスの相対検出量 (% reads)。



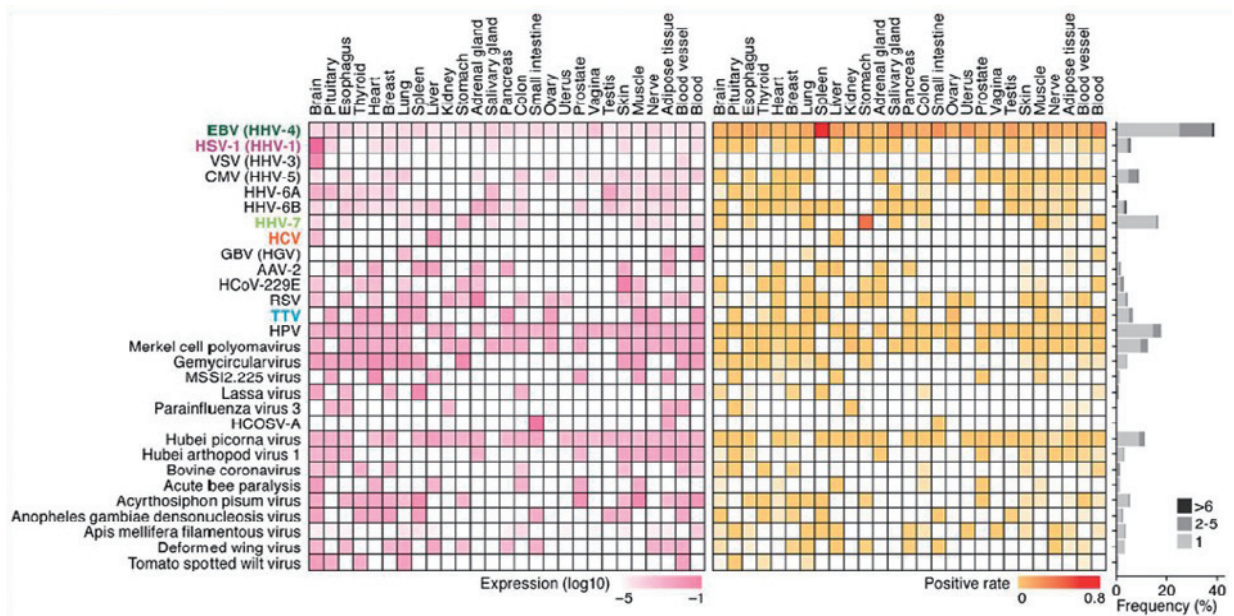


図3 健康人の各種組織から検出される virus mRNA

種々のヒト組織における各ウイルス転写産物の検出状況。547名の健康人に由来する51組織についてSingle-cell RNA sequencing dataからの解析結果。サンプルの平均値をヒートマップで示す。左端：ウイルスの略称、左パネル：各ヒト組織における各ウイルスの相対転写量、右パネル：各ヒト組織における各ウイルスの陽性率、右端グラフ：各ウイルス陽性者の頻度。灰色～黒で示した数字はそれぞれのウイルスで陽性となった組織の数。パネル上部に解析した組織名を記す(文献33, Fig. 2より引用)。

く分布している<sup>25)</sup>。非常に多くのウイルス種があり、ほぼ全てのヒトは複数種のAnellovirusに感染していると考えられているが<sup>26)</sup><sup>27)</sup>、ヒトに対する明確な病原性はこれまでに報告されていない<sup>28)</sup>。他に、検出率が比較的高いウイルスとしてはFlavivirus科のHuman Pegivirus-1(別名GBV-C, HGV)やヒトヘルペスウイルス6B等がある<sup>14)</sup>。しかしこのようにplasma viromeとして検出されてくるウイルスが複製可能な感染性ウイルスなのか、ウイルス遺伝子断片や欠損ウイルスに過ぎないのかは通常のメタゲノム解析では判断できない。また、日々技術が向上しているとは言え、メタゲノム解析では検体へのコンタミネーション由来配列を確実に除去するのは技術的に難しく、現在公表されているデータであってもまだかなりのコンタミネーション由来配列が含まれていると予想されており、注意が必要である<sup>29)</sup>。

## 7. 健康な人体で複製しているウイルス群

ウイルスは細胞内でしか複製増殖できないので、plasma viromeを構成するウイルス集団は血漿で生まれたわけではなく、種々の臓器・組織の細胞内部で増殖した各種ウイルスが、血漿中に放出されたものである。それでは、plasma viromeとして検出されたそれぞれのウイルスはどこで複製したのか、あるいは現在複製しているのではなく、レトロウイルスでよく観察されるように、宿主細胞ゲノムへ挿入(インテグレーション)後に変異により複製できなくなった欠損プロウイルス

からゲノムの一部だけが転写を続けた結果としてのウイルス遺伝子断片ではないことを知るにはどのように調べればよいのだろうか。一つの方法は細胞内で複製中のウイルス中間体を検出することである。どのようなゲノム形状を持つウイルスであっても、ウイルス粒子形成に必要なタンパク質を新規合成するにはウイルスゲノムからのmRNA合成(転写)が必要である。したがって、転写されたウイルスmRNAを細胞抽出物から検出することができれば、そのウイルスは細胞内で現在複製しつつある可能性が高い。しかし、組織からmRNAを抽出してメタゲノム解析を行う場合、検出されたウイルス核酸量の多少は、組織における感染細胞の頻度を示すのか、個々の細胞内のウイルス複製量を反映しているのかは区別できない。そこで、単一細胞に由来するmRNAを網羅的に定量解析するsingle-cell RNA Seq<sup>30)</sup>という手法をウイルスmRNA検出に応用することで、この問題への解決が目指されている<sup>31)</sup>。実際にこの手法を用い、ヒトの各種臓器におけるウイルス複製についてはすでに一部解析されており、健康な人体の多くの組織はウイルスを複製し続け、少なくともその一部はplasma virome構成要員となっていることが示されている<sup>32)</sup>(図3, 文献32より引用)。しかしこの方法では、複製せずに細胞内で安定にウイルスゲノムを維持しながら宿主の免疫低下を待っているような潜伏感染ウイルスは捕まえることはできない。潜伏感染には種々の様態があるので、複製可能でありながら休眠

状態にある細胞中ウイルスの網羅的な検出法は現在のところ確立されていない。

## 8. 血液製剤へ混入するウイルスの低減化対策

上述のように、人体には多くのウイルスが感染しており、それらの一部は血漿中を循環し、当然輸血で伝播する<sup>26)</sup>。血液製剤は潜在的感染症リスクを有する医薬品であり、血液製剤の添付文書冒頭にも記載されている。現在はその潜在的感染症リスクがこれまで以上に明確なエビデンスで示されている時代になったとも言えよう。輸血を受ける患者の状態によっては、ドナーの plasma virome 由来の感染で患者（受血者）が何らかの疾患を発症する可能性は低いながらも存在するが、このリスクを理由に全ての血液製剤へ病原体低減化処理を行うのは、既に病原性微生物に対して講じている多くの安全対策に比較してあまりにも費用対効果が低い。特に、国民医療費が高騰し、国庫を大きく圧迫し続ける国内の現状では非現実的ですからあり、国民には受け入れられないであろう。しかしながら、人類が世界の隅々まで居住領域を拡大し続ける中で、人獣共通感染症としての新興再興感染症は今後も次々発生し、かつて1型ヒト免疫不全ウイルス（HIV-1）で起こったように、輸血感染する病原体がヒト集団へ侵入する可能性も十分にありえる。今後起こりうる「輸血感染する臨床的意義のある」新興再興感染症までを考慮にいれるのであれば、plasma virome ごと破壊する病原体の低減化・不活化技術の開発・導入は十分視野に入れるべき対策と言えよう。

## 9. 結語：持続可能で安全な輸血医療

これまでに繰り返し述べたように、たとえ健康な献血者由来であっても、血液はウイルス等微生物の感染源であり、その安全性についてゼロリスクを求めることは不可能である。急激な少子高齢化と国民医療費の増大という状況がこれからまだ10年単位で続くと予想される中、安全な血液製剤を安定供給するには、血液製剤の安全性とコストのバランスに配慮した製造体制が必須である。これまで、製剤へ混入しうる病原体への安全対策は次々と積み重ねていく方式で成果を上げてきた<sup>33)</sup>。しかし、輸血感染しうる新興再興感染症のエンデミック/パンデミックがいつ発生してもおかしくない現状では、より少ない工程で高い効果が期待できる病原体対策開発も視野に入れるべきである。そのような理想的な解決策は未だ開発の初期段階であり、本稿の趣旨とも大きく外れるので詳細は省くが、血液製剤やその成分の何らかの物理化学的性質の抽出と機械学習との組み合わせは、全く新しいタイプの「安全な血液製剤の判別法」となるだろうことが期待されている<sup>34)35)</sup>。

また、個別 NAT 導入後に起きている輸血感染のほとんどは、性行為感染症としての B 型肝炎ウイルス（HBV）が原因となっている現状を考慮すると、上記のような技術的対策とは別に、より効果的であり抜けの出ないような問診体制の確立も必要である。さらに、常に最新の医学的知見を取り入れたドナー選別基準の見直し、学校教育での献血活動紹介を含めた国民全体への効果的な広報活動等、国民の安全な医療への意識を高める安全対策も継続検討・効果検証する必要がある。献血という尊い行為を通じて作られる血液製剤を今後少なくとも数十年間製造し続けて医療へ安全有効に役立てるためには、日本赤十字社は国内の厳しい経済状況と人口構成比変化の中で無理なく製造流通を継続させる経営能力を発揮しなくてはならない。

著者の COI 開示：著者は血液製剤を製造販売している日本赤十字社社員です。本論文の内容は日本赤十字社の見解ではなく、著者自身のものです。

謝辞：日本赤十字社血液事業本部中央血液研究所、佐竹前所長（現経営委員）および松林感染症解析部長には、お忙しい中、丁寧な校正とコメントを頂き感謝いたします。

## 文 献

- 1) Updated Information for Blood Establishments Regarding the COVID-19 Pandemic and Blood Donation, 2022/1/11.  
<https://www.fda.gov/vaccines-blood-biologics/safety-availability-biologics/updated-information-blood-establishments-regarding-covid-19-pandemic-and-blood-donation> (2023/7 accessed).
- 2) Overview of Testing for SARS-CoV-2, the virus that causes COVID-19. Updated May 11, 2023.  
<https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/testing-overview.html> (2023/7 accessed).
- 3) 国立感染症研究所病原体検出マニュアル 新型コロナウイルス感染症.  
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/lab-manual-m/9559-2020-04-14-10-09-54.html> (2023年7月現在).
- 4) Kumari M, Lu R, Li M, et al: A critical overview of current progress for COVID-19: development of vaccines, antiviral drugs, and therapeutic antibodies. *J Biomed Sci*. 29: 68, 2022.
- 5) Hillary VE, Ceasar SA: An update on COVID-19: SARS-CoV-2 variants, antiviral drugs, and vaccines. *Heliyon*. 9: e13952, 2023.

- 6) Saá P, Fink RV, Bakkour S, et al: Frequent detection but lack of infectivity of SARS-CoV-2 RNA in presymptomatic, infected blood donor plasma. *Clin Invest*, 132: e159876, 2022.
- 7) Slavov SN: Viral Metagenomics for Identification of Emerging Viruses in Transfusion Medicine. *Viruses*, 14: 2448, 2022.
- 8) Cable J, Fauci A, Dowling WD, et al: Lessons from the pandemic: Responding to emerging zoonotic viral diseases—a Keystone Symposia report. *Ann N Y Acad Sci*, 1518: 209—225, 2022.
- 9) Jones KE, Patel NG, Levy MA, et al: Global trends in emerging infectious diseases. *Nature*, 451: 990—993, 2008.
- 10) Disease Outbreak News (DONs), WHO.  
<https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news> (2023/7 accessed).
- 11) Sakata H, Matsubayashi K, Iida J, et al: Trends in hepatitis E virus infection: Analyses of the long-term screening of blood donors in Hokkaido, Japan, 2005-2019. *Transfusion*, 61: 3390—3401, 2021.
- 12) 田中亜美, 星 友二, 長谷川隆, 他: 本邦における E 型肝炎ウイルス輸血感染の現状. *日本輸血学会雑誌*, 66: 531—537, 2020.
- 13) Smatti MK, Yassine HM, AbuOdeh R, et al: Prevalence and molecular profiling of Epstein Barr virus (EBV) among healthy blood donors from different nationalities in Qatar. *PLoS ONE*, 12: e0189033, 2017.
- 14) Alter HJ, Kojiro M, Tabor E: SEN virus: epidemiology and characteristics of a transfusion-transmitted virus. *Transfusion*, 45: 1084—1088, 2005.
- 15) Furuta RA, Sakamoto H, Kuroishi A, et al: Metagenomic profiling of the viromes of plasma collected from blood donors with elevated serum alanine aminotransferase levels. *Transfusion*, 55: 1889—1899, 2015.
- 16) Feng B, Liu B, Cheng M, et al: An atlas of the blood virome in healthy individuals. *Virus Res*, 323: 199004, 2023.
- 17) Randhawa P, Brennan DC: BK Virus Infection in Transplant Recipients: An Overview and Update. *American J Transplant*, 6: 2000—2005, 2006.
- 18) Kane M, Golovkina T: Common Threads in Persistent Viral Infections. *J Virol*, 84: 4116—4123, 2010.
- 19) Edwards, RA, Rohwer F: Viral metagenomics. *Nat Rev Microbiol*, 3: 504—510, 2005.
- 20) Mokili JL, Rohwer F, Dutilh BE: Metagenomics and future perspectives in virus discovery. *Curr Opin Virol*, 2: 63—77, 2012.
- 21) Ko, K.K.K., Chng, K.R., Nagarajan, N: Metagenomics-enabled microbial surveillance. *Nat Microbiol*, 7: 486—496, 2022.
- 22) Souza JVC, Santos HO, Brandão Leite AB: Viral Metagenomics for the Identification of Emerging Infections in Clinical Samples with Inconclusive Dengue, Zika, and Chikungunya Viral Amplification. *Viruses*, 14: 1933, 2022.
- 23) Bai GH, Lin SC, Hsu YH, et al: The Human Virome: Viral Metagenomics, Relations with Human Diseases, and Therapeutic Applications. *Viruses*, 14: 278, 2022.
- 24) Thijssen M, Tacke F, Espen LV, et al: Plasma virome dynamics in chronic hepatitis B virus infected patients. *Front Microbiol*, 14: 1172574, 2023.
- 25) Cebriá-Mendoza, M., Arbona, C., Larrea, L., et al: Deep viral blood metagenomics reveals extensive anellovirus diversity in healthy humans. *Sci Rep*, 11: 6921, 2021.
- 26) Liou SH, Cohen N, Zhang Y, et al: Anellovirus Structure Reveals a Mechanism for Immune Evasion. *bioRxiv*.  
<https://doi.org/10.1101/2022.07.01.498313> (2023 / 7 accessed).
- 27) Arze CA, Springer S, Dudas G, et al: Global genome analysis reveals a vast and dynamic anellovirus landscape within the human Virome. *Cell Host Microbe*, 29: 1305—1315, 2021.
- 28) Spezia PG, Focosi D, Baj A, et al: TTV and other anelloviruses: The astonishingly wide spread of a viral infection. *ASP Mol Med*, 1: 100006, 2023.
- 29) Kaczorowska J, Hoek LD: Human anelloviruses: diverse, omnipresent and commensal members of the Virome. *FEMS Microbiol Rev*, 44: 305—313, 2020.
- 30) Simner PJ, Salzberg SL: The Human “Contaminome” and Understanding Infectious Disease. *N Engl J Med*, 387: 943—946, 2022.
- 31) Chen G, Ning B, Shi T: Single-Cell RNA-Seq Technologies and Related Computational Data Analysis. *Front Genet*, 10: 317, 2019.
- 32) Ratnasiri K, Wilk AJ, J. Lee MJ, et al: Single-cell RNA-seq methods to interrogate virus-host interactions. *Semin Immunopathol*, 45: 71—89, 2023.
- 33) Kumata R, Ito J, Takahashi K, et al: A tissue level atlas of the healthy human Virome. *BMC Biol*, 18: 55, 2020.
- 34) 日本赤十字社ホームページ内「安全対策のあゆみ」.  
[https://www.jrc.or.jp/mr/blood\\_product/safety/history/](https://www.jrc.or.jp/mr/blood_product/safety/history/) (2023年7月現在).
- 35) Goh B, Visendi P, Lord AR, et al: First Report of the Detection of DENV1 in Human Blood Plasma with Near-Infrared Spectroscopy. *Viruses*, 14: 2248, 2022.

- 36) Marandi RZ, Leung P, Sigera C, et al: Development of a machine learning model for early prediction of plasma leakage in suspected dengue patients. *PLoS Negl Trop Dis*, 13; 17: e0010758, 2023.
- 37) Goussarov G, Mysara M, Vandamm P: Introduction to the principles and methods underlying the recovery of metagenome-assembled genomes from metagenomic data. *MicrobiologyOpen*, 11 (3): e1298, 2022.

## **EMERGING AND RE-EMERGING INFECTIOUS DISEASES AND BLOOD PRODUCT SAFETY**

*Rika A. Furuta*

Infectious Disease Research Department, Central Blood Institute, Blood Service Headquarters,  
Japanese Red Cross Society

**Keywords:**

emerging and re-emerging infectious diseases, Transfusion-transmitted infectious disease, SARS-CoV-2, plasma virome, metagenomic

---

©2023 The Japan Society of Transfusion Medicine and Cell Therapy  
Journal Web Site: <http://yuketsu.jstmct.or.jp/>