
東京都微生物検査情報

MONTHLY MICROBIOLOGICAL TESTS REPORT, TOKYO

第42巻 第12号
2021年12月号
月 報



東京都健康安全研究センター

<http://idsc.tokyo-eiken.go.jp/>

ISSN 1883-2636

ヒト免疫不全ウイルス (HIV) の抗体確認検査について

ヒト免疫不全ウイルス (HIV) はレトロウイルス科レンチウイルス属に属する RNA ウイルスであり、後天性免疫不全症候群 (AIDS) の病原体として知られている。血液中に侵入した HIV は免疫応答を司る CD4 陽性 T 細胞に感染し、細胞内で増殖し、CD4 陽性 T 細胞は破壊される。そして、CD4 陽性 T 細胞数はゆっくりと減少し、その結果、免疫系が破綻することで、AIDS を発症する。近年、HIV 感染症は抗 HIV 薬を用いた適切な治療を早期に受けることにより、血中ウイルス量をコントロールすることが可能になってきているが、一度感染してしまうと体外に排出することは不可能であるため、HIV 感染者を早期に発見し、治療に繋げることが極めて重要である。

厚生労働省エイズ動向委員会の報告によると、2020 年の日本における HIV 感染者報告数は 750 件であり 4 年連続の減少となったが、AIDS 患者報告数は 345 件と 4 年ぶりに増加した。2020 年に自治体を実施した保健所等における HIV 検査実施件数は、68,998 件 (前年 142,260 件) であり、前年の検査数の約 48.5% と大きく減少した。これは 2019 年末に発生した新型コロナウイルス感染症の国内流行による HIV 検査の受検機会の減少や受検控えが要因である。HIV 感染を早期に発見するためには HIV 検査を受検しやすい体制を整えることが重要であり、コロナ禍においても東京都では、東京都新宿東口検査・相談室や東京都多摩地域検査・相談室を中心に HIV 検査事業を継続的に実施している。

東京都健康安全研究センターでは、病原体検出マニュアル¹⁾を踏まえ、図 1 に示す検査フローチャートに従い、スクリーニング検査を実施し、陽性となった検体に対して確認検査を実施している。確認検査は、まず、ウェスタンブロット (WB) 法を実施し、WB 法で判定保留あるいは陰性となった場合に核酸増幅検査 (NAT 法) により最終判定を行っている。WB 法は特異性が高く、HIV-1 と HIV-2 の抗体の検出が可能であり、確認検査として重要な検査法である反面、約 3 時間半程度の

検査時間を要すること、交差反応が生じやすく、目視による結果判定のために判定に苦慮する場合があるといった課題があった。そうした中、2018 年 11 月に新たな HIV 確認検査試薬である Geenius HIV 1/2 キット (以下、HIV-1/2 抗体確認検査試薬) が我が国で体外診断用医薬品として承認された²⁾。HIV-1/2 抗体確認検査試薬はイムノクロマト法の原理を用いており、WB 法と比較して約 30 分程度の短時間で検査が実施できる。さらに、専用リーダーを用いると自動で結果判定が行われるうえ、検査結果を電子データとして残すことができるため、精度管理の観点からも有用である。

過去の報告³⁾では、WB 法により判定保留であった感染初期検体 13 例中 7 例が陽性 (6 例は判定保留) で WB 法に比べ高感度であり、陰性血清を用いた特異性も 98.5% と WB 法 (HIV-1: 81.5%、HIV-2: 90.0%) と比べて高く、非特異反応も少ないことから、WB 法より多くの点で優れているとしている。

当センターにおいても、搬入された検体のうち、HIV 検査の結果 HIV 陰性となった 19 検体および、HIV-1 陽性となった 109 検体を供試材料とし、HIV-1/2 抗体確認検査試薬で検討を行った。その結果、HIV 陰性 19 検体がすべて HIV-1/2 抗体確認検査試薬において陰性となり、WB 法で HIV-1 陽性となった 74 検体がすべて陽性であった (表 1)。また、WB 法において判定保留であった 29 検体中 25 検体 (NAT 陽性検体) は HIV-1/2 抗体確認検査試薬で陽性と判定され、WB 法において陰性であった 6 検体中 1 検体は HIV-1/2 抗体確認検査試薬で陽性と判定された (表 1)。これらのことから、HIV-1/2 抗体確認検査試薬では確定できず NAT 検査が必要になる検体も認められたが、WB 法では判定できなかった検体の約 74.3% が HIV-1/2 抗体確認検査試薬で HIV-1 と判定され、WB 法における判定保留ならびに陰性例に対する HIV-1/2 抗体確認検査試薬の使用は有用であることが示された。

HIV-1/2 抗体確認検査試薬は WB 法よりも高感度であり、判定が容易である。また、作業が簡便で検査時間も短いことから、HIV-1/2 抗体確認検査試薬のさらなる利用により HIV 検査の迅速化や拡充に繋がることが期待される。WB 法は 2022 年をもって販売終了との情報もあり、検査現場における HIV-1/2 抗体確認検査試薬への移行が望まれる。

<引用文献>

- 1) 病原体検出マニュアル：後天性免疫不全症候群（エイズ）/HIV 感染症（2019 年 11 月改訂）
<https://www.niid.go.jp/niid/images/lab-manual/HIV20191122.pdf>
- 2) The Medical & Test Journal, N.1450, 2019/1/1
- 3) Kondo, M. *et al.* : PLoS One, 13, e0198924, 2018

(ウイルス研究科 河上麻美代)

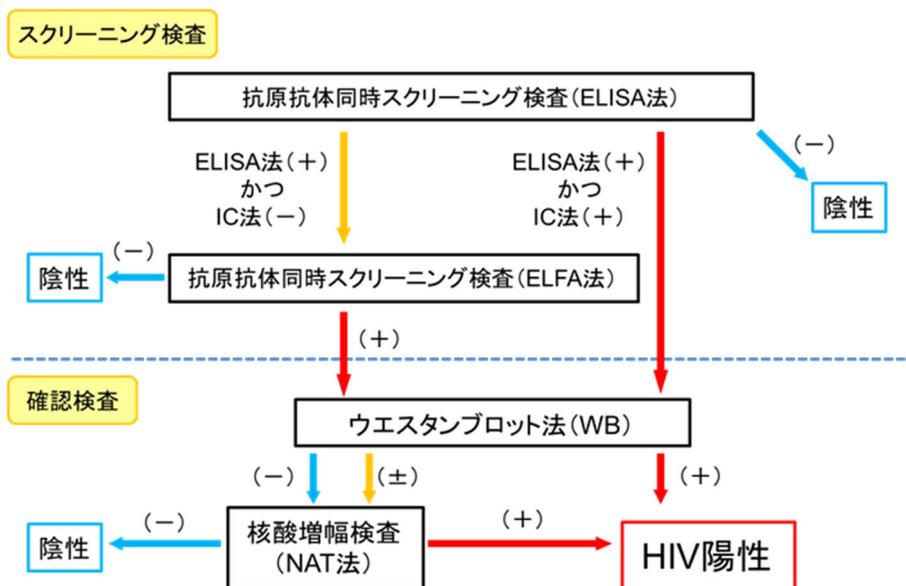


図 1. 東京都健康安全研究センターでの HIV 検査フローチャート

表 1. WB 法と HIV-1/2 抗体確認検査試薬 (Geenius) の検出感度の比較

	スクリーニング検査 (-)	確認検査		
		WB (+)	WB (±) NAT (+)	WB (-) NAT (+)
Geenius (+)	0	74	25	1
Geenius (±)	0	0	1	1
Geenius (-)	19	0	3	4
合計 (検体数)	19	74	29	6

新型コロナウイルスの変異株 B.1.1.529 系統（オミクロン株）の全ゲノム解析について

新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の全ゲノム解析は、英国の研究者らを中心とした ARTIC Network が PCR ベースの全ゲノム解析手法を開発し、我が国では国立感染症研究所（感染研）が改良したプロトコルが公開されている¹⁾。東京都健康安全研究センター（当センター）でも 2020 年 5 月からこのプロトコルによる全ゲノム解析を行ってきた。

2021 年 11 月 26 日に WHO は SARS-CoV-2 の懸念される変異株（Variant of Concern; VOC）として新たに変異株 B.1.1.529 系統（オミクロン株）を指定した。オミクロン株は基準株（Wuhan-Hu-1 (NCBI: NC_045512.2)）と比較して約 50 か所のアミノ酸変異（置換、欠失、挿入）が存在し²⁾、先の全ゲノム解析プロトコルにおける 98 領域を増幅できるマルチプレックス PCR のプライマー配列にも多くの変異が生じていた。そのため、国際データベースである GISAID に初期に登録された一部のオミクロン株の全ゲノム配列には多数の“N”が存在し、オミクロン株特有のアミノ酸変異の把握に課題が生じていた。これらを解決するために感染研から新しいバージョンの補完用のプライマー配列（ver_N4）が公開された³⁾。当センターにおいても、より確実にオミクロン株の全ゲノム配列を取得することを目的とし、ver_N4 にさらにプライマーを追加した解析法の検討を行ったので報告する。

2021 年 12 月に当センターに搬入され、オミクロン株に特徴的なグルタミン酸（E）からアラニン（A）への変異（E484A 変異）を検出するリアルタイム PCR 検査の結果、オミクロン株が疑われた検体の核酸抽出物を用いた。

ライブラリ調製手順は既報¹⁾に従い、オミクロン解析用として感染研から示されたプライマーセット（ver_N4）に、さらに 5 種類のプライマーを追加したプライマーセット（ver_N4+：表 1）を構築し、オミクロン株が検出されるより前に使用されていたプライマーセット（ver_N3）と比較した。同一検体をそれぞれのプライマーセットを

用いてライブラリを調製し、既報⁴⁾に示す装置およびデータ処理手法でゲノム解析を行った。

都内で検出されたオミクロン株の基準株に対するマッピング像を図 1 に示す。ver_N3 でゲノム解析したマッピング像（図 1. A）と ver_N4+ でゲノム解析したマッピング像（図 1. B）を比較したところ、ver_N3 では 73L、92L で示した領域はほとんど増幅されず、75R、76L、83L、87R で示した領域も増幅量が少なかったのに対し、ver_N4+ではこれらの 6 領域の増幅が改善した。これらの 6 領域では、ver_N3 プライマー配列部位に変異が入っており、特に 73L プライマー部位には 9 塩基の欠失があり、マルチプレックス PCR では十分な増幅ができていなかった可能性がある。残りの 5 領域は、ver_N4 プライマーセットでカバーはできていたが、87R プライマーを加えたことでこれら 6 領域の増幅は改善した。一方で、10L、34R、50R、88L の領域は ver_N3 と ver_N4+ で大きな差はなかった。これは、変異箇所がプライマー配列の中央部から 5'末端側に位置し、PCR 増幅への影響が少なかったためと考えられた。

ver_N4+を用いて 2021 年 12 月 13 日から 2022 年 1 月 8 日の間に当センターに搬入され、E484A 変異を示した 69 検体について全ゲノム解析を試みたところ、その全てから SARS-CoV-2 の全ゲノム配列が良好に得られ、Nextclade で 21K（オミクロン：BA.1、BA.1.1）または 21L（オミクロン：BA.2）と判定された。これらの株の配列情報は GISAID に登録し、情報を共有するとともに、都内事例の全ゲノム情報に基づく疫学解析等に活用している。

<引用文献>

- 1) 国立感染症研究所：新型コロナウイルスゲノム解析マニュアル Qiagen 社 QiaSEQ FX 編 version 1.2 (2021 年 11 月)
- 2) Omicron Variant Report, 2022.
<https://outbreak.info/situation-reports/omicron>

- 3) Itokawa, K.: Alternative primers for the ARTIC Network's nCov2019 multiplex PCR. 2021. https://github.com/ItokawaK/Alt_nCov2019_primers
- 4) 林 真輝, 山崎 貴子, 長島 真美, 他: 都内の新型コロナウイルス施設内感染事例における次世代シーケンサーを用いた遺伝子解析. 東

京健安研七報, 第 72 号 (2021). [先行公開] https://www.tmiph.metro.tokyo.lg.jp/files/archive/issue/kenkyunenpo/nenpou72/06_hayashi.pdf

(いずれも 2022 年 1 月 31 日現在。URL は変更または抹消の可能性はある)

(ウイルス研究科 林 真輝)

表1. ver_N4+として ver_N3 に追加したプライマー

Name	Position	Covered mutations	sequence (5' to 3')	Version
nCoV-2019_10_L_Omicron	2826-2850	A2832G	TGAGAGGTGCTCTGCCTATACAGT	
nCoV-2019_34_R_Omicron	10437-10459	C10449A	AGTGAAATTGTGCCTCATAGCA	
nCoV-2019_50_R_Omicron	15224-15246	C15240T	TAACATAATTGTGCCAACCCACCA	
nCoV-2019_73_LEFT_b11529b	21955-21998	21987-21995del	GAATTTCAATTTTGTAAATGATCCATT TTTGG	ver_N4
nCoV-2019_75_RIGHT_b11529a	22877-22903	T22882G G22898A	ACCACTAACCTTAGAATCAAGCTTGT	ver_N4
nCoV-2019_76_LEFT_b11529a	22797-22819	G22813T	AGGGCAAACCTGGAAATATTGCT	ver_N4
nCoV-2019_83_LEFT_b11529a	24978-25003	C25000T	TCCTTTGCAACCTGAATTAGATTCA	ver_N4
nCoV-2019_87_R_Omicron	26566-26590	C26577G	ACTAGGTTCCATTCTTCAAGGAGC	
nCoV-2019_88_L_Omicron	26520-26542	A26530G	CCATGGCAGGTTCCAACGGTAC	
nCoV-2019_92_LEFT_b11529a	27784-27808	C27807T	TTTGTGCTTTTTAGCCTTCTGT	ver_N4

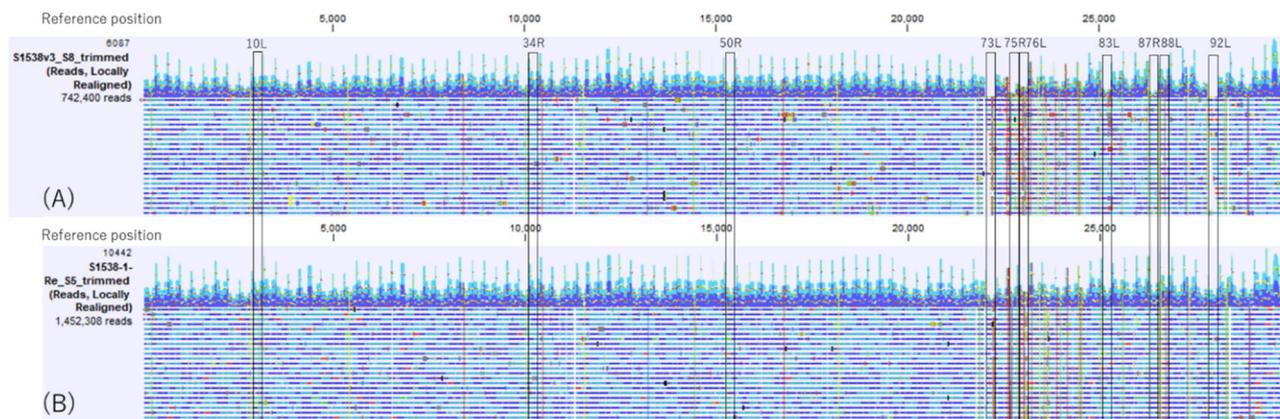


図1. 都内で検出されたオミクロン株の基準株 (NCBI:NC_045512) に対するマッピング像

新型コロナウイルス簡易抗原検査試薬のオミクロン株 (BA.1) を用いた検討

新型コロナウイルス (SARS-CoV-2) の検査は、リアルタイム PCR 法等による核酸検出検査が感度と特異性が高く、最も信頼性が高い検査法である。しかしながら、特別な装置と経験が必要であり、検査結果が得られるまでに時間も要する。

一方、簡易抗原検査は、主としてイムノクロマト法を原理とした検出法である。核酸検出検査と比較して感度で劣るものの、迅速性で秀でており、多くの試薬が厚生労働省により承認されている¹⁾。

これまでに 11 種類の診断用の簡易抗原検査試薬について、臨床検体から分離された 5 種類の SARS-CoV-2 変異株 (従来株、R1 株、アルファ株、カッパ株、デルタ株) を用い、検出感度の検討を行った。その結果、各簡易抗原検査試薬の検出感度は 10^5 – 10^7 copies で、陽性として検出できる濃度に差は生じたが、変異株の違いによる感度差は認められなかったことを報告してきた²⁾。

今回、2021 年 12 月に当センターで分離されたオミクロン株 (BA.1 (B.1.1.529 系統): TKYX00012_2021) を用い、ウイルス原液 (2.9×10^7 copies/ μ L) を 100 倍、250 倍、500 倍、1,000 倍、2,500 倍にリン酸緩衝生理食塩水で希釈後、各希釈液を用い、上記 11 試薬のうちの 5 試薬を選択し、同様の検討を行った。

その結果、前回の検討結果と同様に、陽性として検出できる濃度に 2.5–10 倍の差は生じたが、株の違いによる感度差は認められなかった。これは各試薬の抗原認識部位はスパイクタンパクではなく、ヌクレオカプシド (N) 蛋白であり、オミクロンの N 蛋白の変異が抗原検出には影響しないためと考えられる。

今回の検討結果から、オミクロン株感染の診断に、簡易抗原検査の使用が今までと同様に可能であることが示された。

当初、診断用の簡易抗原検査試薬は、医療機関等に限り販売されてきた。しかしながら、家庭等において体調が気になる場合等に、セルフチェックとして検査を実施できるようにすることで医療機関への受診につなげ、感染拡大防止に役立てる目的で、2021 年 9 月より薬局での医療用抗原検査キットの取扱いが可能となった。

2022 年の年頭からオミクロン株による国内感染が多く発生し始めている。オミクロン株は、今までのアルファ株やデルタ株などの変異株と比較し、重症化しにくいとの指摘もあるが、高い感染力を有することからも³⁾、検査の迅速性に優れた簡易抗原検査の効果的な利用は感染抑止に必要と考えられる。

<引用文献>

- 1) 新型コロナウイルス感染症の体外診断用医薬品 (検査キット) の承認情報
https://www.mhlw.go.jp/stf/newpage_11331.html
- 2) 山崎貴子, 河上麻美代, 北村有里恵, 他: 新型コロナウイルス簡易抗原検査試薬のウイルス分離株を用いた検討. 東京健安研七報, 第 72 号 (2021). [先行公開]
<https://www.tmiph.metro.tokyo.lg.jp/archiv/e/issue/kenkyunenpo/nenpou72/>
- 3) 東京都: オミクロン株に関する情報
https://www.fukushihoken.metro.tokyo.lg.jp/iryoy/kansen/corona_portal/henikabu/omicron_info.html

(いずれも 2022 年 1 月 31 日現在。URL は変更または抹消の可能性がある)

(ウイルス研究科 山崎貴子)

表. SARS-CoV-2 簡易抗原検査試薬のオミクロンを含むウイルス希釈液に対する判定結果
(100-2,500 倍希釈)

Pango系統	ウイルス株名	簡易抗原検査試薬																				抽出前濃度 (100倍希釈 ウイルス液) (copies/ μ L)						
		A					B					C					D						E					
		$\times 100$	$\times 250$	$\times 500$	$\times 1000$	$\times 2500$	$\times 100$	$\times 250$	$\times 500$	$\times 1000$	$\times 100$	$\times 250$	$\times 500$	$\times 1000$	$\times 100$	$\times 250$	$\times 500$	$\times 1000$	$\times 100$	$\times 250$	$\times 500$	$\times 1000$	$\times 100$	$\times 250$	$\times 500$	$\times 1000$	$\times 2500$	
B.1.1.214 従来株	TKYE641818 _2020	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	1.4×10^5
R.1	TKYT76080 _2021	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-	1.7×10^5
B.1.1.7 アルファ	TKYT78062 _2021	+	+	+	+	-	+	+	\pm	-	+	+	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	2.9×10^5
B.1.617.2 デルタ	TKYTK1734 _2021	+	+	+	+	-	+	+	\pm	\pm	+	\pm	-	-	+	+	+	\pm	+	+	+	+	+	+	+	+	-	3.8×10^5
B.1.617.1 カッパ	TKYTK5356 _2021	+	+	+	+	-	+	+	-	-	+	-	-	-	+	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	1.3×10^5
B.1.1.529 オミクロン	TKYX00012 _2021	+	+	+	+	-	+	+	\pm	-	+	-	-	-	+	\pm	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+	-	2.9×10^5

東京都における新型コロナウイルス変異株（オミクロン株）スクリーニング検査について

2019年12月に中国で最初に確認された新型コロナウイルス感染症（COVID-19）は、2022年に入っても世界的流行が続いている。その原因の多くは免疫からの逃避や感染性・伝播性が増加した新型コロナウイルス（SARS-CoV-2）の変異株による感染拡大で、これら変異株の多くはスパイクタンパク遺伝子に特徴的な遺伝子変異（アミノ酸変異）を有している。WHOは感染・伝播性、抗原性の変化等を踏まえた評価に基づき、懸念される変異株（Variant of Concern; VOC）、注目すべき変異株（Variant of Interest; VOI）、監視下にある変異株（Variants under monitoring; VUM）、以前監視下においていた変異株（Formerly monitored variants）として変異株の位置づけを行い、世界各国で監視体制が敷かれている。これまで日本では、いずれもVOCに分類されているN501Y変異を持つアルファ株（第4波）、L452R変異を持つデルタ株（第5波）による全国的な流行がみられている。

WHOは、2021年11月24日にSARS-CoV-2の変異株B.1.1.529系統をVUMに分類したが、11月26日にウイルス特性の変化の可能性を考慮し、「オミクロン株」と命名し、VOCに格上げした¹⁾。オミクロン株は、基準株とされる武漢株（Wuhan-Hu-1 (NCBI: NC_045512.2)）と比較して約50か所のアミノ酸変異が存在し、スパイクタンパクには、30か所程度のアミノ酸変異と3か所の小欠失および1か所の挿入部位を持つ特徴があり^{2,3)}、このうち15か所程度の変異は受容体結合部位（Receptor binding protein (RBD); residues 319-541）に存在している。

WHOの指定するB.1.1.529系統（オミクロン株）と確定するためには、全ゲノム情報による塩基変異の全体像を知ることが不可欠である。全ゲノム解析はウイルスゲノム全体に渡る全ての変異が確認でき、症例間の疫学的リンクを追うための有効なツールにもなる。しかし、全ゲノム解析には数日に渡る複数の工程があり、出力されるデータ

は膨大であるため解析にも時間を要する。さらに、ウイルス量の多い検体（Ct値30未満）でのみ解析が可能であり、1件当たりのコストも高い。日々急拡大する感染状況下においては、迅速にオミクロン株の可能性のある検体を早期に把握し、感染拡大の防止に寄与することが健康危機管理上の重要な要素となる。

オミクロン株は、現在、BA.1～BA.3に分かれ、L452L、E484AやN501Y等の特異的な変異を有し、BA.1の特異的な変異としてはins214EPE等がある。そのため、変異株スクリーニング検査として、アルファ株やデルタ株検出用に使用されていたリアルタイムPCR系の使用が可能であり、さらに、E484Aやins214EPEのリアルタイムPCRを用いることで、オミクロン株のスクリーニング検査を確実に行うことが可能である（表1）。

東京都では、12月3日から東京都健康安全研究センターで実施した陽性例および変異株検査依頼で搬入された検体を対象にオミクロン株を対象とした変異株スクリーニング検査を開始した。オミクロン株の可能性のある検体を早期に絞り込むためには、L452R変異PCR検査に加え、N501Y変異、E484A変異、ins214EPE等を検出する方法を状況に合わせて使用している（表2）。

2022年1月末現在、日々国内各地で過去最多の感染者数が報告されており、東京都でも1日の感染者数が1万人を超えている。海外では既にオミクロン株の感染者数がピークアウトしてきている国も出てきているが、我が国においては、未だ予断を許さない状況である。オミクロン株の動向も含め、SARS-CoV-2陽性例に対する変異株スクリーニング検査を今後も継続的に実施していく必要がある。

<引用文献>

- 1) WHO: Tracking SARS-CoV-2 variants.
<https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>

2) ECDC: Implications of the further emergence and spread of the SARS-CoV-2 B.1.1.529 variant of concern (Omicron) for the EU/EEA – first update 2 December
<https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/threat-assessment-covid-19-emergence-sars-cov-2-variant-omicron-december-2021.pdf>

3) Omicron Variant Report, 2022.
<https://outbreak.info/situation-reports/omicron>

(いずれも 2022 年 1 月 31 日現在。URL は変更または抹消の可能性がある)

(微生物部 長島真美)

表1. スパイクタンパク領域に変異を持つ変異株

WHO分類	WHO label	Pango lineage	スパイクタンパク領域のアミノ酸変異				
			N501Y	del 69-70	E484K/A	L452R/Q	ins214EPE
VOC	Alpha	B.1.1.7	Y	del	E	L	—
	Beta	B.1.351	Y	—	K	L	—
	Gamma	P.1	Y	—	K	L	—
	Delta	B.1.617.2	N	—	E	R	—
	Omicron	BA.1	Y	del	A	L	+
		BA.2	Y	—	A	L	—
VOI	Lamda	C.37	N	—	E	Q	—
	Mu	B.1.621	Y	—	K	L	—

VOC: Variant of Concern, VOI: Variant of Interest

表2. 変異株検出用リアルタイム PCR のプライマーおよびプローブ

検出対象	名前	塩基配列 (5'→3')
S_E484A	S_E484A-F	TCTATCAGGCCGGTARCAMACC
	S_E484A-R	AGTGGGTYGGAAACYATATGATYG
	S_E484a	FAM-ATGGTGTGaAGGTTT-MGB
	S_A484c	VIC-GGTGTTGcAGGTTT-MGB
S_ins214EPE	Omi_ins214s-F1	TTCTAAGCACACGCCTATTATAGTGC
	Omi_ins214s-R1	TAAAGCCGAAAAACCCTGAGG
	Omi_ins214s	FAM-TGAGCCAGAAGATC-MGB

表1 病原体搬入・検出状況(4種等)*

2021年12月分

機関名		コレラ菌	赤痢菌	チフス菌	パラチフス A菌	腸管出血性 大腸菌	結核菌
区	千代田区					2	
	中央区						
	港区						
	新宿区					1	2
	文京区						
	台東区						3
	墨田区						
	江東区						
	品川区						
	目黒区						
	大田区						1
	世田谷区						
	渋谷区						
	中野区						
	杉並区					2	
	豊島区						
	北区						
	荒川区					2	
	板橋区					1	1
	練馬区						
足立区					4		
葛飾区							
江戸川区							
市	町田市						
	八王子市					2	1
小 計						14	8
都	西多摩					1	
	多摩立川					1	
	南多摩						
	多摩府中						
	多摩小平					1	
	島しょ						
小 計						3	
合 計						17	8
健康安全研究センター 検出分						6	

*2016年4月より、各保健所から搬入された検体を集計することとした。

表2 検体搬入状況(全数把握対象疾患-五類)*

2021年12月分

	検体数	2021年累計
侵襲性インフルエンザ菌感染症(菌)	2	20
侵襲性髄膜炎菌感染症(菌)		
侵襲性肺炎球菌感染症(菌)	5	51
カルバペネム耐性腸内細菌科細菌感染症(菌)	5	50
播種性クリプトコックス症(菌)		11
合計	12	132

表3 病原微生物検出状況(食中毒関連)

2021年12月分

	菌種名	検体数	2021年累計
細菌	大腸菌		
	毒素原性		
	組織侵入性		
	病原血清型		
	腸管出血性		1
	その他・不明		
	サルモネラ		
	O4		2
	O7		5
	O8		1
	O9		5
	その他		3
	不明		
	腸炎ビブリオ		
	カンピロバクター	13	97
	黄色ブドウ球菌	4	32
	F型ウエルシュ菌		161
ボツリヌス菌			
F型ボツリヌス毒素産生 クロストリジウム・バラティイ		2	
セレウス菌		2	
ウイルス	ノロウイルス(G I)	20	40
	ノロウイルス(G II)	5	230
	ノロウイルス(G I,G II)		2
	ロタウイルス		
	サポウイルス		
寄生虫	アニサキス	3	40
	クドア		
合計		45	623

表4 HIV 検査数及び陽性数

2021年12月分

	男性		女性		性別不明		合計	
	検査数	陽性数	検査数	陽性数	検査数	陽性数	検査数	陽性数
東京都新宿東口検査・相談室	664	2	225	0	0	0	889	2
保健所等	68	1	26	0	0	0	94	1
合計	732	3	251	0	0	0	983	3
2021年累計	8,284	106	2,777	1	4	0	11,065	107

*:2021年3月より名称変更

表5 性感染症検査数及び陽性数

2021年12月分

	梅毒検査		クラミジア遺伝子検査		淋菌遺伝子検査	
	検査数	陽性	検査数	陽性	検査数	陽性
東京都新宿東口検査・相談室	917	92	394	21	394	1
保健所等	87	2	97	6	38	0
合計	1,004	94	491	27	432	1
2021年累計	11,291	1,139	2,403	146	1,992	6

*:2021年3月より名称変更

定点把握疾患別病原体分離状況（ウイルス）

過去3か月

定点種別	対象疾患名	検出病原体	10月	11月	12月	合計
小児科	咽頭結膜熱	アデノウイルス		1		1
		エンテロウイルス	1	2		3
		RSウイルス	1			1
	手足口病	エンテロウイルス		1	1	2
	RSウイルス感染症	RSウイルス	2		1	3
		パラインフルエンザ				
	ヘルパンギーナ	エンテロウイルス		1		1
	不明発疹症	エンテロウイルス				
		RSウイルス	1			1
パラインフルエンザ		1			1	

◆東京都微生物検査情報◆

2022年2月10日

編集・発行

東京都健康安全研究センター

東京都感染症情報センター

〒169-0073

東京都新宿区百人町 3-24-1

TEL:03-3363-3213

FAX:03-5332-7365

S0000786@section.metro.tokyo.jp

<https://idsc.tmiph.metro.tokyo.lg.jp/>

(2022年1月12日よりURLを変更しました)