

コ型は、Ⅱが1株、Ⅲが3株、Ⅳが1株、Ⅴが3株であり、MRSA および MSSA の2種類が分離された1件は、いずれもⅧ型であった。また、MSSA 6株のコ型はⅢおよびⅣが共に3株であった。

毒素産生性は、MRSA のコ型：Ⅲの3株が SEC+TSST-1 産生性であり、MSSA のコ型：Ⅲの3株中1株が、SEC+TSST-1 産生株であった。また、Toxic Shock 疑いで搬入された MSSA は、コ型：Ⅳ、SEA+TSST-1 産生株であった。

### 3 性感染症 (STI) 病原体定点から搬入された検体の検査結果

#### (1) クラミジア・淋菌遺伝子検査・細菌分離同定

2009年1月から12月に性感染症病原体定点から搬入された284件について検査を実施した。搬入検体の内訳は、女性では子宮頸管擦過(分泌物(スワブ))16件および尿1件の計17件、男性では陰部尿路擦過物(スワブ)60件および尿206件、性別不明の尿1件の計284件である。遺伝子検査については、各検体から核酸抽出後、クラミジア・トラコマチスおよび淋菌遺伝子の検索をPCR法で行った。

また、クラミジア・トラコマチス遺伝子については、抗原となる主要外膜蛋白をコードする *omp1* の一部可変領域を含む遺伝子配列を保存領域として作成した共通プライマーで特異遺伝子増幅後、NCBI (米国生物学情報センター) の核酸データベースにおける BLAST 検索、ならびに系統樹解析により血清型を判定した。

淋菌およびその他の菌の分離培養は、5%ウマ血液寒天培地およびサイヤ・マーチン寒天培地を用い、発育した集落について菌種を同定した。同定された淋菌については薬剤感受性試験を行った。

検体の年齢構成および検査成績を表3に示した。クラミジア・トラコマチス遺伝子は女性9例(52.9%)、男性89例(33.5%)で検出された。淋菌遺伝子は女性では1例(5.9%)、男性57例(21.4%)で検出された。これらのうち男性では26例でクラミジア・トラコマチス遺伝子と淋菌遺伝子が共に検出された。

淋菌遺伝子が検出された女性1例と男性57例のうち43例(75.4% 男性全体の16.2%)で淋菌が分離された。淋菌以外で分離された主な菌は髄膜炎菌が男性2例(0.8%)、A群溶血性レンサ球菌が女性1例(5.9%)、男性7例(2.6%)、B群溶血性レンサ球菌は女性3例(17.6%)、男性45例(16.9%)、および性別不明の1例から分離された。また、カンジダ・アルビカンスは女性1例(5.9%)、男性4例(1.5%)から分離された。

診断別の検査成績を表4に示した。クラミジア感染症では女性10例のうち5例(50.0%)に、男性では215例のうち64例(29.8%)にクラミジア・トラコマチス遺伝子が検出され、20例(9.3%)に淋菌遺伝子が検出された。クラミジア・トラコマチス遺伝子と淋菌遺伝子共に検出されたのは男性の3例であった。この他男性2例(9.3%)から髄膜炎菌、男性4例(1.9%)からA群溶血性レンサ球菌、女性2例(20.0%)、男性40例(18.6%)からB群溶血性レンサ球菌、女性1例(10%)、男性3例(1.4%)からカンジダ・アルビカンスが分離された。

淋菌感染症では女性の1例、男性では48例中37例(77.1%)で淋菌遺伝子が検出された。また男性では25例(52.1%)からクラミジア・トラコマチス遺伝子が検出されているが、このうちの23例からはクラミジア・トラコマチス遺伝子と淋菌遺伝子共に検出された。淋菌以外ではA群溶血性レンサ球菌が男性2例(4.2%)、B群溶血性レンサ球菌が男性4例(8.3%)から分離された。

表 3. 性感染症病原体定点から搬入された検体の年齢階級別内訳と検査成績

年齢群	検査数 男、女計 に対する 割合		遺伝子検査				細菌分離										
			クラミジア トラコマチス		淋菌		ナイセリア属		溶血性レンサ球菌		カンジダ アルビカンス						
							淋菌	髄膜炎菌	A 群	B 群							
女性	10歳代	2	11.8%	1	50.0%							1	50.0%				
	20歳代	7	41.2%	3	42.9%					1	14.3%						
	30歳代	6	35.3%	4	66.7%	1	16.7%	1	16.7%			2	33.3%				
	40歳代																
	50歳代	1	5.9%														
	60歳代	1	5.9%	1	100%					1	100.0%						
	計	17		9	52.9%	1	5.9%	1	5.9%	1	5.9%	3	17.6%	1	5.9%		
男性	10歳代	1	0.4%	1	100%												
	20歳代	65	24.4%	22	33.8%	19	29.2%	12	18.5%	1	1.5%	10	15.4%	1	1.5%		
	30歳代	89	33.5%	35	39.3%	18	20.2%	15	16.9%	2	2.2%	2	2.2%	15	16.9%	2	2.2%
	40歳代	67	25.2%	22	32.8%	15	22.4%	12	17.9%			3	4.5%	10	14.9%		
	50歳代	31	11.7%	7	22.6%	5	16.1%	4	12.9%			1	3.2%	7	22.6%		
	60歳代	8	3.0%											2	25.0%	1	12.5%
	不明	5	1.9%	2	40.0%									1	20.0%		
	計	266		89	33.5%	57	21.4%	43	16.2%	2	0.8%	7	2.6%	45	16.9%	4	1.5%
不明	1												1	100%			
合計	284		98	34.5%	58	20.4%	44	15.5%	2	0.7%	8	2.8%	49	17.3%	5	1.8%	

表 4. 診断別の検査成績

診断 (疑い例を含む)	検査数 男、女計 に対する 割合		遺伝子検査				細菌分離										
			クラミジア トラコマチス		淋菌		ナイセリア属		溶血性レンサ球菌		カンジダ アルビカンス						
							淋菌	髄膜炎菌	A 群	B 群							
女性	クラミジア感染症	10	58.8%	5	50.0%						2	20.0%	1	10.0%			
	淋菌感染症	1	5.9%	1	100.0%	1	100.0%	1	100.0%								
	トリコモナス感染症	3	17.6%	1	33.3%												
	その他	3	17.6%	2	66.7%					1		1					
	計	17		9	52.9%	1	5.9%	1	5.9%	1	5.9%	3	17.6%	1	5.9%		
男性	クラミジア感染症	215	80.8%	64	29.8%	20	9.3%	14	6.5%	2	0.9%	4	1.9%	40	18.6%	3	1.4%
	淋菌感染症	48	18.0%	25	52.1%	37	77.1%	29	60.4%			2	4.2%	4	8.3%		
	その他	3	1.1%									1	33.3%	1	33.3%	1	
	計	266		89	33.5%	57	21.4%	43	16.2%	2	0.8%	7	2.6%	45	16.9%	4	1.5%
不明	クラミジア感染症	1											1	100%			
合計	284		98	34.5%	58	20.4%	44	15.5%	2	0.7%	8	2.8%	49	17.3%	5	1.8%	

クラミジア・トラコマチス遺伝子陽性の 98 例のうち血清型が同定出来たのは 41 例あり、その分布を表 5 に示した。その結果、D、E が 63.4% を占めることが判明した。分類学上クラミジア・トラコマチスの血清型は、B 群 (B、Ba、D、E、L1、L2)、C 群 (A、C、H、I、J、K、L3) およびその中間群 (F、G) に分けられ、一部血清型にはその亜型も存在する。世界的には地域により分布が異

なるとされているが、2009年の調査結果は日本国内の既報告と一致するものであった。

表 5. クラミジア・トラコマチス血清型の分布

D	E	F	G	H	Ia	J	K
13	13	3	3	1	2	1	5
31.7%	31.7%	7.3%	7.3%	2.4%	4.9%	2.4%	12.2%

次に分離された淋菌 44 株の薬剤耐性試験の結果を表 6 に示す。ペニシリンでは最小発育阻止濃度が中等度 (0.125µg/ml) 以上の耐性株は 36 株(81.8%)あり、そのうちの 2 株は β ラクタマーゼ産生株であった。テトラサイクリンでは中等度 (0.5µg/ml) 以上の耐性株は 18 株(40.9%)、シプロフロキサシンでは中等度 (0.125µg/ml) 以上の耐性株は 31 株(70.5%)、セフロキシムでは中等度 (2µg/ml) 以上の耐性株は 14 株(31.8%)あった。セフトキシム、セフトリアキソン、およびスペクチノマイシンではすべての株が感受性を示した。

表 6. 分離された淋菌の薬剤感受性試験の成績

	ペニシリン PCG	テトラ サイクリン TC	シプロフロ キサシン CPFX	セフロ キシム CXM	セフトク キシム CTX	セフトリ アキソン CTR	スペクチノ マイシン SPCM
耐性	5	6	30	12	0	0	0
中等度耐性	31	12	1	2	0	0	0
感受性	8	26	13	30	44	44	44

## (2) ヒトパピローマウイルス (HPV) の遺伝子検査

2009年1月から12月に、STI病原体定点医療機関から37例の検体（陰部尿道擦過物、尖圭コンジローマの皮膚病巣拭いまたは生検材料）が搬入された。

試料よりウイルス DNA を抽出した後、キャプシド蛋白をコードする L1 領域を対象とした HPV 遺伝子の検出を行った。また、標的遺伝子が検出された場合、塩基配列を決定し NCBI Blast を用いた相同性検索により遺伝子型を同定した。さらに、得られた遺伝子型を子宮頸がん等へのリスク評価 (High 及び Low リスク) に基づいて分類した。

その結果、37 件中 27 件 (73.0%) から HPV 遺伝子を検出した。リスク評価による分類では、16、53 型などの High リスク群に分類されたものは 2 件 (5.4%)、6、11 型などの Low リスク群に分類されたものは 25 件 (67.6%) であった。

## (3) 単純ヘルペスウイルス (HSV : HSV-1 型及び HSV-2 型) の遺伝子検査

2009年1月から12月に、STI病原体定点医療機関から79件の検体（陰部尿道擦過物、性器ヘルペス感染症の水疱内容物または皮膚病巣拭い）が搬入された。

試料よりウイルス DNA を抽出した後、キャプシド蛋白をコードする glycoprotein D 領域を対象とした real-time PCR 法による HSV の遺伝子検査を実施した。

その結果、79 件中 12 件 (15.2%) から HSV-1 型、24 件 (30.4%) から HSV-2 型の遺伝子を検出した。