

第 2 章

東京都感染症発生動向調査事業における病原体情報

東京都健康安全研究センターでは感染症法により位置づけられた感染症発生動向調査事業で、東京都内の病原体定点医療機関で臨床診断された疾患名を基に搬入された検体について、病原体検索・解析（ウイルス検査ならびに細菌検査）を行っている。それらの結果を疾病毎に検出病原体、遺伝子（血清）型解析等と共に、1月～12月（インフルエンザおよび感染性胃腸炎については流行シーズン）でまとめた。なお、2016年感染症発生動向調査事業実施要綱の一部改正に伴い設定した検体提出数の基準では、発生動向の疫学解析に足る検体数、病原体検出数の確保ができなかったため、2017年に一部緩和し、搬入数および検査項目数の設定を変更している。

種別	診断名		検体数
小児科	R S ウイルス感染症	伝染性紅斑	週 1 ～ 2 検体 ^{※1}
	咽頭結膜熱	突発性発しん	
	A群溶血性レンサ球菌咽頭炎	百日咳	
	感染性胃腸炎	ヘルパンギーナ	
	水痘	流行性耳下腺炎	
	手足口病		
	不明発しん症（都単独）	川崎病（都単独）	
	内科	インフルエンザ又はインフルエンザ様疾患 （上気道炎・下気道炎を含む）	
眼科	急性出血性結膜炎		週 1 ～ 2 検体
	流行性角結膜炎		
性感症	性器クラミジア感染症		週 1 ～ 2 検体
	性器ヘルペスウイルス感染症		
	尖圭コンジローマ（HPV感染症）		
	淋菌感染症		
	膣トリコモナス症（都単独）		
基幹	感染性胃腸炎（病原体がロタウイルスであるものに限る）		週 2 検体
	細菌性髄膜炎（インフルエンザ菌、髄膜炎菌、肺炎球菌が同定された場合は除く）		
	無菌性髄膜炎		
	クラミジア肺炎（オウム病を除く）		
	ペニシリン耐性肺炎球菌感染症		
	マイコプラズマ肺炎		
	メチシリン耐性黄色ブドウ球菌感染症		
	薬剤耐性緑膿菌感染症		
	インフルエンザ（鳥インフルエンザは除く。入院患者のみ）		

※1 流行状況に応じて、1～2疾患の検体を提出する。

※2 都内定点医療機関当たりの患者報告数が1を超えた時点から1を下回る時点まで、都からの通知による。

1 ウイルス検査結果

(1) 小児科・内科・基幹病原体定点医療機関からの搬入検体

ア インフルエンザ

① 2016/2017 年シーズンのインフルエンザウイルス検出状況

インフルエンザウイルスの流行シーズンは、毎年9月（第36週）を境にシーズン分けされており、2017年の前半は2016/2017年シーズン、2017年の後半は2017/2018年シーズンとなる。2016/2017年シーズン（2016年第36週～2017年第35週）は、インフルエンザ病原体定点医療機関より535検体が搬入された。遺伝子検査ではAH1pdm09 15件（3.4%）、AH3亜型 315件（71.1%）、B型 113件（Victoria系統 55件：12.4%、B型 Yamagata系統 58件：13.1%）の計443件が検出され、流行の大半をAH3亜型が占めていたことが明らかとなった（図1a、図2a）。ウイルス分離検査では、AH1pdm09 12株、AH3亜型 269株、B型 106株（Victoria系統 52株、Yamagata系統 54株）の計387株が分離された。

② 2017/2018 年シーズンのインフルエンザウイルス検出状況

2017/2018年シーズン（2017年第36週～2018年3月末の第13週）は、インフルエンザ病原体定点医療機関より603検体が搬入された。遺伝子検査ではAH1pdm09 106件（20.3%）、AH3亜型 165件（31.5%）、B型 252件（Victoria系統 3件：0.6%、Yamagata系統 249件：47.6%）の計523件が検出され、流行の半数近くをB型 Yamagata系統が占めていたことが明らかとなった（図1b、図2b）。ウイルス分離検査では、AH1pdm09 97株、AH3亜型 131株、B型 221株（Victoria系統 3株、Yamagata系統 218株）の計449株が分離された。

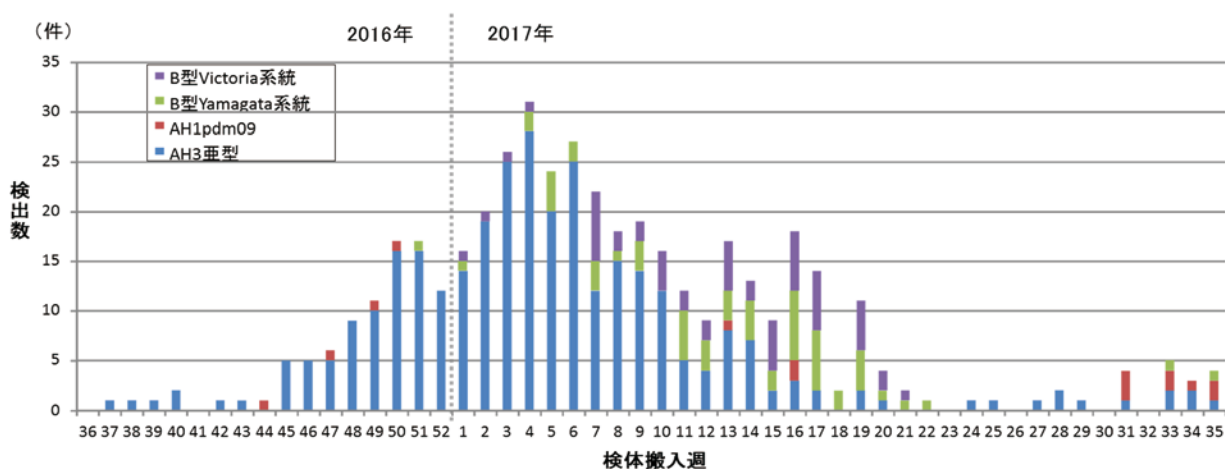


図 1a. 2016/2017 年シーズンのインフルエンザウイルス遺伝子検出数

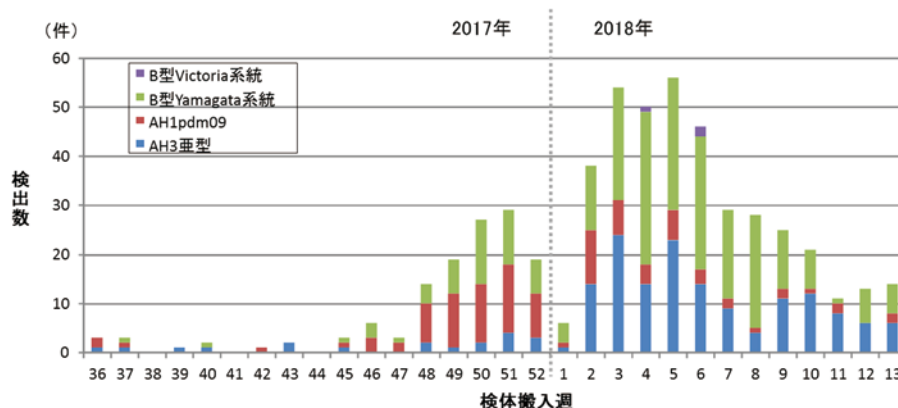


図 1b. 2017/2018 年シーズンのインフルエンザウイルス遺伝子検出数（2018 年 3 月末現在）

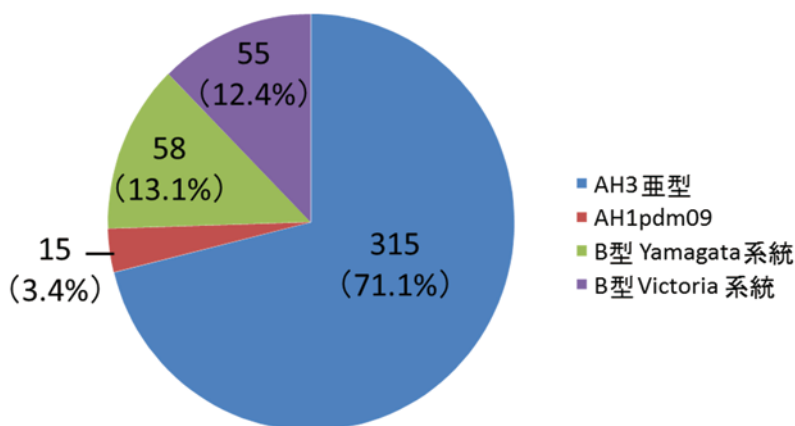


図 2a. 2016/2017 年シーズンのインフルエンザウイルス遺伝子検出状況

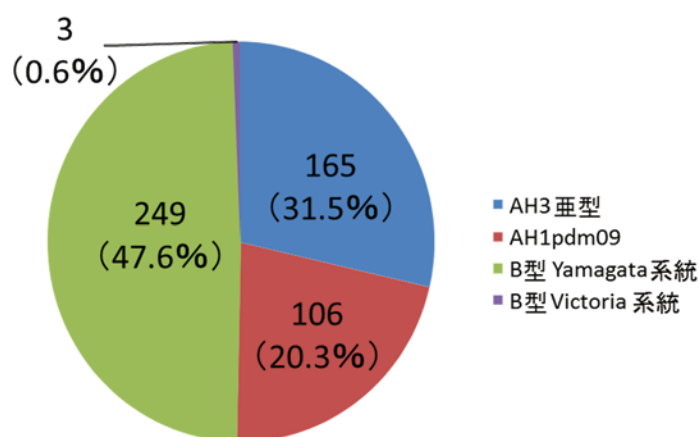


図 2b. 2017/2018 年シーズンのインフルエンザウイルス遺伝子検出状況 (2018 年 3 月末現在)

③ インフルエンザウイルスの抗原解析

遺伝子解析及びワクチン株抗血清を用いた HI 試験により、インフルエンザウイルスの抗原性状を比較した。遺伝子解析は、RT-nested PCR 検査によって得られた HA (ヘマグルチニン) 遺伝子の一部断片を用いてダイレクトシーケンスにより塩基配列を決定し、ワクチン株と分子系統樹上で比較した。分離株の性状解析は、国立感染症研究所配布のインフルエンザサーベイランスキット抗血清を用いた HI 試験 (1.0% モルモット赤血球浮遊液を使用) により行った。

AH1pdm09 は、2016/2017 年シーズンの流行株とワクチン株 (A/California/07/2009) を比較したところ、解析範囲 (571 塩基) の遺伝子変異は 15~20 塩基、相同性は 96.7%~97.5%であった。系統樹上ではワクチン株と異なるクレードに属していたが、HI 試験による抗原性状を比較したところ、ワクチン株と同等の反応性がみられ、抗原性に大きな変異はないと推察された (図 3)。2017/2018 年シーズンはワクチン株が A/California/07/2009 から A/Singapore/GP1908/2015 に変更された。2017/2018 年シーズンの流行株とワクチン株を比較すると、解析範囲の遺伝子変異は 6~12 塩基、相同性は 97.9%~99.0%であった。系統樹上では同じクレードに属し、HI 試験による抗原性状を比較したところ、ワクチン株と同等の反応性がみられた。

AH3 亜型は、2016/2017 年シーズンの流行株とワクチン株 (A/Hong Kong /4801/2014) を比較すると、解析範囲 (329 塩基) に 2~8 塩基の変異がみられ、相同性は 97.5%~99.3%であった。HI 試験では約

90%以上の株でワクチン株との反応性の低下（ホモ HI 価から 8 倍以上の低下）がみられ、ワクチン株と流行株との抗原性の相違が推察された。2017/2018 年シーズンの流行株とワクチン株を比較すると、解析範囲に 8～11 塩基の変異がみられ、相同性は 96.6%～97.5%であった。系統樹上では、全ての流行株はワクチン株と同じクレードに属していた（図 4）。しかし分離株は、HA 価が 8 倍未満で HI 試験が実施できないものが約 70%あった。HA 価が 8 倍以上で HI 試験が実施できた株では、約 54%でワクチン株抗体との反応性の低下がみられた。

B 型 Victoria 系統では、2016/2017 年シーズンの流行株とワクチン株（B/Texas/02/2013）を比較すると、解析範囲（285 塩基）での遺伝子変異は 4～6 塩基であり、相同性は 97.9%～98.6%であった（図 5）。HI 試験では約 80%の株でワクチン株と同等の反応性がみられ、約 20%の株でワクチン株抗体との反応性の低下がみられた。2017/2018 年シーズンの流行株とワクチン株では、解析範囲での遺伝子変異は 4～5 塩基であり、相同性は 98.2%～98.6%であった。HI 試験では、3 株中 2 株でワクチン株と同等の反応性がみられ、1 株でワクチン株抗体との反応性の低下がみられた。

B 型 Yamagata 系統では、2016/2017 年シーズンの流行株とワクチン株（B/Phuket/3073/2013）を比較すると、解析範囲（282 塩基）での遺伝子変異は 5～9 塩基、相同性は 96.8%～98.3%であった。HI 試験では約 80%の株でワクチン株と同等の反応性がみられ、約 20%の株でワクチン株抗体との反応性の低下がみられた。2017/2018 年シーズンの流行株とワクチン株を比較すると、解析範囲での遺伝子変異は 6～12 塩基、相同性は 96.3～98.0%であった。HI 試験では約 75%の株でワクチン株と同等の反応性がみられ、約 25%の株でワクチン株抗体との反応性の低下がみられた。

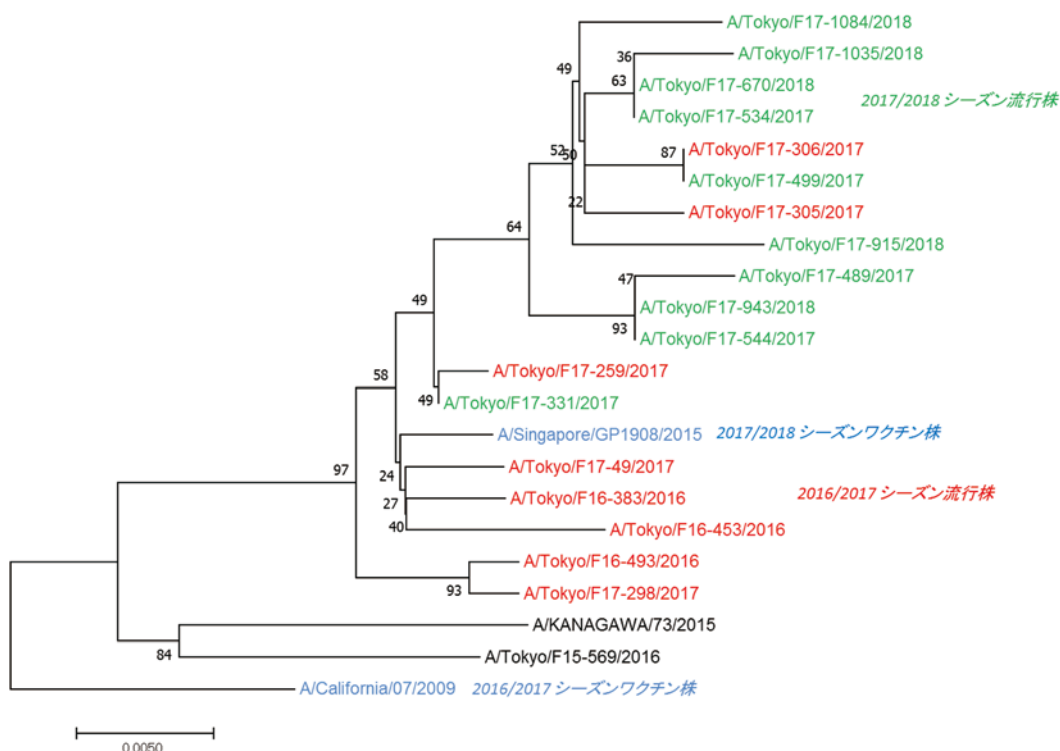


図 3. 東京都における AH1pdm09 インフルエンザウイルスの HA 分子系統樹

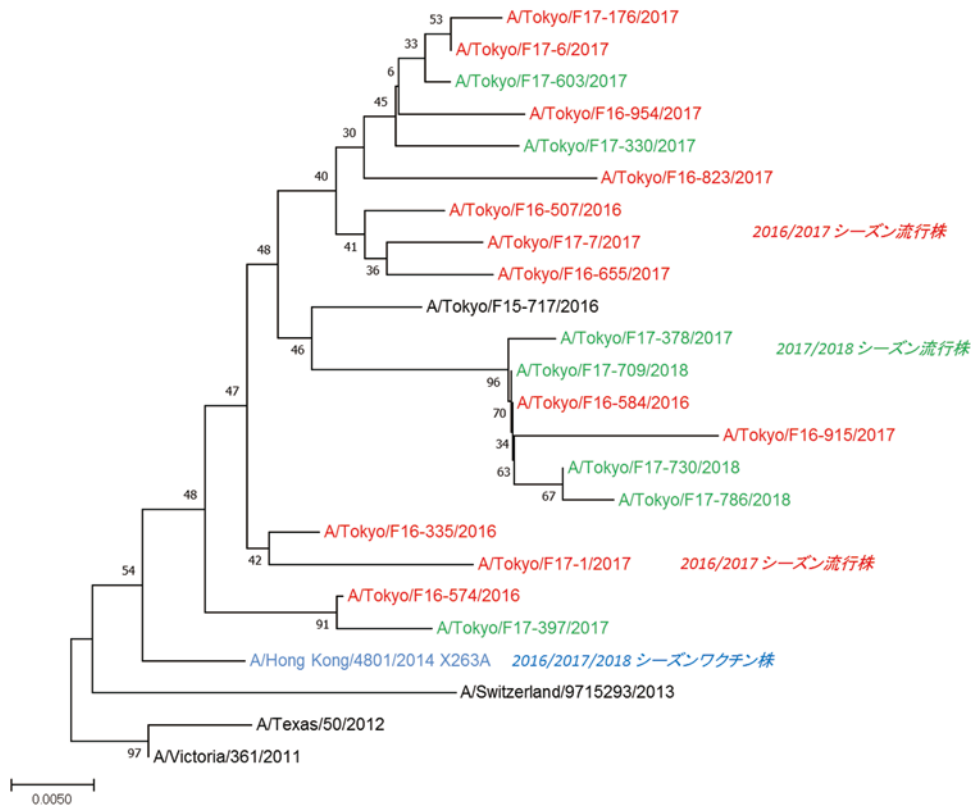


図 4. 東京都における AH3 亜型インフルエンザウイルスの HA 分子系統樹

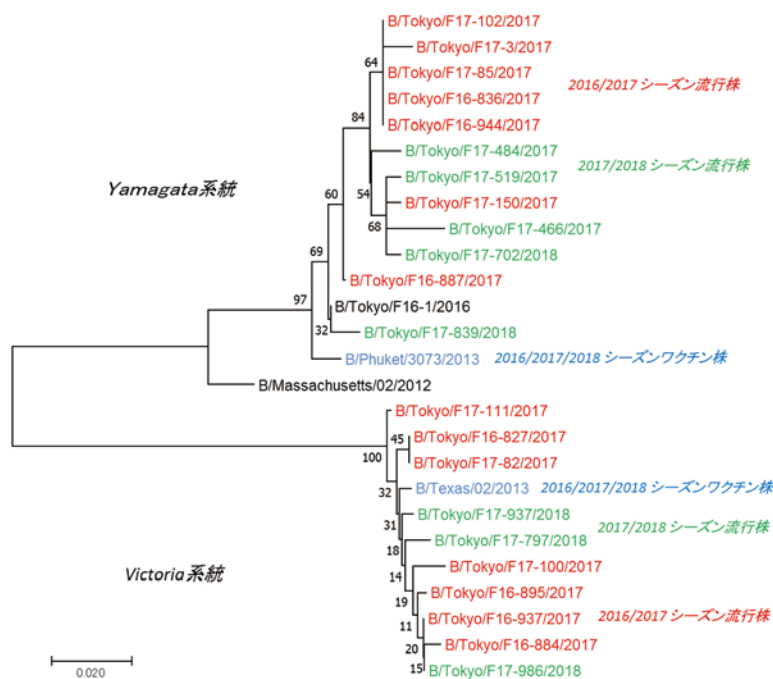


図 5. 東京都における B 型インフルエンザウイルスの HA 分子系統樹

④ その他のウイルスの検出状況

インフルエンザの検査と同時に、エンテロウイルス、アデノウイルスの遺伝子検査を行った。2016/2017 年シーズンは 535 検体が搬入され、エンテロウイルス 6 件、ライノウイルス 14 件、アデノウイルス 20 件が検出された（図 6a）。2017/2018 年シーズンは 603 検体が搬入され、エンテロウイル

ス 6 件、ライノウイルス 14 件、アデノウイルス 16 件が検出された（図 6b）。また、ヘルペスウイルス 1 型とインフルエンザウイルス（B 型 Yamagata 系統）が同時に検出された検体が 1 件あった。両シーズンともライノウイルスとアデノウイルスは、インフルエンザの流行期にインフルエンザウイルスと同時に検出される例が多かった。

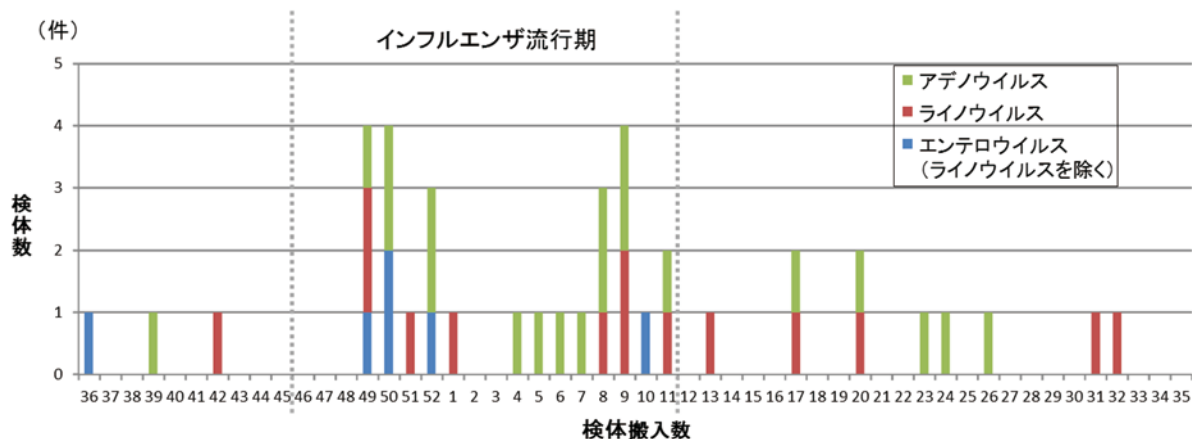


図 6a. 2016/2017 年シーズンのエンテロウイルス、アデノウイルス遺伝子検出数

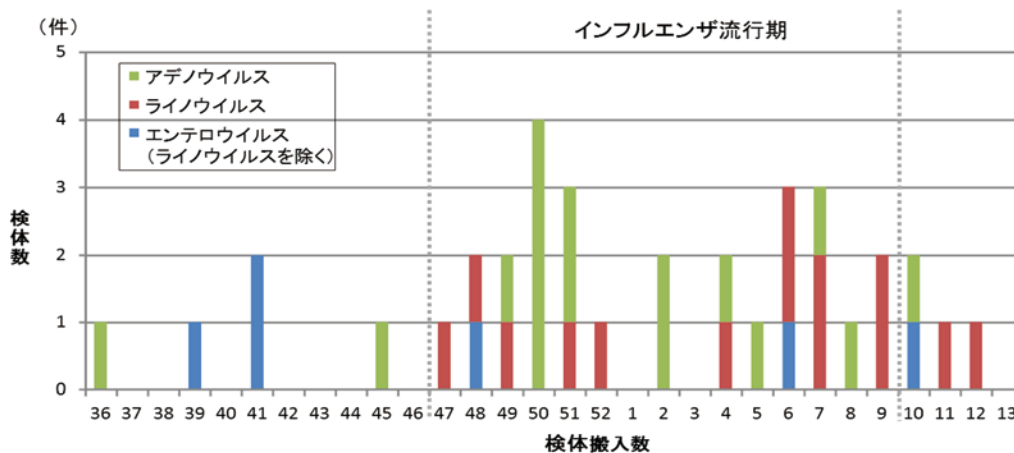


図 6b. 2017/2018 年シーズンのエンテロウイルス、アデノウイルス遺伝子検出数
(2018 年 3 月末現在)

イ RS ウイルス感染症

小児科定点医療機関で RS ウイルス感染症と診断され当センターに搬入された患者検体 42 件について、RS ウイルス等の遺伝子検査及びウイルス分離試験を実施した。このうち 38 件から RS ウイルス遺伝子が検出され（A 型 27 件、B 型 11 件）、2 件からヒトメタニューモウイルス遺伝子が検出された。また、ライノウイルス遺伝子が 4 件、コクサッキーウイルス遺伝子とエコーウイルス遺伝子がそれぞれ 1 件検出された（複数検出含む）。また RS ウイルス A 型 11 件、B 型 4 件が分離された。他にはアデノウイルス 1 型、同ウイルス 2 型、コクサッキーウイルス、エコーウイルスがそれぞれ 1 件、アデノウイルスが 2 件分離された（表 1）。検体搬入月別に RS ウイルスの検出状況を見ると A 型は 9 月をピークとして 6 月から 12 月まで一峰性の流行が見られたが、B 型は 1 月から 10 月までほぼ毎月 1～2 件の検出が続き、流行のピークは見られなかった（図 7）。

表 1. RS ウイルス感染症患者検体から検出されたウイルスの内訳（重複検出を含む）

検出ウイルス	遺伝子検出件数	分離件数
RSウイルスA型	27	11
RSウイルスB型	11	4
ヒトメタニューモウイルス	2	0
ライノウイルス	4	0
コクサッキーウイルス	1	1
エコーウイルス	1	1
アデノウイルス	0	2
陰性	1	25

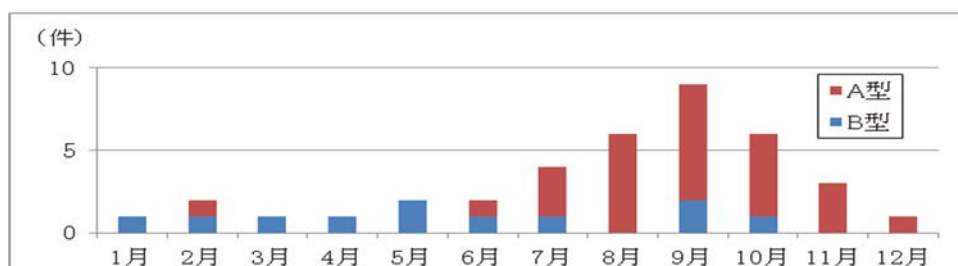


図 7. RS ウイルス感染症患者検体からの RS ウイルス検出状況

ウ 咽頭結膜熱

小児科定点医療機関で咽頭結膜熱と診断され当センターに搬入された患者検体 54 件についてアデノウイルスの遺伝子検査及び培養細胞を用いたウイルス分離試験を実施した。このうち 34 件からアデノウイルス遺伝子が検出され、9 件からライノウイルス、1 件からコクサッキーウイルス B2 型、4 件からヒトヘルペスウイルス 6 型が検出され、単純ヘルペスウイルス 1 件が分離された（表 2）。検体搬入月別に搬入状況を見ると、6～7 月と 11 月にピークがあるが、実際のアデノウイルスの検出件数から見ると、6 月 7 月にそれぞれ搬入された検体のアデノウイルス陽性数は 3 件と低かったのに対し、11 月 12 月では陽性件数は 6 件ずつと一年で最も多かった。咽頭結膜熱はプール熱とも呼ばれ、夏に発生の多い疾患であると認識されることも多いが、本年は冬季に流行があったことが示唆された。また、6 月から 11 月にかけて高い発熱を特徴とするヒトヘルペスウイルス 6 型や単純ヘルペスウイルスが検出され、呼吸器症状を特徴とするライノウイルス等は年間を通しての検出例がみられた(図 8)。

表 2. 咽頭結膜熱患者検体から検出されたウイルスの内訳（重複感染を含む）

検出ウイルス	遺伝子検出件数	分離件数
アデノウイルス1型	8	6
アデノウイルス2型	11	10
アデノウイルス3型	14	11
アデノウイルス6型	1	0
ライノウイルス	9	0
コクサッキーウイルスB2型	1	0
ヒトヘルペスウイルス6型	4	0
単純ヘルペスウイルス1型	0	1
陰性	13	26

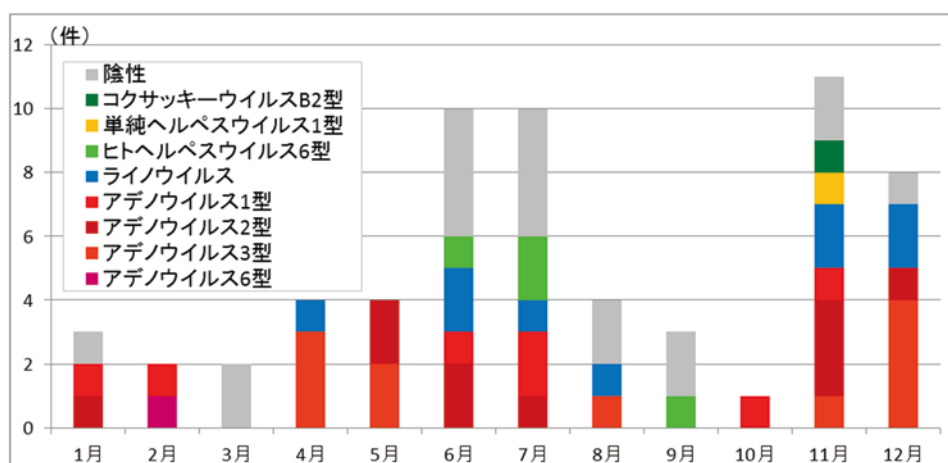


図 8. 咽頭結膜熱患者検体からのウイルス検出状況 (重複感染を含む)

エ 感染性胃腸炎

感染性胃腸炎は流行時期に合わせ、毎年第 36 週から翌年の第 35 週までの 1 年間を感染性胃腸炎の流行シーズンとしている。2017 年は第 35 週までの 2016/2017 年シーズン（2017 年 1 月 1 日から 2017 年 9 月 3 日）と第 36 週以降の 2017/2018 年シーズンに（2017 年 9 月 4 日から 2017 年 12 月 31 日）に分けられる。

小児科定点医療機関及び基幹定点医療機関において感染性胃腸炎（基幹定点医療機関はロタウイルスによるもののみ）と診断され、小児科定点医療機関から搬入された検体についてはノロウイルス、サポウイルス及び A 群ロタウイルス、基幹定点医療機関については A 群ロタウイルス及び C 群ロタウイルスについて遺伝子検査を実施した。第 22 週以降は小児科定点医療機関の検体についてアデノウイルス及びアストロウイルスの遺伝子検査を追加して実施した。

感染性胃腸炎と診断され当センターに搬入された患者検体 129 件について、上述の検査を実施し、うち 83 件からノロウイルス等の感染性胃腸炎の原因となるウイルスが検出され、最も多いのは A 群ロタウイルスであった。ノロウイルスについて見ると、GⅡ.4 は 2016/2017 年シーズン、2017/2018 年シーズンともに最も多く検出されており、2017/2018 年シーズンでは GⅡ.2 が 2 番目に多く検出された（表 3 および図 9）。

表 3. 感染性胃腸炎の患者検体数及び検出遺伝子内訳

	2016/2017	2017/2018	計	遺伝子検査 陽性検体数
小児科定点	76	32	108	63
基幹定点	21	0	21	20
計	97	32	129	83

検出遺伝子	2016/2017	2017/2018
ノロウイルス GⅠ.4	1	0
ノロウイルス GⅡ.2	1	5
ノロウイルス GⅡ.3	1	0
ノロウイルス GⅡ.4	5	8
ノロウイルス GⅡ.17	2	0
サポウイルス	3	5
A 群ロタウイルス	46	0
アデノウイルス	4	0
アストロウイルス	3	0
計	66	18

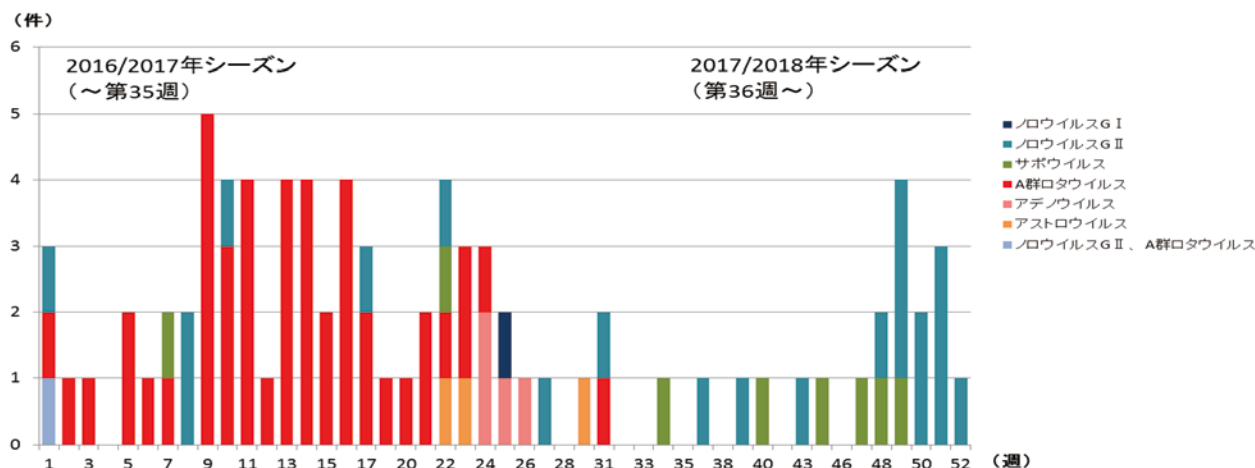


図 9. 感染性胃腸炎患者検体からのウイルス遺伝子検出状況

オ 水痘

小児科定点医療機関で水痘と診断され当センターに搬入された患者検体 32 件について、水痘帯状疱疹ウイルスの遺伝子検査を実施し、このうち 18 件から当該遺伝子が検出されたが、さらに 3 検体からはコクサッキーウイルス A6 型が検出された。当該ウイルスは手足口病の原因ウイルスとして知られ、特に同ウイルスは手足および口内に大きな水疱を形成することがあり、この水泡を事由として診断されたものと思われた。また、ライノウイルスとの混合感染例が 2 件、ライノウイルスが単独で検出された例が 1 件あった（表 4）。さらに、アデノウイルス 2 型が 1 株分離された（図 10）。

表 4. 水痘患者検体から検出されたウイルスの内訳（重複感染を含む）

検出ウイルス	遺伝子検出件数	分離件数
水痘帯状疱疹ウイルス	18	0
ライノウイルス	3	0
コクサッキーウイルスA6型	3	0
アデノウイルス2型	0	1
陰性	9	31

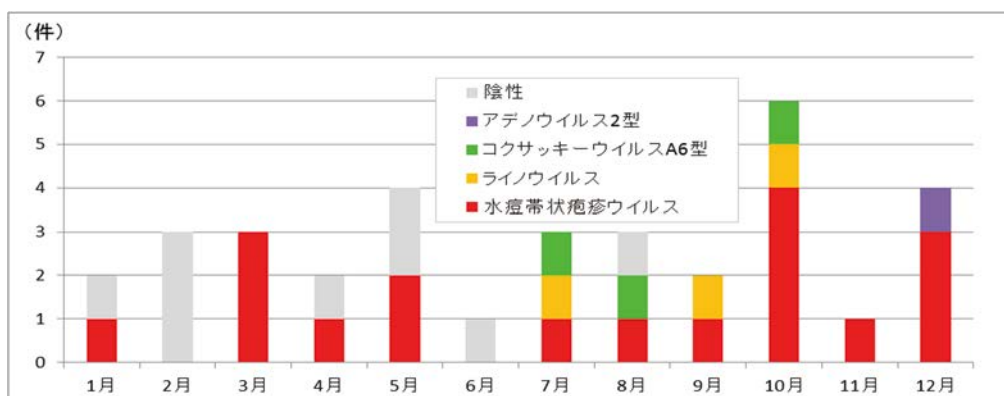


図 10. 月別の水痘患者検体からのウイルス検出状況

カ 手足口病

小児科定点医療機関で手足口病と診断され当センターに搬入された患者検体 136 件について、エンテロウイルスの遺伝子検査及び培養細胞を用いたウイルス分離試験を実施した。このうち 118 件からエンテロウイルスの遺伝子が検出され、コクサッキーウイルス等が 28 件分離された（表 5）。検体搬

入月別に検出状況を見ると、7月をピークとして、10月までに集中して検出されたことが分かる（図11）。検出されたウイルスの半数以上がコクサッキーウイルス A6 型（61.9%）で、次いでエンテロウイルス 71 型（19.5%）、コクサッキーウイルス A10 型（5.9%）、コクサッキーウイルス A16 型（5.1%）となった。分離試験では多くのウイルスが分離できたが、本年の流行株であったコクサッキーウイルス A6 型は分離できなかった。

表 5. 手足口病の患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出件数	分離件数
コクサッキーウイルスA6型	73	0
エンテロウイルス71型	23	19
コクサッキーウイルスA10型	7	1
コクサッキーウイルスA16型	6	4
ライノウイルス	4	1
エコー18型ウイルス	2	2
エコー9型ウイルス	1	1
エンテロウイルス型不明	2	0
陰性	18	108

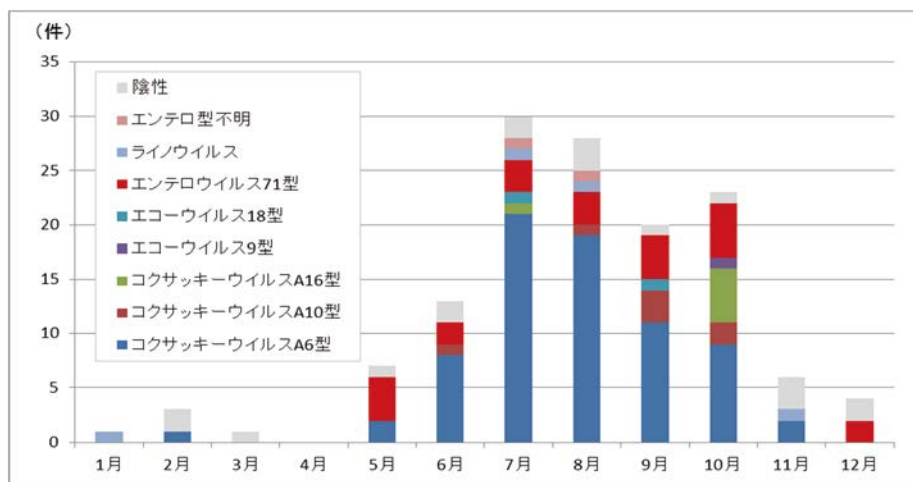


図 11. 手足口病患者検体からの月別ウイルス検出状況

キ 伝染性紅斑

小児科定点医療機関で伝染性紅斑と診断され当センターに搬入された患者検体 19 件について、ヒトパルボウイルス B19 の遺伝子検査を実施し、このうち 5 件から当該遺伝子が検出された。また、ヒトパルボウイルス以外にもエコーウイルス 18 型、ヒトヘルペスウイルス 6 型、ライノウイルスがそれぞれ 1 件検出された(表 6、図 12)。

表 6. 伝染性紅斑の患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出数	分離件数
エコーウイルス18型	1	1
ライノウイルス	1	0
ヒトヘルペスウイルス6型	1	0
ヒトパルボウイルスB19	5	0
陰性	11	18

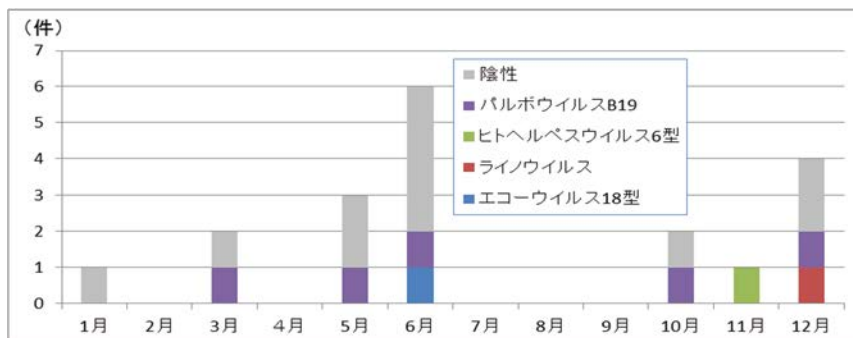


図 12. 伝染性紅斑患者検体からの月別ウイルス検出状況

ク 突発性発しん

小児科定点医療機関で突発性発しんと診断され、当センターに搬入された患者検体 46 件について、遺伝子検査を実施し、このうち 30 件からヒトヘルペスウイルス 6 型、3 件からエコーウイルス 18 型の遺伝子が検出された。ライノウイルスとエコーウイルス 9 型の遺伝子がそれぞれ 2 件検出され、さらにエンテロウイルス 71 型とアデノウイルス 1 型の遺伝子が各 1 件検出されたが、ヒトヘルペスウイルス 7 型の検出はなかった。また、エコーウイルス 18 型 3 株、エコーウイルス 9 型 1 株、アデノウイルス 1 型 1 株が分離された（表 7）。また、検体搬入数は 9 月に最も多く、検出されたウイルスの半数以上はエコーウイルスであった。一般に突発性発しんの原因されるヒトヘルペスウイルスは 5 月に最も多く検出された（図 13）。

表 7. 突発性発しんの患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出件数	分離件数
アデノウイルス1型	1	2
エコーウイルス18型	3	3
エンテロウイルス71型	1	0
エコーウイルス9型	2	1
ヒトヘルペスウイルス6型	30	0
ライノウイルス	2	0
陰性	7	40

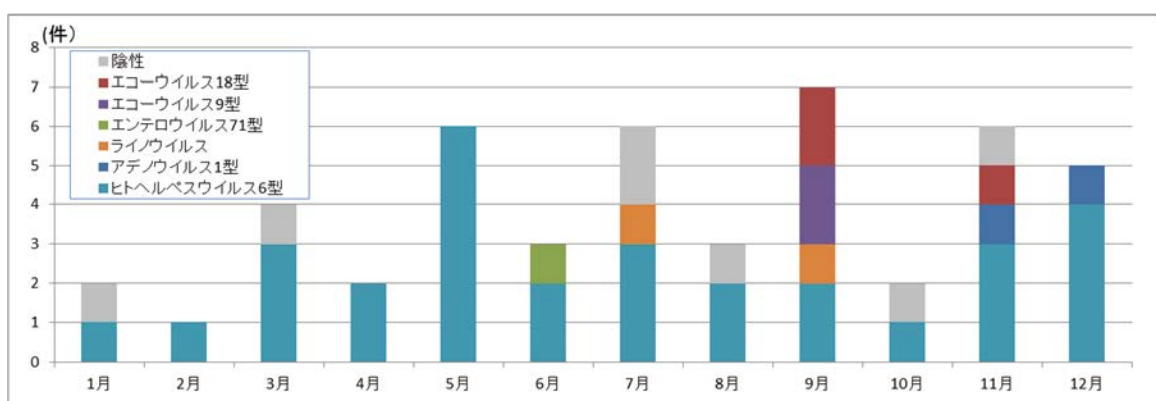


図 13. 突発性発しん患者検体からの月別ウイルス検出状況

ケ ヘルパンギーナ

小児科定点医療機関でヘルパンギーナと診断され当センターに搬入された患者検体 24 件についてエンテロウイルスの遺伝子検査及び培養細胞を用いたウイルス分離試験を実施した。このうち 19 件からコクサッキーウイルス A 群等の遺伝子が検出された（表 8）。搬入月別に検出状況を見ると、6 月を

ピークとして、5月～7月の初夏を中心として搬入されたことが分かった（図 14）。

表 8. ヘルパンギーナ患者検体から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出数	分離件数
コクサッキーウイルスA10型	4	1
コクサッキーウイルスA4型	3	0
コクサッキーウイルスA6型	5	0
エコー18型	1	1
ライノウイルス	2	0
パレコウイルス1型	1	1
ヒトヘルペスウイルス6型	1	0
アデノウイルス2	2	2
陰性	5	19

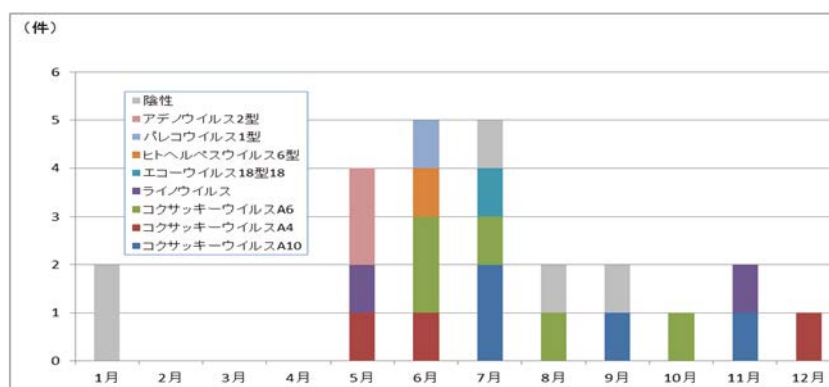


図 14. ヘルパンギーナ患者検体からの月別ウイルス検出状況

コ 流行性耳下腺炎

小児科定点医療機関で流行性耳下腺炎と診断され当センターに搬入された患者検体 76 件について、ムンプスウイルス等の遺伝子検査及び培養細胞を用いたウイルス分離試験を実施した。このうち 28 件からムンプスウイルス遺伝子、7 件から EB ウイルス遺伝子が検出された。また 23 件からムンプスウイルスが分離された（表 9）。ムンプスウイルスおよび EB ウイルスはほぼ年間を通して検出されていたが、ムンプスウイルスは 2 月から 7 月にかけて多く検出される傾向が見られた（図 15）。

表 9. 流行性耳下腺炎の患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出数	分離件数
ムンプス	28	23
EBウイルス	7	0
陰性	41	53

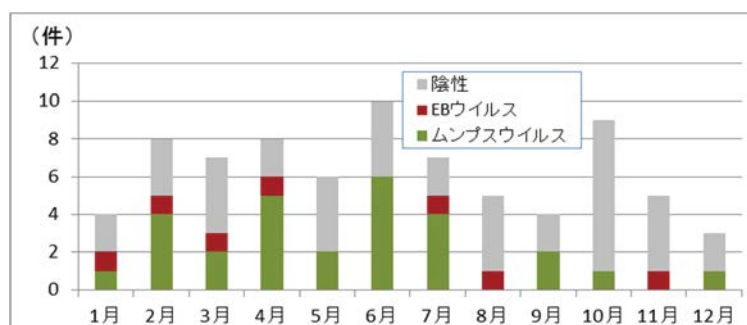


図 15. 流行性耳下腺炎患者検体からの月別ウイルス検出状況

サ 不明発しん症

小児科定点医療機関で不明発しん症と診断され当センターに搬入された患者検体 160 件について、麻しんウイルス、風しんウイルス、ヒトパルボウイルス B19、ヒトヘルペスウイルス 6 型、7 型、エンテロウイルス、パレコウイルスの遺伝子検査を実施し、67 件からウイルス遺伝子が検出された。一番多く検出されたのはヒトヘルペスウイルス 6 型の 24 件で、次いでライノウイルス 14 件、ヒトヘルペスウイルス 7 型とエコーウイルス 9 型が 9 件、パルボウイルス B19 が 7 件、コクサッキーウイルス A6 型 5 件、風しんウイルス 4 件、麻しんウイルス 2 件となった（重複感染を含む、表 10）。遺伝子解析の結果、麻しんウイルスは全てワクチン株であった。分離については、エコーウイルス 9 型がもっとも多く検出されたが、アデノウイルスの遺伝子検査を行わなかった検体から 5 件のアデノウイルスが分離された（表 10）。月別の検出状況は、夏季に検出数が増加する傾向が見られた（図 16）。

表 10. 不明発しん症の患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出数	分離件数
パルボウイルスB19	7	0
パレコウイルス	3	0
麻しんウイルス	2	0
風しんウイルス	4	0
ライノウイルス	14	0
エンテロ型別不明	2	0
エンテロウイルス71型	1	1
エコーウイルス9型	9	7
エコーウイルス7型	1	1
エコーウイルス5型	0	1
エコーウイルス3型	1	1
エコーウイルス18型	1	0
コクサッキーウイルスB2型	1	0
コクサッキーウイルスB3型	0	1
コクサッキーウイルスA6型	5	0
ヒトヘルペスウイルス7型	9	0
ヒトヘルペスウイルス6型	24	0
アデノウイルス1型	0	2
アデノウイルス2型	0	1
アデノウイルス3型	0	2
陰性	76	143

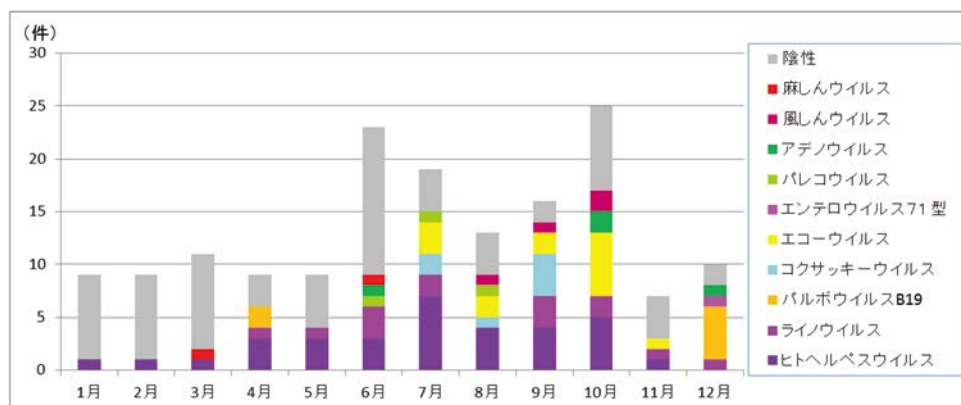


図 16. 不明発しん症患者検体からの月別ウイルス検出状況

シ 川崎病

小児科定点医療機関で川崎病と診断され当センターに搬入された患者検体 6 件について、アデノウイルス等の遺伝子検査及び培養細胞を用いたウイルス分離試験を実施した。その結果コクサッキーウイルス A6 型とライノウイルスが遺伝子検査によってそれぞれ 1 件検出されたが、ウイルス分離はできなかった。

ス 無菌性髄膜炎

基幹定点医療機関で無菌性髄膜炎と診断され当センターに搬入された患者検体 61 件について、エンテロウイルス等の遺伝子検査及び培養細胞を用いたウイルス分離試験を実施した。このうち 11 件からエンテロウイルスやパレコウイルスの遺伝子が検出され、2 件からエンテロウイルス 71 型、エコーウイルス 3 型が分離された（表 11）。検出時期は 6 月から 8 月に多く、最も多く検出されたウイルスはエンテロウイルス 71 型であった（図 17）。

表 11. 無菌性髄膜炎の患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出数	分離件数
エンテロウイルス71型	4	1
エコーウイルス3型	1	1
エコーウイルス9型	1	0
パレコウイルス	2	0
ライノウイルス	1	0
ヒトヘルペスウイルス6型	1	0
ムンプスウイルス	1	0
陰性	50	59

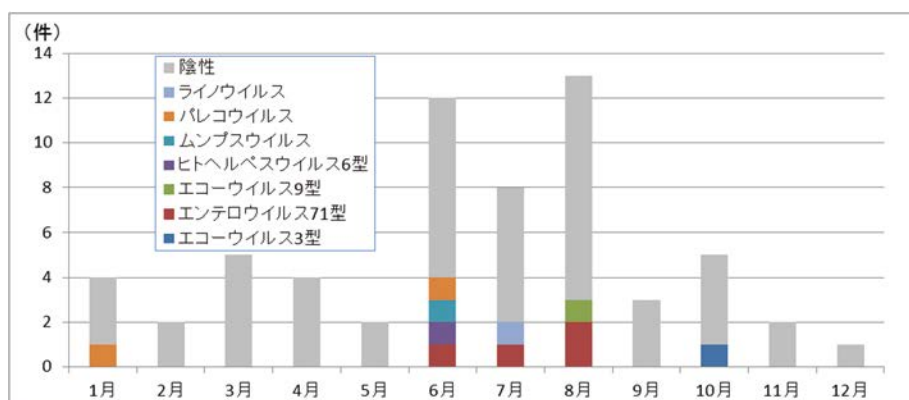


図 17. 不明発しん症患者検体からの月別ウイルス検出状況

（2）眼科定点からの搬入検体

ア 急性出血性結膜炎

当該検体の搬入は無かった。

イ 流行性角結膜炎

定点医療機関で流行性角結膜炎と診断され当センターに搬入された患者検体 17 件について、アデノウイルス及びエンテロウイルスの遺伝子検査及び培養細胞を用いた分離検査を実施した。このうち 13 件からアデノウイルス遺伝子が検出され、4 件からアデノウイルスが分離された（表 12、図 18）。

表 12. 流行性角結膜炎の患者から検出されたウイルスの内訳

検出ウイルス	遺伝子検出数	分離件数
アデノウイルス(型別不明)	2	0
アデノウイルス3型	2	0
アデノウイルス53型	1	0
アデノウイルス64型	6	3
アデノウイルス54型	1	0
アデノウイルス56型	1	1
陰性	4	13

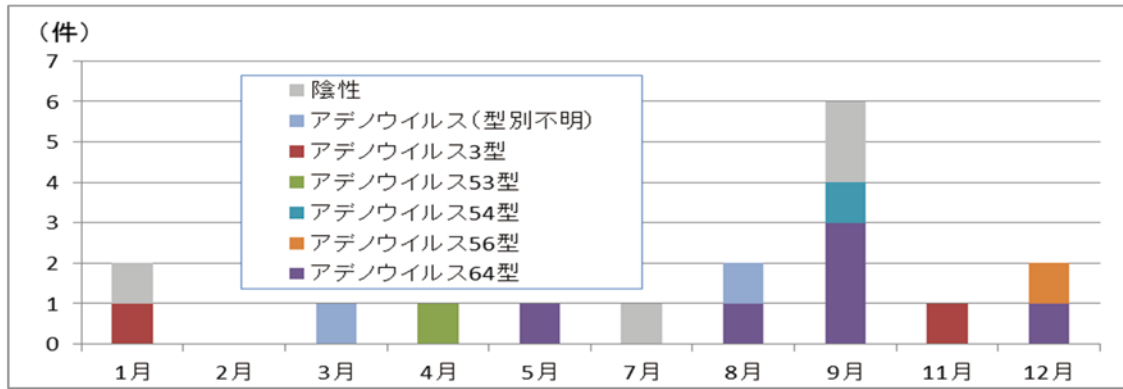


図 18. 流行性角結膜炎患者検体からの月別ウイルス検出状況

(3) 性感染症 (STI) 定点からの搬入検体

ア 性器ヘルペスウイルス感染症

STI 病原体定点医療機関から 41 検体（主として性器ヘルペス感染症を疑う患者の陰部尿道擦過物、又は水泡内容物）が搬入された。

キャプシド蛋白をコードする glycoprotein D 領域を対象としたリアルタイム PCR 法による単純ヘルペスウイルス 1 型及び 2 型（HSV-1 型及び HSV-2 型）の遺伝子検査を実施した。

その結果、41 検体中 7 検体（17.1%）から HSV-1 型、13 検体（31.7%）から HSV-2 型の遺伝子が検出された。

イ 尖圭コンジローマ

STI 病原体定点医療機関から 48 検体（陰部尿道擦過物、尖圭コンジローマ部位擦過物、又は尖圭コンジローマ患部生検材料）が搬入された。

キャプシド蛋白をコードする L1 領域を対象とした PCR 法によるヒトパピローマウイルス（HPV）遺伝子の検出を行った。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に基づいて分類した（High リスク、Low リスク及びリスク未分類）。

その結果、48 検体中 41 検体（85.4%）から HPV 遺伝子が検出された。1 検体から 1 種類の HPV 遺伝子型が検出されたのは 32 検体（66.7%）で、リスク評価による分類でみると、16、18 型などの High リスク群に分類されたものではなく、32 検体すべてが Low リスク群に分類された〔6 型:19 検体 (59.4%)、11 型 13 検体 (40.6%)〕。また、9 検体では同時に複数の HPV 遺伝子が検出され、7 検体からは 2 種類（High-Low リスク：4 検体、Low-Low リスク：3 検体）、2 検体からは 3 種類の HPV 遺伝子が検出された（High-High-Low リスク：1 検体、High-Low-Low リスク：1 検体）。

(4) 積極的疫学調査により検出されたウイルス検査結果

ア 二類感染症

① 中東呼吸器症候群（MERS コロナウイルス）

都内医療機関で MERS コロナウイルス感染疑いと診断され、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 2 件について遺伝子検査を実施した。

その結果、MERS コロナウイルスについては全て陰性であり、類症鑑別のために行った季節性インフルエンザ検査も陰性であった。

② 鳥インフルエンザ（A/H5N1 亜型、A/H7N9 亜型）

都内医療機関で鳥インフルエンザウイルス感染疑いと診断された症例はなかった。

イ 四類感染症

① A 型肝炎

医療機関で A 型肝炎と診断され、当センターに搬入された患者検体 55 件について遺伝子検査を実施した。48 件から A 型肝炎遺伝子が検出され、これらについて遺伝子解析を行った結果、遺伝子型は I A 型 45 件、I B 型 1 件、III A 型 2 件であった。

② E 型肝炎

医療機関で E 型肝炎と診断され、当センターに搬入された患者検体 40 件について遺伝子検査を実施した。16 件から E 型肝炎遺伝子が検出され、これらについて遺伝子解析を行った結果、遺伝子型は 3 型 14 件、4 型 1 件、型別不明 1 件であった。

③ 蚊媒介感染症（デング熱、チクングニア熱、ジカウイルス感染症）

都内医療機関でデング熱と診断、またはデング熱等の蚊媒介感染症疑いと診断され、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 161 件（血液 104 件、尿 57 件）について遺伝子検査を実施した。

その結果、36 件からデングウイルス遺伝子（1 型 8 件、2 型 12 件、3 型 12 件、4 型 4 件）、1 件からチクングニアウイルス遺伝子が検出され、すべて海外感染疑い例であった。ジカウイルス遺伝子は検出されなかった。

④ リケッチア等関連疾患（Q 熱、つつが虫病、日本紅斑熱、発しんチフス、ライム病）

都内医療機関でリケッチア関連疾患疑いと診断され、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 18 件（つつが虫病 10 件、日本紅斑熱 4 件、リケッチア症 1 件、ライム病 3 件）について遺伝子検査を実施した。つつが虫病は *Orientia tsutsugamushi* 遺伝子の 56KDa 領域、日本紅斑熱は紅斑熱群リケッチア遺伝子の *gltA* 領域、ライム病はボレリア属共通な遺伝子の *flaB* 領域を対象とした遺伝子検査によって検出を行った。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。

その結果、つつが虫患者の急性期血液 10 検体中 8 件（80.0%）から *Orientia tsutsugamushi* の遺伝子を検出した。その内訳は、血清型：Gilliam 株様の *O. tsutsugamushi* 56kDa 共通抗原遺伝子が検出されたものの 1 株、Karp 株様 3 件、新型と言われる血清型の Kuroki 株様 1 件、Kawasaki 株様が 3 件検出された。また、日本紅斑熱を疑われた検体 5 件中 1 件から日本紅斑熱原因病原体である *Rickettsia japonica* の遺伝子を検出した。ライム病疑いの検体からは 1 件、新興回帰熱の病原体といわれる *Borrelia miyamotoi* の遺伝子を検出した。その他の検体から病原体遺伝子は検出されなかった。

ウ 五類感染症（全数把握疾患）

① 急性脳炎

都内医療機関で急性脳炎と診断され、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 5 件についてエンテロウイルス等の遺伝子検査を実施した。

その結果、コクサッキーウイルス B 群 2 型とロタウイルスがそれぞれ 1 件検出された。

② 水痘（入院を要するもの）

都内医療機関で水痘と診断され、入院に至った事例で、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 1 件について水痘帯状疱疹ウイルス（VZV）の遺伝子検査を行ったところ、1 件から VZV 遺伝

子が検出された。

③ 先天性風しん症候群

都内医療機関で先天性風しん症候群（疑い含む）と診断され、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 2 件について、風しんウイルスの遺伝子検査を実施したところ、いずれも陰性であった。

④ 麻しん

都内医療機関で麻しん（疑い含む）と診断され、保健所を通じて当センターに搬入された患者検体 135 件について麻しんウイルスの遺伝子検査を実施した。

その結果、26 件から麻しんウイルス遺伝子が検出され、遺伝子型別を行ったところ D8 型が 25 件、H1 型が 1 件であった。麻しんウイルス陰性検体については病原体レファレンス事業により風しんウイルス、ヒトパルボウイルス B19 等の遺伝子検索も実施し、風しんウイルス 1 件、ヒトパルボウイルス B19 2 件、ヒトヘルペスウイルス 6 型 8 件を検出した。

2 細菌検査結果

(1) 四類感染症の病原体検索

ア レジオネラ症

レジオネラ症 12 事例、12 件の検体が搬入された。その内訳は、患者喀痰 6 件、患者由来株 6 株であった。喀痰については、レジオネラ属菌の遺伝子検査及び分離培養を実施した結果、2 件は遺伝子検査及び分離培養ともに陽性、2 件は遺伝子検査及び分離培養ともに陰性、2 件は遺伝子検査は陽性であったが、分離培養は陰性であった。喀痰から分離された 2 株と患者由来株についての血清型別試験を実施した結果、7 株が 1 群であり、1 株はレジオネラ属菌ではなかった。

(2) 五類感染症（全数把握対象）の病原体検索

ア 劇症型溶血性レンサ球菌感染症

搬入された患者由来株は 66 株 (64 事例) で、A 群レンサ球菌が 26 株、B 群レンサ球菌が 13 株、C 群が 1 株、G 群レンサ球菌が 25 株、群別不能が 1 株であった。

A 群レンサ球菌 26 株全ては *Streptococcus pyogenes* であり、その T 血清型は 1 型:10 株、12 型及び 28 型がそれぞれ 3 株、B3264 型及び 4 型がそれぞれ 2 株、3 型、14/49 型、6 型がそれぞれ 1 株であり、型別不能が 3 株であった。M タンパクをコードする遺伝子により型別を行う emm 型別を実施した結果、1 型が 10 株と最も多く、次いで 12 型が 4 株、89 型が 3 株などであった。

B 群レンサ球菌 13 株の血清型を実施した結果、Ib 型:5 株、III 型:3 株、Ia 型:2 株、VI 型及び VIII 型がそれぞれ 1 株であり、型別不能が 1 株であった。

また、C 群レンサ球菌 1 株及び G 群レンサ球菌 26 株は、*S. dysgalactiae* subsp. *equisimilis* であり、emm 型別を実施した結果、stG6792 型が最も多かった。

群別不能であった 1 株の菌種は、*Gemella* sp. と同定されたため、届け出を取り消された。

イ 侵襲性インフルエンザ菌感染症

搬入された患者由来のインフルエンザ菌は 50 株 (47 事例) であり、莢膜型別について免疫血清を用いた血清型及び PCR 法による型別を実施した結果、e 型が 1 株、f 型が 1 株であり、残りの 48 株はすべて無莢膜型であった。

ウ 侵襲性髄膜炎菌感染症

本疾患の患者由来菌株は 8 株搬入されたが、1 株は髄膜炎菌ではなく *Neisseria* sp. と同定されたため、届け出を取り消された。髄膜炎菌 7 株について PCR 法による型別を実施した結果、5 株が Y 群であり、2 株は W-135 群となった。

エ 侵襲性肺炎球菌感染症

搬入された患者由来の肺炎球菌は 126 株 (119 事例) であり、それぞれについて莢膜血清型別を実施した。その結果は表 13 に示した通りであった。その他は送付された菌株が肺炎球菌ではなかった。

表 13. 肺炎球菌血清型別結果

血清型	株数	血清型	株数	血清型	株数
12F	17	23A	5	14	2
24F	11	24B	5	22F	2
3	8	20	4	23B	2
10A	8	11A	3	6B	2
15C	8	15A	3	34	1
19A	8	6A	3	38	1
35B	8	6C	3	33F	1
7F	7	7C	3	型別不能	2
15B	6	1	2	その他	1

オ バンコマイシン耐性腸球菌（VRE）感染症

搬入された菌株は患者由来株 6 株であり、いずれも *Enterococcus faecium* であった。そのうち、5 株は *vanB* 遺伝子を保有しており、1 株は *vanA* 遺伝子を保有していた。

カ 薬剤耐性アシネトバクター感染症

搬入された本疾患患者由来株は *Acinetobacter baumannii* 6 株であり、PCR 法による耐性遺伝子の検出を実施した結果、いずれも OXA-51-like β -ラクタマーゼをコードする遺伝子とプロモーター活性を有する挿入遺伝子領域 (ISAba1) を保有していた。

キ カルバペネム耐性腸内細菌科細菌感染症

患者由来株 93 株及び保菌者由来株 2 株が搬入された。菌株の内訳は、*Enterobacter* 属が最も多く 40 株、次いで *Klebsiella pneumoniae* が 24 株、*Citrobacter freundii* が 10 株、*Escherichia coli* が 8 株、*Serratia marcescens* が 5 株、*K. oxytoca* が 4 株であった。その他、*Proteus mirabilis* や *Providencia stuartii* なども搬入された。

PCR 法による β -ラクタマーゼ遺伝子の検出を実施した結果、NDM 遺伝子保有株が 3 株あり、そのうち、2 株は NDM-1、1 株は NDM-5 であった。また、IMP-1 遺伝子保有株が 35 株、OXA-48 遺伝子保有株が 1 株、CTX-M-1 group 遺伝子保有株が 6 株、CTX-M-2 group 遺伝子保有株が 4 株、CTX-M-9 group 遺伝子保有株が 7 株、EBC 遺伝子保有株が 10 株、CIT 遺伝子保有株が 7 株、DHA 遺伝子保有株が 2 株であった。また、検査したいずれの耐性遺伝子も保有していなかった株は 30 株であった。

（３）五類感染症（定点把握対象）の病原体検索

ア A 群溶血性レンサ球菌咽頭炎

都内の定点医療機関から A 群溶血性レンサ球菌感染症患者由来検体は 88 件であった。その内訳は咽頭スワブが 49 件、菌株 39 株であった。

搬入されたスワブから分離された A 群溶血性レンサ球菌は 42 株であり、菌株で搬入された 39 株を合わせた合計 81 株について T 血清型別試験を実施した。その結果、T12 型が 21 株と最も多く、次いで T1 型が 15 株、T4 型及び TB3264 型がそれぞれ 14 株、T25 型：4 株、T2 型、T3 型、T28 型及び 11 型がそれぞれ 2 株、T6 型、T14/49 型、5/27/44 型が各々 1 株ずつであり、型別不能株は 2 株であった。

イ 感染性胃腸炎

小児科病原体定点から搬入された感染性胃腸炎疑いの患者糞便 4 件について腸管系の細菌検査を実施した。その結果、1 検体から *Campylobacter coli* が検出された。

ウ 百日咳

都内の定点医療機関から百日咳疑い患者の鼻汁または咽頭拭い液が 6 検体搬入され、遺伝子検査及び分離同定を実施した。その結果、全て陰性であった。

エ マイコプラズマ肺炎

都内の定点医療機関からマイコプラズマ肺炎疑い患者の咽頭拭い液が 8 検体搬入され、遺伝子検査及び分離同定を実施した。その結果、4 検体から肺炎マイコプラズマ遺伝子が検出され、1 株の肺炎マイコプラズマが分離された。

オ メチシリン耐性黄色ブドウ球菌（MRSA）感染症

都内の定点医療機関から MRSA 感染症患者由来検体が 49 検体搬入され、すべて MRSA であった。分離された 49 株について、コアグラーゼ型別試験を実施した結果、Ⅰ型:3 株、Ⅱ型:11 株、Ⅲ型:20 株、Ⅶ型:14 株であり、型別不能は 1 株であった。

（４）性感染症（STI）定点からの搬入検体

2017 年 1 月から 12 月に都内 4 ヶ所の性感染症病原体定点医療機関（STI 定点）より搬入された検体について、クラミジア・トラコマチス、淋菌、梅毒トレポネーマ等の病原体の検出を行うとともに、遺伝子型、血清型等の検出状況を解析した。

ア 検査対象・検査方法

STI 定点より搬入された 87 例について検査を実施した。搬入検体の内訳は、男性は陰部擦過物（スワブ）36 例、尿 32 例の合計 68 例、女性はスワブ 17 例、性別不明例はスワブ 1 例、尿 1 例の合計 2 例であった。

クラミジア・トラコマチスおよび淋菌の遺伝子検査は Transcription Mediated Amplification（TMA）法、梅毒トレポネーマの遺伝子検査は *polA*, *TPN47* 領域を標的とした PCR およびリアルタイム PCR により行った。

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ー・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。

イ クラミジア・トラコマチスおよび淋菌検査の検査結果

クラミジア・トラコマチスについては、男性 15 例（22.1%）、女性 11 例（64.7%）から遺伝子が検出された（表 14）。淋菌遺伝子は男性 33 例（48.5%）、女性 2 例（11.8%）、性別不明 1 例（50.0%）から検出された。クラミジアと淋菌の遺伝子が共に検出されたのは、男性 4 例（2.9%）、女性 1 例（5.9%）であった。陽性者の年齢分布をみると、男性は 20～40 歳代でクラミジア・トラコマチス遺伝子陽性が 13 例（86.7%）、淋菌遺伝子陽性が 28 例（87.5%、年代不明例を除く）検出された。女性のクラミジア・トラコマチス遺伝子陽性 11 例（年代不明例を除く）すべてが 20～40 歳代に分布していた。また、

淋菌遺伝子陽性 2 例は 20 歳代であった。

淋菌遺伝子が検出された 36 例のうち 14 例（42.4%）から淋菌が分離された。分離された淋菌菌株については薬剤感受性試験を行った。またその他の病原体として、髄膜炎菌が男性から 1 例（1.5%）分離された。

ウ 梅毒トレポネーマ検査の検査結果

3 例の男性のスワブ（臨床診断：性器クラミジア感染症 2 例、梅毒 1 例）について、梅毒トレポネーマの遺伝子検査を行った結果、2 例からトレポネーマ遺伝子が検出された。

表 14. 性別および年齢階級別の病原体検査成績

	年齢階級	検体数	遺伝子検査			分離培養	
			クラミジア・トラコマチス	淋菌	梅毒	淋菌	髄膜炎菌
男性	20歳代	16	1	13		4	
	30歳代	25	8	11	2	6	
	40歳代	11	4	4		1	1
	50歳代	9	2	3		2	
	60歳代	5					
	70歳以上	1		1			
	不明	1		1			
	計	68	15	33	2	13	1
女性	20歳代	12	8	2		1	
	30歳代	2	1				
	40歳代	3	2				
	計	17	11	2	0	1	0
不明	30歳代	2		1			
	計	2	0	1	0	0	0
合計		87	26	36	2	14	1

エ 性別および臨床診断別の性感染症病原体検査結果

臨床診断別の病原体検査成績を表 15 に示した。男性では、性器クラミジア感染症と診断された 40 例中 11 例（27.5%）からクラミジア・トラコマチス遺伝子が検出され、8 例（20%）から淋菌遺伝子が検出され、8 例中 3 例から淋菌が分離された。また、淋菌感染症と診断された 26 例中 4 例（15.4%）からクラミジア・トラコマチス遺伝子が検出され、24 例（92.3%）から淋菌遺伝子が検出され、24 例中 10 例から淋菌が分離された。また 1 例から髄膜炎菌が分離された。性器クラミジア感染症および淋菌感染症と診断された 1 例から淋菌遺伝子が検出され淋菌が分離された。

この他、性器クラミジア感染症と診断された 1 例および梅毒と診断された 1 例から梅毒遺伝子が検出された。

女性では、性器クラミジア感染症と診断された 16 例中 11 例（68.8%）からクラミジア・トラコマチス遺伝子が検出され、また 1 例（6.3%）から淋菌遺伝子が検出された。また、淋菌感染症と診断された 1 例から淋菌遺伝子が検出された。

性別不明例では、性器クラミジア感染症と診断された 2 例中 1 例（50.0%）から淋菌遺伝子が検出された。

表 15. 性別および臨床診断別の病原体検査結果

臨床診断 (疑い例含む)	検体数	遺伝子検査			分離培養	
		クラミジア・ トラコマチス	淋菌	梅毒	淋菌	髄膜炎菌
性器クラミジア感染症	40	11	8	1	2	
淋菌感染症	26	4	24		10	1
男性 性器クラミジア感染症 + 淋菌感染症	1		1		1	
梅毒	1			1		
計	68	15	33	2	13	1
性器クラミジア感染症	16	11	1		1	
女性 淋菌感染症	1		1			
計	17	11	2	0	1	0
性器クラミジア感染症	2	0	1			
不明 計	2	0	1	0	0	0
合計	87	26	36	2	14	1

オ クラミジア・トラコマチスの血清型別遺伝子検査の結果

クラミジア・トラコマチスは、血清型に基づいて A～L 型に分類され、アフリカやアジア等のトラコーマ流行地において多く検出されるトラコーマ型の A～C 型、トラコーマ非流行地で主に検出される性器クラミジア感染症型の D～K 型、鼠径リンパ肉芽腫症の起原菌となる L 型にそれぞれ分けられている。

TMA 法により陽性となった検体を対象に、クラミジア・トラコマチス血清型の遺伝子検査を行った。検体よりゲノム DNA を抽出し、血清型特異抗原となる主要外膜蛋白遺伝子 (*omp1*) の可変領域を挟む共通プライマーにより PCR 法で増幅後、その塩基配列を決定し、NCBI (米国生物工学情報センター) の核酸データベースにおける BLAST 検索および解析により血清型を判定した。

遺伝子検査陽性の 26 例のうち、遺伝子解析により 23 例の血清型が同定された。血清型別結果の内訳を表 16 に示した。

D、E、F の 3 つの型の合計で 73.9%であり、2016 年と同様に過半数を占めていた。この他、性器クラミジア感染症型の I 型を除く G～K 型もそれぞれ検出されたが、トラコーマ型 (A～C 型) や鼠径リンパ肉芽腫症型 (L 型) は検出されなかった。なお、3 例については、血清型別に用いるターゲット部位の核酸増幅が行えず、血清型が不明となった。

表 16. クラミジア・トラコマチスの血清型別結果

検体数	血清型						
	D 及び D/Da	E	F	G	H	J 及び Ja	K
23	6	7	4	1	2	2	1
(%)	(26.1)	(30.4)	(17.4)	(4.3)	(8.7)	(8.7)	(4.3)

カ 淋菌分離株の薬剤感受性

分離された淋菌 14 株の薬剤耐性試験の結果を表 17 に示した。ペニシリンに対する中等度耐性 (0.12μg/ml) 以上の耐性株、テトラサイクリンに対する中等度耐性 (0.5μg/ml) 以上の耐性株は、それぞれ 13 株 (92.8%) であった。シプロフロキサシンに対する耐性株 (≥1μg/ml) は 11 株 (78.6%) であった。セフロキシムに対する中等度 (2μg/ml) 以上の耐性株は 5 株 (45.5%)

であった。セフトアキシム、セフトリアキソンにおいては CLSI の感受性の判定基準（セフトアキシム: 0.5µg/ml、セフトリアキソン: 0.25µg/ml）を超えた低感受性株がそれぞれ 1 株ずつみられた。スペクチノマイシンにおいてはすべての株が感受性を示した。

表 17. 淋菌分離株（14 株）の薬剤感受性

薬剤感受性	ペニシリン	テトラ サイクリン	シプロフロ キサシン	セフロ キシム	セフト アキシム	セフトリ アキソン	スペクチノ マイシン
	PCG	TC	CPFX	CXM	CTX	CTRX	SPCM
耐性 (%)	3 (21.4)	7 (50.0)	11 (78.6)	4 (28.6)			
中等度耐性 (%)	10 (71.4)	6 (42.9)	0 (0.0)	1 (7.1)			
感受性 (%)	1 (7.1)	1 (7.1)	3 (21.4)	9 (64.3)	13 (92.9)	13 (92.9)	14 (100.0)
低感受性* (%)					1 (7.1)	1 (7.1)	0 (0.0)

*: CLSI の感受性の判定基準を超えたもの

