

平成28-30年度
厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症及び予防接種政策推進研究事業）
「国内の病原体サーベイランスに資する機能的なラボネットワークの強化に関する研究」班
分担研究報告書

麻疹検査診断ラボラトリーネットワークの維持、改善に関する研究

研究分担者 駒瀬勝啓 国立感染症研究所ウイルス第三部第一室長
(平成28年度)
森 嘉生 国立感染症研究所 ウイルス第三部第二室長
(平成29-30年度)

研究協力者 關 文緒 国立感染症研究所 ウイルス第三部 主任研究官

研究要旨 麻疹および風疹はWHOが排除を目指している感染症であり、各症例数を一定数以下にする事とともに、検査診断によるサーベイランス体制の確立や検出されたウイルス株の鑑別が求められている。本研究では地方衛生研究所における検査状況を把握するため、毎年アンケートにより検査実績を調査した。2016年度には民間検査センターにおいて麻疹IgM抗体検査を行い、約1.1%がIgM陽性値を示した。感染研が試行した民間検査センターに対する習熟度試験の結果から、参加したすべての民間検査センターの検査精度は良好であると判断された。またアウトブレイク時の試薬等の配布について検討した。これらは麻疹検査診断体制の維持、改善に対して有用な情報となると考えられた。遺伝子検査に陽性コントロールとして用いる参照RNAについて、麻疹風疹のいずれも改良を行った。また、収集された麻疹風疹ウイルスの遺伝子配列の他の自治体への提供に関する検討を行った。その結果、多くの自治体において条件付きで開示を求める意見が多かったため、地方衛生研究所全国協議会ならびに厚生労働省結核感染症課の了承のもと麻疹ウイルス遺伝子配列の情報開示の運用を開始した。

A . 研究目的

麻疹および風疹はWHOが排除を目指している感染症である。麻疹および風疹の排除は「優れたサーベイランス体制が存在する特定の地域において、1年間以上継続して伝播した麻疹(風疹)ウイルスが存在しないこと」と定義されており、排除認定を受けるためには、各症例数を一定数以下にする事とともに、検査診断によるサーベイランス体制の確立や検出されたウイルス株の鑑別が求められている。日本ではこ

れに対応するために、麻疹については平成24年12月に「麻しんに関する特定感染症予防指針」を、風疹については平成29年12月に「風しんに関する特定感染症予防指針」を改定し、各疑い例に対し、原則として全例にIgM 抗体検査等の血清学的検査の実施を求めると共に、地方衛生研究所においてウイルス遺伝子の検出による病原体検査の実施を求めるようになった。

これまでに地方衛生研究所における遺伝子検

査に使用する参照RNAを整備し、配布を行なっている。麻疹の参照RNAはコンベンショナルRT-PCRとリアルタイムRT-PCRで別々の参照RNAを用いなければならず、現場より改善の声が挙がっている。風疹の参照RNAは、遺伝子検出用コンベンショナルRT-PCR法の標的領域には外来の挿入配列があり、増幅産物のサイズで検体由来増幅産物と見分けることができ、参照RNAからのコンタミネーションの防止に役立っている。しかし、遺伝子型決定領域の標的部位については挿入配列を加えておらず、参照RNAからのコンタミネーションの判別は遺伝子配列を確認するまで不可能である。

地方衛生研究所からNESIDを介して国立感染症研究所に麻疹および風疹ウイルス遺伝子配列情報が収集され、国内でのウイルスの伝播状況の解析が行われる。遺伝子型情報等は病原微生物検出情報(IASR)の速報、月報等で公開されるが、遺伝子配列情報については登録した自治体以外に公開されることはなかった。しかし、広域の流行状況を即座に把握するために、他の自治体が解析した遺伝子配列情報の提供を希望する声が増えてきた。そのため地方衛生研究所全国協議会感染症対策部会での検討を元に検討を行った。

麻疹および風疹の検査診断状況を把握し、検査診断体制の維持、改善する事を目的に、地衛研への検査実績の調査を毎年行なった。また、平成 28 年度には民間検査センターへの検査情報の提供の依頼、並びに、習熟度試験(Proficiency test; 以下 PT)の試行を実施した。

B. 研究方法

1. 地衛研の麻疹風疹遺伝子検査実施状況

毎年、麻疹・風疹レファレンスセンターを通じて、全国 74-76 地衛研にアンケート

を実施し、麻疹風疹遺伝子検査の実施状況を調査した。調査内容は 検査症例数、検査陽性症例数、遺伝子解析を実施した症例数、遺伝子型解析の結果等である。

2. 麻疹アウトブレイク時の検査体制維持の検討

2016 年 8 月におこった麻疹アウトブレイク時に、各地衛研にプライマー、標準品等の準備状況に関するアンケートを実施し、必要に応じてプライマー、標準品等を配布した。

3. 民間検査センターにおける麻疹 IgM 抗体検査状況の調査

主要民間検査センター 5 社に協力を依頼し、検査実績等を一般に公開しないという条件の下で、検査実施数、検査陽性数等の情報の提供を受けた。

4. 民間検査センターへの麻疹、風疹 IgM 抗体測定 PT の試み

麻疹 IgM 抗体陽性血清、風疹 IgM 抗体陽性血清を含む 10 本の血清からなる PT 用パネル血清を作製、主要民間検査センター 5 社に配布し、測定結果を評価した。

5. 麻疹および風疹ウイルス遺伝子検査に用いる参照 RNA の改良

麻疹ウイルス RT-PCR 用のプライマー、プローブの認識部位と重ならないように外来遺伝子を参照 RNA に挿入し、問題なく検出可能か検討した。また風疹ウイルス遺伝子型決定領域にプライマー認識部位と重ならないように外来遺伝子を挿入するように合成したプラスミド DNA から RNA を転写合成し、問題なく使用できるかを検討した。

6. 収集された麻疹風疹ウイルスの遺伝子配列の他の自治体への提供に関する検討

地方衛生研究所全国協議会感染症対策部会において、収集された麻疹風疹ウイルスの

遺伝子配列を感染研が他の自治体への提供を行うことについて、検討を行っていただき、その結果を踏まえて提供方法について検討を行った。

C . 研究結果

1. 地衛研の麻疹風疹遺伝子検査実施状況
2016年に全国74の地衛研うち麻疹の検査診断を行った地衛研は72カ所、検査された症例数は1865症例であった(表1)。また、麻疹の検査を実施した72カ所の地衛研のうち、2015年から導入されたリアルタイムPCR法を検査に使用した地衛研は61カ所であった。1865症例中1592症例の診断にはリアルタイムPCR法が使用されていた。検査された1865症例のうち、麻疹ウイルス遺伝子が検出された症例数は171症例であった(検査陽性)。171症例のうち、139症例で遺伝子型解析が行われ、65症例から遺伝子型D8の麻疹ウイルスが、58症例から遺伝子型H1の麻疹ウイルスが、一症例から遺伝子型B3の麻疹ウイルスが検出された。
2017年に全国74の地衛研のうち麻疹の検査を行った地衛研は69カ所、検査された症例数は1,516症例であった。また、麻疹の検査を実施した69カ所の地衛研のうち、2015年から導入されたリアルタイムPCR法を検査に使用した地衛研は51カ所であった。1,516症例中1,206症例の検査にはリアルタイムPCR法が使用されていた。検査された1,516症例のうち、麻疹ウイルス遺伝子が検出された症例数は213症例であった(検査陽性)。213症例のうち185症例で遺伝子型解析が試みられ、157症例から遺伝子型D8の麻疹ウイルスが、7症例から遺伝子型B3の麻疹ウイルスが、2症例から遺伝子型H1の麻疹ウイルスが検出された。

またワクチン株である遺伝子型Aが22症例から検出された(表2)。同様に風疹の検査を行った地衛研は52カ所、検査された症例数は706症例であった。また、風疹の検査を実施した52カ所の地衛研のうち、2015年から導入されたリアルタイムPCR法を検査に使用した地衛研は41カ所であった。706症例中539症例の検査にはリアルタイムPCR法が使用されていた。検査された706症例のうち、風疹ウイルス遺伝子が検出された症例数は12症例であった(検査陽性)。12症例のうち10症例で遺伝子型解析が試みられ、3症例から遺伝子型2Bの風疹ウイルスが、5症例から遺伝子型1Eの風疹ウイルスが検出された。またワクチン株である遺伝子型1aが1症例から検出された(表3)

2018年に全国76の地衛研において麻疹の検査が行われた症例数は6,251症例であった。そのうち、麻疹検査が陽性であった症例数は328症例(5.2%)であった。269症例で遺伝子型解析が試みられ、228症例(84.8%)で遺伝子型の決定ができた。そのうち、遺伝子型D4の麻疹ウイルスが26症例から、遺伝子型D8の麻疹ウイルスが119症例から、遺伝子型B3の麻疹ウイルスが32症例から検出された。またワクチン株である遺伝子型Aが52症例から検出された(表4)。同様に風疹の検査が行われた症例数は6,110症例であった。そのうち、風疹検査が陽性であった症例数は1,859症例(30.4%)であった。1,616症例で遺伝子型解析が試みられ、1,339症例(82.9%)で遺伝子型の決定ができた。そのうち、遺伝子型2Bの風疹ウイルスは7症例から、遺伝子型1Eの風疹ウイルスは1,309症例から検出された。またワクチン株である遺伝子型1aは21症例から検出された(表5)。

2018年の検査症例数は麻疹風疹ともに2017年の検査症例数(麻疹1,516症例、風疹706症例。ただし遺伝子検査のみを集計)より大幅に増加していた。

2. 麻疹アウトブレイク時の検査体制維持の検討

2016年8月には関西国際空港で感染した者を発端に、感染者50名以上になる麻疹のアウトブレイクが発生した。検査用プライマー、標準品等が不足する事態が懸念されたので、緊急に地衛研に向けてアンケートを実施し、各地衛研のストック状況を調査した。24カ所からリアルタイムPCR用のプライマー、標準品の配布の依頼があった。求めに応じて、感染研に保存してあったプライマー、標準品等を地衛研に配布した。

3. 民間検査センターによるIgM抗体検査の状況

大手民間検査センターから麻疹IgM抗体検査を実施数、陽性数に関する情報を収集した。麻疹IgM抗体検査の陽性率は約1.1%であった。

4. 民間検査センターへの麻疹、風疹IgM抗体測定習熟度検査(PT)の試み

PTを実施するためには麻疹IgM抗体陽性血清、風疹IgM抗体陽性血清が必要である。陽性血清を確保するために、民間検査センターから検査済み、廃棄予定の麻疹、並びに風疹IgM抗体陽性血清の提供を受けた。これらの血清を使用するにあたり、事前に倫理委員会の承認を得た。収集した血清の抗体価を測定し、抗体価の近い血清を混合して、麻疹、並びに風疹のプール血清(2~3ml)をそれぞれ5種類作製した。感染研においてこれらのプール血清の抗体価を測定し、抗体価が陽性値にある事を確定した。麻疹、風疹IgM陽性抗体各4種類、陰性血清2種類を含む10本の血清からなるパ

ネル血清を作製し、民間検査センターに配布、各社の通常の方法による測定を依頼し、検査結果を回収した。すべての民間検査センターの結果は感染研の定めた適合条件に合致した。

5. 麻疹および風疹ウイルス遺伝子検査に用いる参照RNAの改良

麻疹ウイルスRT-PCR用のプライマー、プローブの認識部位と重ならないように外来遺伝子を参照RNAに挿入した。作成したRNAを段階希釈し、リアルタイムRT-PCR法で検出を行なったところ、現行の参照RNAと同様の検出効率であることが確認された。コンベンショナルRT-PCR法で検出を試みたところ、目的のサイズで増幅されることから今回作成した参照RNA候補は、リアルタイムRT-PCR法ならびにコンベンショナルRT-PCR法のどちらにも共通して使用できることが示された。今後はこれを大量調製して品質確認をした上で、地方衛生研究所に配布したいと考えている。

風疹ウイルス遺伝子型決定領域にプライマー認識部位と重ならないように外来遺伝子を挿入するように合成したプラスミドDNAからRNAを転写合成した。作成したRNAを段階希釈し、リアルタイムRT-PCR法で検出を行なったところ、現行の参照RNAと同様の検出効率であることが確認された(図)。コンベンショナルRT-PCR法(遺伝子型決定領域増幅法)で検出を試みたところ、通常のウイルス由来の増幅産物より大きなサイズで増幅されることが確認された。さらに既存風疹参照RNAは全国配布の際、凍結状態で送付していたが、これをRNastable試薬により、乾燥状態で常温輸送が可能にさせた。これを一部のリファレンスセンターに送付し、常温輸送による劣化が起きないことを確認した。今後はこれを大量

調製して品質確認をした上で、地方衛生研究所に配布したいと考えている。

6. 収集された麻疹風疹ウイルスの遺伝子配列の他の自治体への提供に関する検討

地方衛生研究所全国協議会感染症対策部会において全国地方衛生研究所を対象に意見照会をおこなった。66%の地方衛生研究所が「広域の流行状況を即座に把握するために、他の自治体が解析した麻疹風疹ウイルス遺伝子配列情報の開示を希望」していることが明らかになった。他自治体に麻疹風疹ウイルス遺伝子配列情報を提供できるかについては67%が提供可能と回答し、「提供できない」とした地方衛生研究所はなかった。提供の条件案として提示した「他自治体からの共有情報は、貴自治体内で発生した麻疹・風疹の流行(伝播経路)調査・把握の目的のために貴自治体内でのみ使用できる。貴施設が、一般に公開されるウェブサイト、冊子(報告書)、学会・論文発表等に使用する場合には、情報提供元の自治体(地衛研)の承諾が必要である」については、69%が同意した。これらの意見を踏まえ、感染研に収集された麻疹ウイルス遺伝子配列情報について、1)自治体内の使用に限って使用する、2)一般公開する場合には遺伝子配列情報を提供した地衛研の承諾が必要であることを条件に、求めに応じてウイルス株の「遺伝子配列」、「検体採取日」、「検出自治体名」、「(依頼があれば)系統樹」を提供することとした。本件は厚生労働省結核感染症課の承諾を受けたのち、地方衛生研究所全国協議会感染症対策部会を通じて、全国の地方衛生研究所に連絡された。

D. 考察

1. 地衛研の麻疹風疹遺伝子検査実施状況

地衛研における検査実施状況を把握する目的で、アンケート調査を実施した。2015

年より麻疹および風疹ウイルス遺伝子検出法として導入したリアルタイム PCR 法の利用状況を調査した。リアルタイム PCR は感度が優れている事に加え、反応終了後にチューブを解放するステップがなく、検査行程での交差交雑のリスクが低減すること、また、一度の多検体を処理できる等の利点があり、感染研では地衛研にリアルタイム PCR 法の導入を勧めてきた。2016 および 2017 年の調査では地衛研で実施された症例の検査のうち、麻疹 79.5%-85.4%で、風疹は 76.3%でリアルタイム PCR が使用されており、リアルタイム PCR 法の普及が進んでいると思われた。2018 年は 2016 年、2017 年の調査と比較して麻疹、風疹共に検査数が大幅に増加していることが明らかとなった。風疹については特定感染症予防指針で地方衛生研究所において遺伝子検査を原則として全症例に実施することになったこと、ならびに大規模な風疹流行や局地的な麻疹流行が発生したことが原因と考えられる。検査症例数の増大に対し、人的ならびに経済的に十分に対応できているか検討が必要かもしれない。ウイルス遺伝子が検出されたにも関わらず遺伝子配列の解析を試みられなかった症例が多くあったが、どのような症例で解析が行われなかったか今後調査していく必要があるものと考えられた。

2. 麻疹アウトブレイク時の検査体制維持の検討

関西国際空港(関空)を中心に患者 50 名をこすアウトブレイクが発生した。また患者の中には九州や関東まで移動した者がおり、広域に麻疹が拡散する可能性が懸念され、検査に必要なプライマー、標準品等が不足する事態が想定された。そこで地衛研における試薬の準備状況の調査を実施し、必要

に応じてプライマー、標準品の配布を行った。日本は麻疹排除にあるので、地衛研によっては十分量の試薬等が準備されていない場合もある。アウトブレイクに備えて、感染研、あるいはレファレンスセンター等に緊急用の試薬等を用意しておく事は、検査診断体制の機能を維持する上で重要であると思われた。

3.民間検査センターによるIgM抗体検査の状況

麻疹IgM抗体検査はWHOが麻疹検査診断の標準法とする検査法である。その検査状況等の把握は、日本の麻疹サーベイランス体制の質を示すために重要である。日本においては、麻疹IgM抗体検査は民間検査センターに担われている。麻疹IgM抗体検査の状況を把握する目的で主要5民間検査センターに情報提供を求めた。民間検査センターの要望により、当報告書での検査実績数、陽性数の報告は控えるが、麻疹IgM検査陽性率はおよそ1.1%であった。2013年まで使用されていたIgM抗体検査キットは、伝染性紅斑患者等との非特異的反応が問題となり、2014年からは改良されたキットが使用されている。2013年以前の検査陽性率が6%前後であったことから、検査キットの改善により検査の特異度は向上していると考えられる。

4.民間検査センターへの麻疹、風疹IgM抗体測定習熟度検査(PT)の試み

大手民間検査センター、5社ではISO 151809や“College of American Pathologist”の外部精度管理を受けて、適合している。一方、WHOはNLによる精度管理の実施を求めている事から、PT試験の試行を実施した。各施設にはPT用パネルを配布し、通常用いている検査機器、検査方法で抗体価の測定し、診断を依頼した。

診断結果はほぼ感染研での診断結果と一致した。今回のPTに参加した民間検査センターにおける麻疹の検査診断の精度は良好と判断した。

5.麻疹および風疹ウイルス遺伝子検査に用いる参照RNAの改良

麻疹および風疹ウイルス遺伝子検査用の参照RNAの新規候補を作成した。麻疹についてはリアルタイムRT-PCRとコンベンショナルRT-PCRの両法に共通して使用できるもので、これを用いることで現場での煩わしさを解消できるものと期待される。風疹については遺伝子型決定領域増幅RT-PCRでも増幅サイズで判別が可能にしたもので、もし参照RNAのコンタミネーションが起きた場合でも即座に判別が付き、検査時間の短縮に繋がることが期待される。

6.収集された麻疹風疹ウイルスの遺伝子配列の他の自治体への提供に関する検討

麻疹風疹症例が1例でも発生したら積極的疫学調査を行うことが各特定感染症予防指針において求められている。麻疹風疹は感染性が高く、しばしば複数の自治体に渡って流行が拡大することがある。ウイルスの遺伝子配列情報はウイルス伝播を追跡する上で非常に有用な情報であるが、これまで収集された情報の開示は行われてこなかった。今回の研究により、麻疹ウイルスの遺伝子情報を自治体間で共有する方法を構築でき、より迅速に麻疹の疫学調査が可能になったと考えられる。現在、麻疹についてのみ運用を開始しているが、今後は風疹にも拡大していきたい。

E. 結論

麻疹風疹の検査には、血清学的検査法、または病原体検査法のいずれか、あるいは両方が行われている。今後もこの検査診断

体制、検査診断精度を評価し、維持、改善していく事が求められる。また、流行時の危機管理体制や自治体間での情報共有が可能な仕組みを今後も構築していく必要があると考えられる。

F . 健康危険情報

該当なし

G . 研究発表

論文発表

1. Do Phuong Loan, Nguyen Minh Hang, Trieu Thi Thanh Van, Thi Mai Duyen, Katsuhiko Komase, Nguyen Tran Hien, Comparison of laboratory methods for measles diagnosis in Northern Vietnam, 2014. (2016) Vietnam Journal of Preventive Medicine. 12 (185) 24-9.
2. Seki F, Someya K, Komase K, Takeda M. A chicken homologue of nectin-4 functions as a measles virus receptor. Vaccine. 2016 Jan 2;34(1):7-12.
3. Sakai K, Ami Y, Nakajima N, Nakajima K, Kitazawa M, Anraku M, Takayama I, Sangsriratanakul N, Komura M, Sato Y, Asanuma H, Takashita E, Komase K, Takehara K, Tashiro M, Hasegawa H, Odagiri T, Takeda M. (2016) TMRSS2 Independency for Haemagglutinin Cleavage In Vivo Differentiates Influenza B Virus from Influenza A Virus. Sci Rep. 6:29430.
4. Okamoto K, Mori Y, Komagome R, Nagano H, Miyoshi M, Okano M, Aoki Y, Ogura A, Hotta C, Ogawa T, Saikusa M, Kodama H, Yasui Y, Minagawa H, Kurata T, Kanbayashi D, Kase T, Murata S, Shirabe K, Hamasaki M, Kato T, Otsuki N, Sakata M, Komase K, Takeda M. (2016) Evaluation of sensitivity of TaqMan RT-PCR for rubella virus detection in clinical specimens. J. Clin. Virol. 80: 98-101.
5. 駒瀬勝啓、竹田誠、(2016)インドネシアにおける麻疹の状況、病原微生物検出情報 37:67-68.
6. 駒瀬勝啓 (2016) わが国における麻疹対策の現状と課題、検査と技術、医学書院 44(11); 1046-48.
7. 森嘉生、坂田真史、竹田誠、海外での風疹対策の現状、病原微生物検出情報 37:76-77, 2016
8. Matsushima Y, Shimizu T, Doi I, Mizukoshi F, Nagasawa K, Ryo A, Shimizu H, Kobayashi M, Funatogawa K, Nagata N, Ishikawa M, Komane A, Okabe N, Mori Y, Takeda M, Kimura H. A detection method for the rash and fever illness-associated viruses using multiplex RT-PCR. Microbiol. Immunol. 61(8), 337-344. (2017)
9. Mori Y, Miyoshi M, Kikuchi M, Sekine M, Umezawa M, Saikusa M, Matsushima Y, Itamochi M, Yasui Y, Kanbayashi D, Miyoshi T, Akiyoshi K, Tatsumi C, Zaitzu S, Kadoguchi M, Otsuki N, Okamoto K, Sakata M, Komase K, Takeda M. Molecular Epidemiology of Rubella Virus Strains Detected Around the Tome of the 2012-2013 Epidemic in Japan. Front. Microbiol. 8, doi: 10.3389/fmicb.2017.01513 (2017)
10. 佐藤弘、多屋馨子、大石和徳、森嘉生、竹田誠、2017 年度風疹予防接種状況お

よび抗体保有状況 2017 年度感染症
流行予測調査（暫定結果）、2017 年度
風疹感受性調査実施都道府県、病原微生物
検出情報 39:40-41, 2018

2. 実用新案登録
該当なし
3. その他
該当なし

11. 森嘉生、大槻紀之、岡本貴世子、
坂田真史、竹田誠、風疹の検査法、病
原微生物検出情報 39:35-36, 2018
12. 金井瑞恵、砂川富正、神谷元、奥
野英雄、多屋馨子、大石和徳、森嘉生、
竹田誠、倉田貴子、上林大起、加瀬哲
男、駒野淳、北島博之、2012-2014 年
に出生した先天性風疹症候群 45 例の
フォローアップ調査結果報告、病原微
生物検出情報 39:33-34, 2018
13. 森 嘉生、風疹、ウイルス検査法 臨
床と検査室のための手引き、春恒社、
2018
14. 森 嘉生、風疹、グローバル時代
のウイルス感染症、日本医事新報社、
2019
15. 寺田喜平、森嘉生、風しんワクチン、
ワクチン 基礎から臨床まで、朝倉書店、
2018
16. 森 嘉生、風疹ウイルスに関する最
新情報・風しん含有ワクチンの製造方法、
臨床とウイルス、2018

学会発表

1. 酒井宏治、中島典子、駒瀬勝啓、竹田
誠呼吸器病ウイルスの病原性発言に関
わる宿主プロテアーゼ TMPRSS2 の意義、
第 57 回日本臨床ウイルス学会平成 28
年 6 月 18 日～ 19 日、福島

H. 知的財産権の出願・登録状況

(予定を含む。)

1. 特許取得

該当なし

表 1

地方衛生研究所における麻疹検査実績(2016年)

ブロック	検査症例数	陽性症例数	Genotype					ウイルス分離数
			D8	B3	H1	A	NT	
北海道	24	1	1	0	0	0	0	0
東北・新潟	56	1	0	0	0	1	0	0
北関東・千葉・東京	563	54	32	0	6	6	10	9
神奈川・甲・信・静岡	211	10	9	0	0	1	0	4
北陸	20	1	1	0	0	0	0	0
東海	101	11	7	1	2	1	0	3
近畿	684	85	12	0	48	3	22	5
中国・四国	123	5	2	0	0	3	0	1
九州	58	3	1	0	2	0	0	0
沖縄	25	0	0	0	0	0	0	0
計	1865	171	65	1	58	15	32	22

NT: Not typed

2016年麻疹・風疹遺伝子検査実績調査より

表 2

表 1 地方衛生研究所における麻疹検査実績(2017年)

ブロック	検査症例数	陽性症例数	Genotype					ウイルス分離陽性数
			D8	B3	H1	A	NT	
北海道	17	1	1	0	0	0	0	0
東北・新潟	236	61	53	0	0	3	5	15
北関東・千葉・東京	342	38	34	2	1	1	0	5
神奈川・甲・信・静岡	126	14	10	3	0	1	0	2
北陸	64	6	5	0	0	1	0	1
東海	167	27	20	0	0	5	2	3
近畿	183	13	12	0	0	0	1	1
中国・四国	288	27	16	0	1	9	1	4
九州	72	10	6	2	0	1	1	2
沖縄	21	0	0	0	0	0	0	0
計	1516	198	157	7	2	21	10	33

2017年麻疹・風疹遺伝子検査実績調査より

表3

表2 地方衛生研究所における風しん検査実績（2017年）

ブロック	検査症例数	陽性症例数	Genotype				ウイルス分離数
			2B	1E	1a	NT	
北海道	2	0	0	0	0	0	0
東北・新潟	69	1	0	1	0	0	0
北関東・千葉 ・東京	168	1	1	1	0	0	0
神奈川・甲・信・静岡	111	6	1	1	1	0	0
北陸	6	0	0	0	0	0	0
東海	39	0	0	0	0	0	0
近畿	143	4	1	2	0	1	0
中国・四国	135	0	0	0	0	0	0
九州	33	0	0	0	0	0	0
沖縄	0	0	0	0	0	0	0
計	706	12	3	5	1	1	0

2017年麻疹・風疹遺伝子検査実績調査より

表 4

表 1 地方衛生研究所における麻しん検査実績（2018年）

ブロック	調査施設数	検査症例数	陽性症例数	Genotype				
				D4	D8	B3	A	未決定
北海道	2	70	1	0	1	0	0	0
東北新潟	9	221	22	6	0	9	4	3
北関東	11	2691	73	0	33	17	15	12
南関東 甲信静	11	673	39	20	10	1	6	2
中部	5	597	41	0	31	3	2	5
北陸	3	151	1	0	1	0	0	0
近畿	13	502	21	0	14	2	4	1
中四国	10	298	6	0	2	0	3	1
九州	11	410	25	0	11	0	4	12
沖縄	1	638	99	0	16	0	14	5
合計	76	6251	328	26	119	32	52	41

表 5

表 2 地方衛生研究所における風しん検査実績（2018年）

ブロック	調査施設数	検査症例数	陽性症例数	Genotype			
				1E	2B	1a	未決定
北海道	2	74	21	11	0	0	0
東北新潟	9	215	41	34	0	3	4
北関東	11	2692	987	639	1	8	120
南関東 甲信静	11	922	345	292	0	2	30
中部	5	599	97	72	1	2	23
北陸	3	169	32	30	1	1	1
近畿	13	561	135	87	2	2	3
中四国	10	370	81	67	2	1	5
九州	11	424	108	70	0	2	25
沖縄	1	84	12	7	0	0	1
合計	76	6110	1859	1309	7	21	212

図 風疹ウイルス検出試験 新規ポジティブコントロール

