

は、ダイレクトシーケンスにより塩基配列を決定し系統解析を行った。

C. 研究結果

1. NV 検出状況

1999年9月から2005年1月初旬までの期間に、集団発生227事例、1345検体、散発750検体のうち集団発生138事例、514検体(66.4%、41.7%)、散発178検体(30.5%)からNVを検出した(表1)。NVを検出した集団事例の発生場所をシーズン別に集計したものを図1に示した。99/00~01/02シーズンは飲食店や旅館などの食中毒様事例が8割近くを占めていたが、02/03シーズン以降は保育園、学校、老人施設などが増加し、特に今シーズンはシーズン途中までの集計ではあるがこれらの発生場所が5割を占めた。

2. NVの遺伝子型発生状況

検出したNVのGenogroupは、集団発生では、GI10事例、GII103事例、GI・GII混合は25事例であった。検体数ではGI101検体、GII441検体であった。散発では、GIは18検体、GIIは161検体で、ほとんどがGIIであった。

シーズン別の遺伝子型発生状況を表2、3に示した。GIは、散発で7遺伝子型、集団で12遺伝子型、全体で13遺伝子型が検出された。集団は、シーズンごとに様々な遺伝子型が検出されたが、その中でGI-4(Chiba407)が13事例25検体と最も多く検出された。散発は、01/02シーズン以降ほとんど検出されなかった。GIIは、散発で10遺伝子型、集団で16遺伝子型、全体で16遺伝子型が検出された。集団では、GII-3(SaitamaU201)、

GII-4(Bristol)、GII-5(Hillington)が全シーズンで検出された。02/03シーズンまでは、これら3遺伝子型のいずれかが最も多く検出されたが、1種類の遺伝子型が優勢になる傾向はみられなかった。03/04シーズンは、例年と同様様々な遺伝子型が検出されたが、GII-4が23事例と主流行になっていた。今シーズンも同様の傾向がみられている。散発は、GII-4が全シーズンで検出され、GIIの8割以上(161検体中101検体)と高頻度に検出された。

影山ら¹⁾は、NVを分子系統解析よりGIを14遺伝子型GIIを17遺伝子型に分類している。今回GI GIIに新たな遺伝子型を検出した(図2、3)。データベース上で検索したところ、02/03シーズン(散発)で検出されたGIのChiba03100は、NLF/IF2036/2003/Iraqに核酸で93.5%の相同性を示したが、他に70%以上の相同性を示すものはなかった。また、03/04シーズン(集団)で検出されたGIIのChiba040502は、70%以上の相同性を示すものはなかった。

D. 考察

1999年9月から2005年1月初旬までの期間に、千葉県で検出されたNVの遺伝子型は、GI GIIの新たな遺伝子型を含めて、GIは13遺伝子型、GIIは16遺伝子型に分類された。これは、影山らによって示された31種類うち27種類が検出され、千葉県において多くの遺伝子型が存在していたことが明らかになった。遺伝子型別の流行状況は、散発では、GII-4が高頻度に検出され優勢な遺伝

子型であった。集団では、GⅡのなかで毎シーズン検出されるものはあっても、1種類の遺伝子型が優勢になる傾向はみられなかった。しかし、03/04シーズン以降GⅡ-4が主流になる傾向がみられている。そして、03/04シーズンの集団発生の特徴として、老人施設、障害者施設、病院での発生が12事例と多く、そのほとんどがGⅡ-4によるものであった。

EUグループ(European Food-borne Viruses Network)は、2002年を境にして、GⅡ-4のpolymerase領域に変化が認められることを報告している²⁾。ここには示さなかったが、今回検出したGⅡ-4の一部の株についてORF2の解析をおこなったところ、同時期を境にしてORF2領域に変化が認められた。GⅡ-4の遺伝子の変化と、老人施設、障害者施設、病院での集団発生の増加との関連性の可能性が推測されたが、さらに詳細な解析が必要と思われた。

E. まとめ

1. 1999年9月から2005年1月初旬までの期間に、集団発生227事例、1345検体、散発750検体のうち集団発生138事例、514検体(66.4%、41.7%)、散発178検体(30.5%)からNVを検出し、その80%以上がGⅡであった。

2. 集団事例は、99/00～01/02シーズンは食中毒様事例が8割近くを占めていたが、02/03シーズン以降保育園、学校、老人施設における人-人感染事例の増加が認められた。

3. NVの遺伝子型は、GI GⅡの新たな遺伝子型を含めて、GIは13遺伝子型、

GⅡは16遺伝子型に分類された。

4. 遺伝子型別の流行状況は、集団では、GⅡ-3、4、5が全シーズンで検出され、03/04シーズンはGⅡ-4が主流になっていった。散発では、GⅡ-4が全シーズンで高頻度に検出された。

参考文献

1) Tsutomu Kageyama et al. Coexistence of multiple genotypes, including newly identified genotypes, in outbreaks of gastroenteritis due to Norovirus in Japan. *J Clin Microbiol* 2004;42, 2988-95

2) Ben Lopman et al. Increase in viral gastroenteritis outbreaks in Europe and endemic spread of new norovirus variant. *Lancet* 2004; 363,682-688

表1 千葉県におけるノロウイルス検査数・陽性数の推移

Period	Sporadic cases			Outbreak cases		
	Tested	Positive	Rate (%)	Tested	Positive	Rate (%)
Sep. 1999 to Aug. 2000	238	73	30.7	150 [23]*	67 [15]	44.7 [65.2]
Sep. 2000 to Aug. 2001	329	55	16.7	126 [16]	74 [13]	58.7 [81.3]
Sep. 2001 to Aug. 2002	72	13	18.1	225 [45]	60 [22]	26.7 [48.9]
Sep. 2002 to Aug. 2003	41	11	26.8	352 [60]	90 [27]	25.6 [45.0]
Sep. 2003 to Aug. 2004	55	17	30.9	339 [59]	143 [39]	42.2 [66.1]
Sep. 2004 to Jan. 2005	15	9	60.0	153 [24]	80 [22]	52.3 [91.7]
Total	750	178	30.5	1345 [227]	514 [138]	41.7 [66.4]

* [] showed number of outbreak cases.

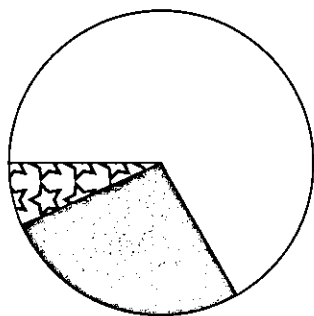
表2 GIノロウイルス遺伝子型の推移

Genogroup I	99-00		00-01		01-02		02-03		03-04		04-05		Total	
	集団		集団		集団		集団		集団		集団		集団	
	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数
GI-1	Norwalk	1												
GI-2	Southampton		9	[3]	5									
GI-3	DesertShield	9	[2]	2	[2]	1	2	[2]	1	[1]				
GI-4	Chiba407	4	[4]	3	9	[3]	5	[4]	3	[1]	4	[1]	25	[13]
GI-5	Musgrove						1	[1]	1	[1]			2	[2]
GI-6	BS-5													
GI-7	Winchester		2				3	[2]	1	[1]			4	[3]
GI-8	WUG1	1	[1]	5	[2]	2	6	[3]	1	[1]			13	[7]
GI-9	SaitamaSzUG1						1	[1]					1	[1]
GI-10	Boxer													
GI-11	SaitamaKU8GI	3	[1]										3	[1]
GI-12	SaitamaKU19aGI	1	[1]										1	[1]
GI-13	Saitama T35aGI			1	[1]		4	[1]					5	[2]
GI-14	Saitama T25GI			1	[1]		1	[1]					2	[2]
GI-15	Chiba030100													1
Total		18	8	25	8	13	0	23	2	18	4	0	101	18

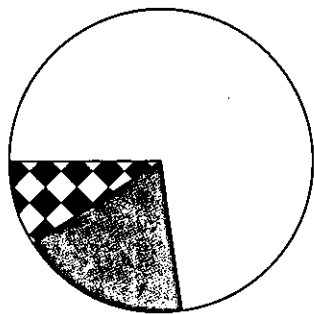
表3 GIIノロウイルス遺伝子型の推移

Genogroup II	99-00		00-01		01-02		02-03		03-04		04-05		Total		
	集団		集団		集団		集団		集団		集団		集団		
	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	検体数	事例数	
GII-1	Hawaii	8	[2]					5	[1]					13	[3]
GII-2	Merksham			1	[1]			15	[6]	10	[1]	7	[2]	33	[10]
GII-3	SaitamaU201	22	[6]	2	[2]	6	[5]	4	[8]	6	[4]	4	[4]	79	[29]
GII-4	Bristol	13	[3]	39	[9]	32	[6]	3	[4]	87	[23]	12	[8]	180	[49]
GII-5	Hillington	1	[1]	2	[3]	2	[6]	6	[2]	2	[2]			35	[16]
GII-6	Saitama U3					2	[1]			16	[4]	1	[4]	40	[9]
GII-7	Leeds			1		3				4	[2]			9	[3]
GII-8	SaitamaU25	1	[1]			3	[1]							15	[7]
GII-9	Idaho Fall														
GII-10	Mc37	7	[2]	11		3	[2]							13	[5]
GII-11	SaitamaT29GII					2	[1]			1	[1]			3	[2]
GII-12	Saitama U1			1	[1]	5	[1]	1	[1]					6	[2]
GII-13	M7			1								2	[1]	2	[1]
GII-14	Kashiwa	1	[1]	1		2	[1]			1	[1]			4	[3]
GII-15	SaitamaKU80a							4	[3]	1	[1]			5	[4]
GII-16	SaitamaT53GII					2	[2]							2	[2]
GII-17	Alphatron														
GII-18	Chiba040502									2	[1]			2	[1]
Total		53		66	51	47	53	74	9	130	17	76	9	441	161

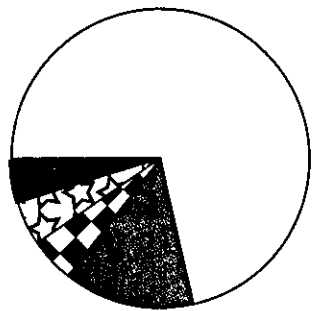
図1 シーズン別NV検出事例発生場所



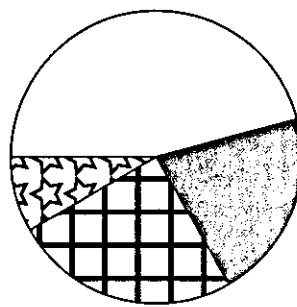
99-00



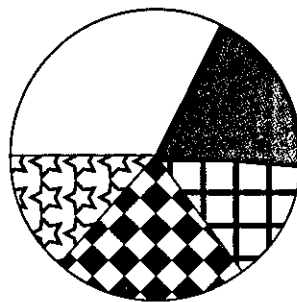
00-01



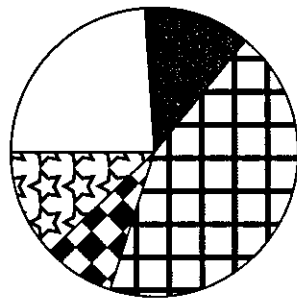
01-02



02-03



03-04



04-05

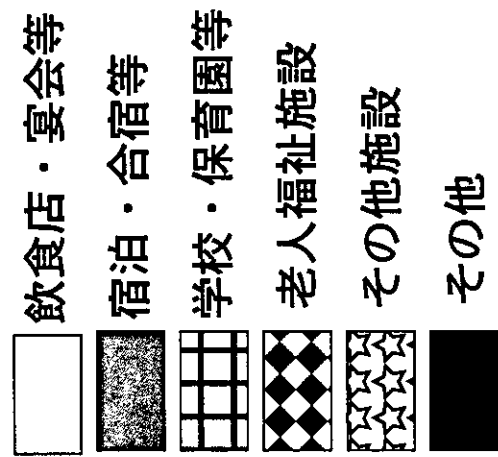
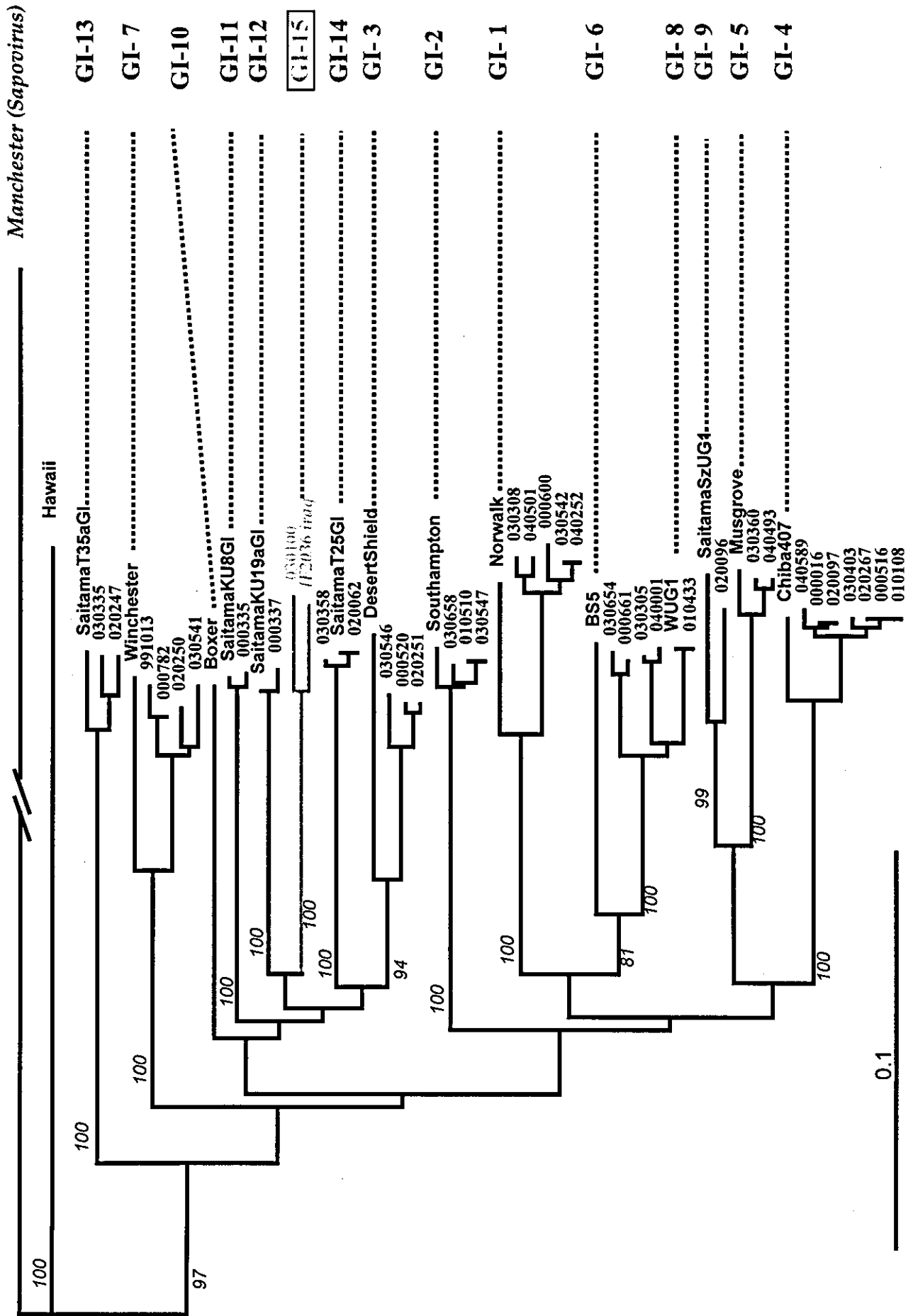


図2 G1ノロウイルス検出株の分子系統解析



厚生労働科学研究費補助金(新興・再興感染症研究事業)

分担研究報告書

食品由来のウイルス性感染症の検出法の高度化、実用化に関する研究

分担研究者 斎藤博之 秋田県衛生科学研究所主任研究員

研究要旨 食中毒の主要な原因病原体であり、それ以外にも多様な感染ルートをもつノロウイルスの集団発生局面において、行政判断に役立つ情報を早期に把握するためにSSCP解析の導入を検討した。今年度は、前年度から引き続き実際の流行局面での適用事例を検討するとともに、全国的な拡大を想定して複数の機関で行ったSSCP解析データをネットワーク上で照合するシミュレーションも行った。

研究協力者

東方美保 福井県衛生環境研究センター

飯塚節子 島根県保健環境科学研究所

A. 研究目的

食品由来ウイルスの中でもノロウイルス(NV)による健康被害は、食中毒だけを例にとっても原因病原体(細菌も含む)の3分の1を占めており、2001～2003年は首位となっている。さらに、NVの感染ルートは食品媒介以外にも地域流行や人から人への感染、施設汚染による集団発生など複数が存在する。昨年度は長崎県での修学旅行に端を発した全国的な大規模食中毒事例があり、今年度は、老人施設において死亡例を含む集団発生が全国的に相次いだ。このように、NVによる胃腸炎の最近の特徴として大規模化、広域化、複雑化があげられる。NVの検査体制としてはすでにRT-PCR法が全国的に普及しているため飲食店等での単純な食中毒事例ならば行政上の対応に不備をきたすことは少ない。しかし、人から人への感染を伴ったり、複数の自治体や施設にまたがって患者が発生したりするような複雑なケースでは、流行の全体像を把握する

ためにPCR増幅産物の塩基配列を比較する手法が必要となってくる。一般には塩基配列の比較とはシーケンスの決定を意味しており時間をかけて疫学的データを蓄積して将来の対策に生かすという観点から語られることが多い。一方で、何らかの事例が発生して行政上の対応が必要となる局面では迅速性が必要となり、シーケンスの決定は時間軸が異なるため有効な手法にはなりにくい。特に遺伝子解析が必要となるようなケースでは検体数そのものが膨大となることが想定されるため、多数のPCR増幅産物の塩基配列の異同をシーケンスの決定作業無しに判定できるような手法を取り入れることが望ましい。本研究で用いている一本鎖高次構造多型解析(Single Strand Conformation Polymorphism: SSCP解析)は、1塩基の違いでも鋭敏にパターンが変動し、異同判定に有効と考えられるため、流行局面での行政対応に有用な情報を提供できるものと考えられる。SSCP解析は、流行局面におい

て迅速に対応できるという長所を生かすために、原則として各担当機関にて行うことが望ましく、昨年度の事業として確実な技術の普及を目的とした技術検討会を開催した。また、一方で前述の長崎での修学旅行事例などのように多くの自治体が関与するようなケースもあるため、各機関が実施した SSCP 解析のデータを迅速に照合する手法についても検討しておく必要がある。今年度の事業として、感染源が同じと考えられる事例で、複数の自治体に感染者がいるケースを想定し、それぞれの担当機関で実施した SSCP 解析のパターンをネットワーク上で照合するシミュレーションを行った。

B. 研究方法

SSCP 解析の技術的な内容については平成 15 年度の本研究事業報告書を参照されたい。各事例に関する研究材料としては平成 16 年度に発生した集団感染事例の糞便を用いた。シミュレーションにおいては、各機関で別々に実施して画像ファイル化した SSCP データを比較するための指標となる「対照試料」と、実際に起こった事例を想定した「共通試料」をあらかじめ協力機関に配布した。各機関で行った SSCP 解析のデータは適当な手段(デジタルカメラ、スキャナーなど)で画像ファイル化して、E-mail 添付で秋田県衛生科学研究所に送信し、到着したファイルを対照試料のバンドを基に加工してパターンを照合した。

C. 研究結果

1) 各集団事例での SSCP 解析の適用

図1は飲食店での食中毒事例だが、発症者が異なる市町村に分散したため、同一感染源であることを確認するために SSCP 解析を行ったものである。図 2~4 はいずれも老人保健施

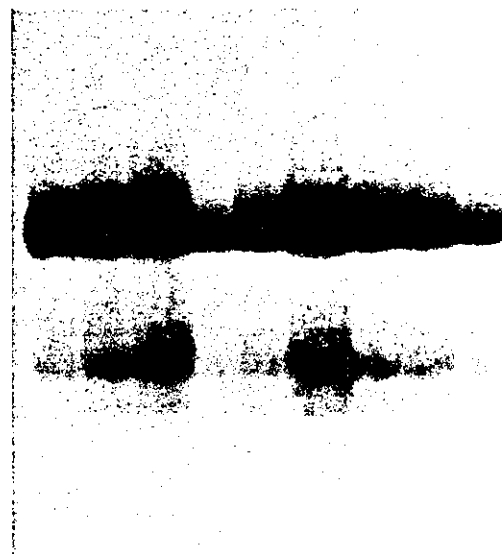


図 1 食中毒(秋田)

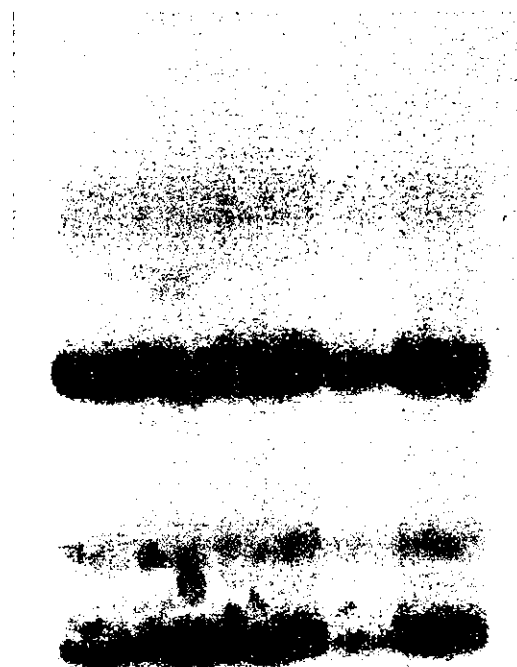


図 2 老人施設(秋田)

設における集団感染事例である。特に図 4 は介護職員の家族にも感染が広がった事例で、時系列的には施設からの持ち出し例と考えら

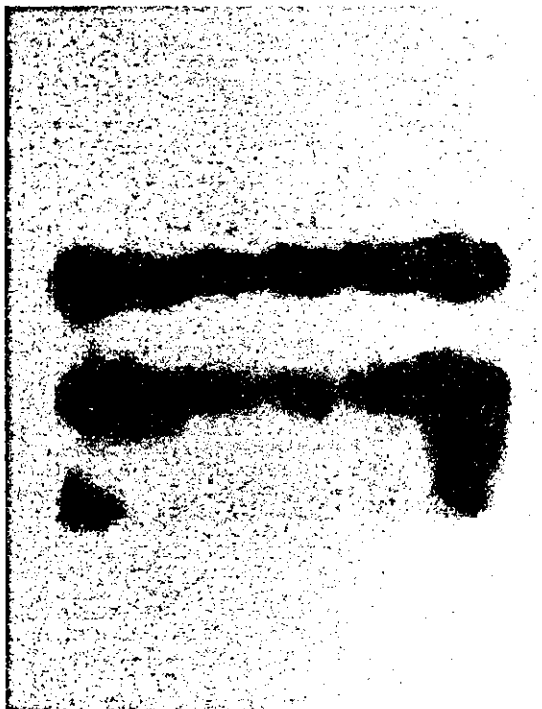
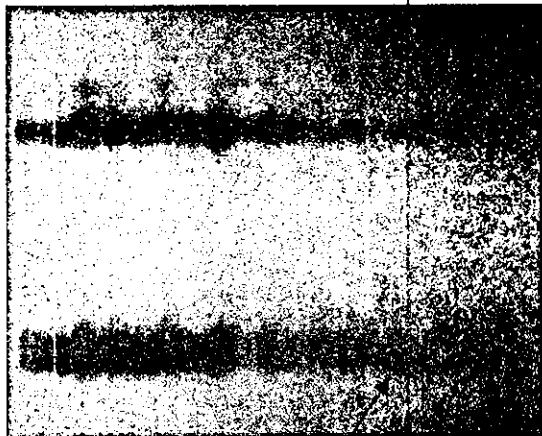


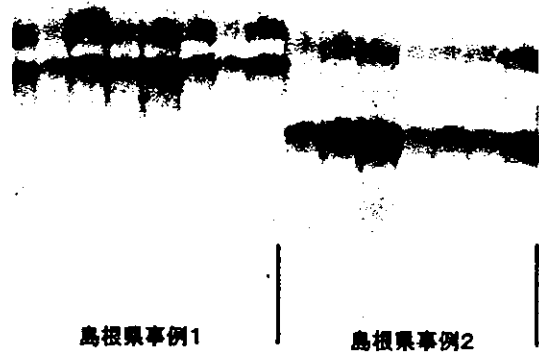
図3 老人施設(秋田)



介護職員 | 家族

図4 老人施設(秋田)

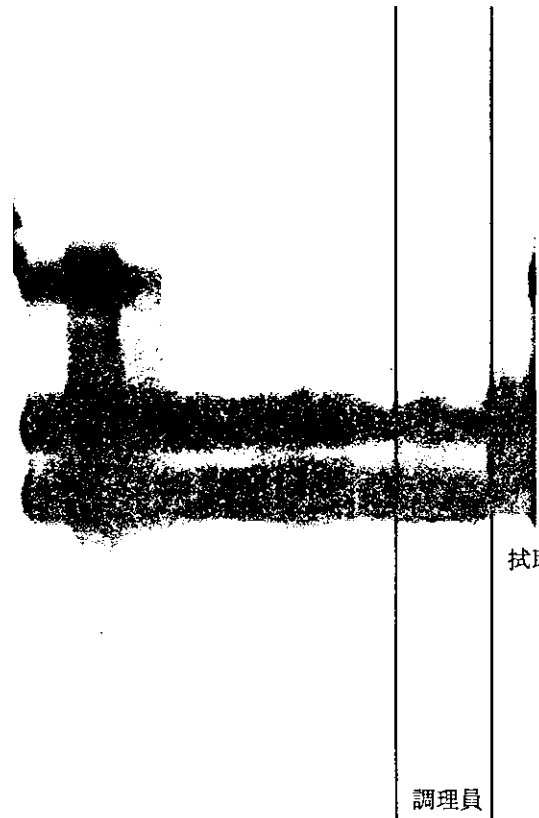
れた。どの事例も共通したSSCPパターンを示しており、同じウイルスが蔓延したことを迅速に確認できた。図5は島根県における事例で、左はスシ店での食中毒事例で、右は小学校での集団感染である。図6は福井県の食中毒事例で、調理員から検出されたウイルスのパター



島根県事例1

島根県事例2

図5 島根県の実例(左:食中毒、右:小学校)



拭取

調理員

図6 食中毒(福井)

ンが患者のものと一致している。図7と図8も福井県の実例でそれぞれ小学校と老人保健施設での集団感染である。図9は平成15年に長崎県での修学旅行において全国で700

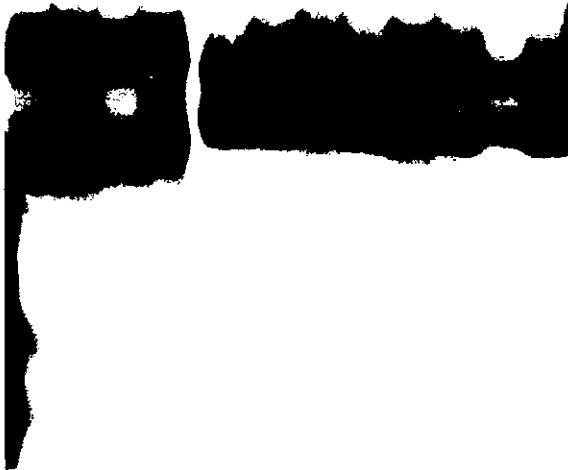


図7 小学校(福井) 図8 老人施設(福井)

人規模の感染者を出した大規模食中毒事例の一部であり、同じ SSCP パターンであることがわかる。この事例は検出されたウイルスにつ



図9 長崎修学旅行事例

提供：福岡市保健環境科学研究所
山崎俊二 先生

いて徹底的な遺伝子解析が行われ全てのウイルスにおいて塩基配列が一致したことが後に報告されたが、本法を用いていれば実際に事例が起きている局面でその情報を得ることが可能であったと考えられる。

2) 広域流行局面を想定したシミュレーション

図 10 に示したのは対照試料と、広域にわたって発生した食中毒を想定した共通試料について各機関で SSCP 解析を行った生データである。これらと比較照合するために障害となるのは次の 2 点である。1 つ目は、画像ファイルを作成するための機器(デジタルカメラやスキャナー)が各機関によって異なるため、送信されたファイルサイズそのものが異なることである。2 つ目は、SSCP 解析の条件(温度、バッファ組成、電気泳動時間など)が微妙に異なるため、同じ試料であってもゲル間でパターンが食い違う可能性が存在することである。照合可能な画像ファイルとして加工するために最初に行ったのがサイズの統一である。図 11 に示すとおり、各画像の横軸(レーン間の距離)をそろえるようにして、サイズを合わせた。これは、電気泳動装置や泳動条件に関わらず、用いたシャークコーム(普通は規格品)のサイズが同じならば共通した指標となり得るからである。次に、図 12 に示すとおり、あらかじめ配布してあった対照試料の位置をそろえるようにして、画像の上下方向に関して変形を行った。これは、泳動条件が多少異なっても、対照試料のバンドをそろえることで易動度を画像レベルで補正できるものと考えたからである。図 12 において実際に行ってみると、対照試料のバンドの位置をそろえた 3 つのゲルにおける共通試料のバンドは完全に一致し、比較照合可能であることがわかった。

D. 考察

本研究では NV の流行局面、あるいは集団感染などの危機管理局面において行政対応に直接役立つ情報を素早く把握する手法として SSCP 解析を検討した。本研究では初年度から行政対応のためにより精密な情報を迅速

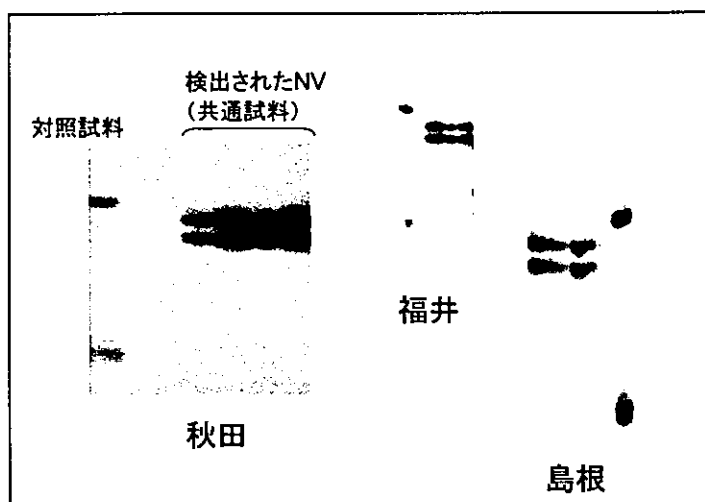


図 10 送信された生データ

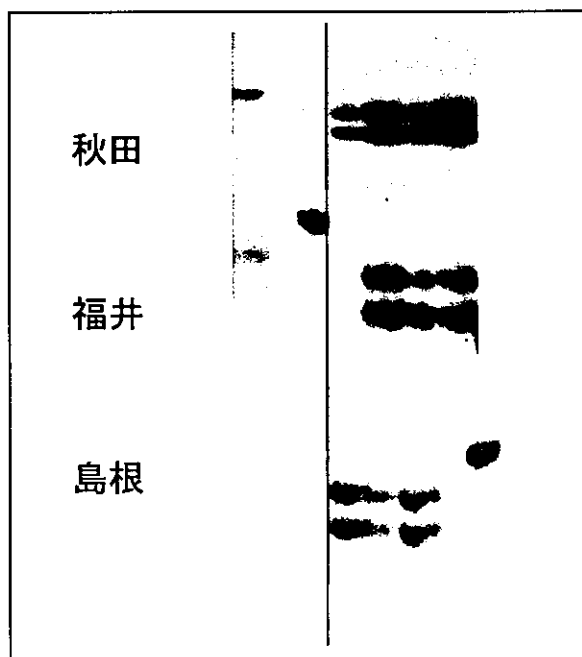


図 11 横軸を基準にサイズを調整

に求められるようなケースを想定して、検出されたウイルスの遺伝子の異同をシークエンスせずに短期間に比較する手法の導入について検討を進めてきた。SSCP 解析は通常の RT-PCR による検査を行った後の残った PCR 産物を専用のバッファーで希釈して熱変性するだけの簡単な処理で済むため、その後の電気泳動とパターン検出まで 1 日半で終了す

る。また、50 検体を同時に比較できるため大規模事例であっても十分に対応可能である。塩基配列そのものを知ることはできないが、行政判断で重要なのは複数の NV 遺伝子が「同じかどうか」であり、その情報を迅速に把握する手法として SSCP 解析を用いることは意義があるものと考えられた。本年度は平成 16 年度に発生した大小さまざまな事例について SSCP 解析を用いて有用性を確認し

たが、新たな試みとして長崎県での修学旅行事例を参考に、患者が複数の自治体に分散した場合、それぞれの検査担当機関が行った SSCP 解析のデータを比較照合できるかを検討した。異なるゲル間の微妙なバンドのズレを補正するためにあらかじめ対照試料を配布しておき、実際の検体と同時に泳動することで目的を達することができた。SSCP 解析はその迅速性を最大限に生かすためにも各機関が自ら実施することが原則であるが、あらかじめ対照試料を配布しておけば、広域化した事例であっても画像ファイルを E-mail で交換するだけでパターンを比較照合できるようになるため対応の幅は広がるものと考えられた。ゲル間のバンドの比較は今回が初めての試みであるため、今後はより多くの種類の試料を用いたシミュレーションを繰り返して実用化に向けて実例を積み重ねる必要がある。

E. 結論

本研究で検討した SSCP 解析は最大 50 検体の PCR 産物の遺伝子配列の異同を 1 日半で比較することができるため、集団感染等の危機管理局面での行政判断に必要な情報の早期把握に役立つものと考えられた。また、あら

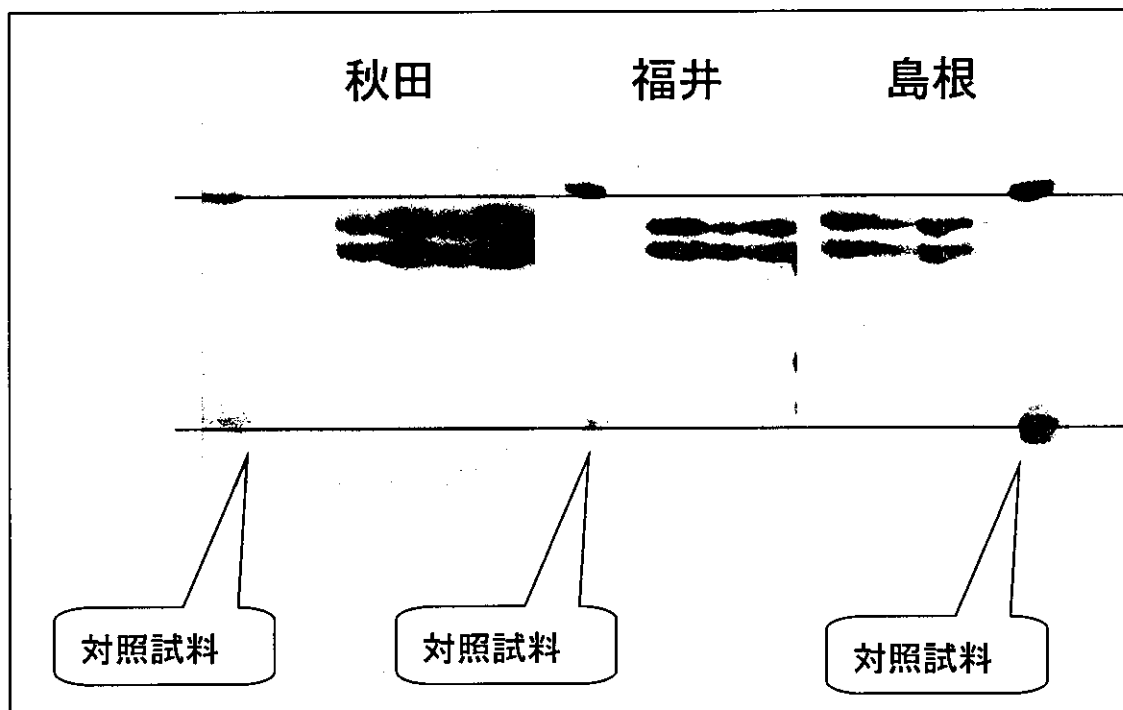


図 12 対照試料を基準に縦軸を調整

はじめ対照試料を配布しておくことで異なる機関で行った SSCP 解析のデータをネットワーク上で照合できるようになるため、広域にわたる事例であっても対応可能になる可能性が開けた。

F. 健康危険情報

該当無し

G. 研究発表

1) 論文発表

1. 斎藤博之、ノロウイルスによる胃腸炎の

流行形態と対策、クリーンネス 231、2-7、2005

2) 学会発表

1. 斎藤博之、安部真理子、東方美保、飯塚節子、山本保男、原田誠三郎、ノロウイルスの流行局面における一本鎖高次構造多型解析の活用、第 50 回日本ウイルス学会学術集会、2004、横浜

H. 知的財産権の出願・登録状況

該当無し

平成 16 年度厚生労働科学研究費補助金（新興・再興感染症事業）
分担研究報告書
食品由来のウイルス性感染症の検出法の高度化、実用化に関する研究

分担研究項目
九州 3 地研で検出されたノロウイルス（NV）の遺伝子型別について

分担研究者	松岡 由美子	熊本市環境総合研究所
協力研究者	新屋 拓郎	熊本市環境総合研究所
	平野 敬之	佐賀県衛生薬業センター
	小河 正雄	大分県衛生環境研究センター

研究要旨

2003 年 2 月から 2005 年 1 月までに九州の 3 地研で検出された NV について Capsid 領域の遺伝子型別をおこなった。3 地研で検出された遺伝子型は GⅠが 6 種類、GⅡが 7 種類検出された。その内訳は、GⅠ/4 が全体の 41.6%、GⅠ/1、GⅡ/2 および GⅡ/3 がともに 7.4%とこの 4 種類の遺伝子型で全体の 63.8%であった。その他に検出された遺伝子型は GⅠ/8、GⅠ/14 や GⅡ/6 などがあったがいずれも集団発生事例または食品から検出された。

2003 年に検出されていた GⅡ/3 型は 2004 年シーズンには検出されず、前年度に流行した遺伝子型が次の年に流行するわけではなかった。

2004 年シーズンは 2005 年 1 月までは、GⅠ/1、GⅡ/2、GⅡ/4 株の検出が多かった。GⅡ/4 型については 2003 年 11 月から検出が増加した。当該株についてはヨーロッパで急増している株類似株か今後調査していく必要があると考えられた。

A 研究目的

ノロウイルス（NV）による感染性胃腸炎の集団発生事例は、近年の検査法の進歩と、一般の人への認知度があがるとともに、食中毒、家族内感染、施設内感染など多様な事例が探知されるようになった。多様な事例の探知は、事例数や患者数の増加として、食中毒統計に現れている。広域発生に関しては、2003 年に長崎市の施設を原因とする食中毒事例が発生しており、有症者が 10 団体、790 名発生した。熊本市も患者がおり、他地衛研と情報交換をしながら検査を行った。また、2004 年 12 月に広島県の老人福祉施設で死亡者が出たことから、大きな問題となった。

これらのことから九州内 3 地研で検出された NV について遺伝学的に比較を行い、それぞれの地域での流行について調査を行った。

B 研究方法

1) 検査材料

2003 年 2 月～2005 年 1 月までに各施設に搬入された検体から検出された NV を対象とし

た。対象となった検体の内訳および事例数は、集団事例 41 事例、散発事例 13 事例、および食品 13 検体であった。

2) 検出方法

検査は各施設で行った。RNA を抽出は、便は 10%乳剤を ISOGEN-LS(ニッポンジーン)または QIAamp Viral RNA Mini Kit(Qiagen)を用いて RNA 抽出を行った。食品は、10%乳剤を超遠心後その沈さに DNase RNase Free の DW を加え再浮遊させ、その 138 μ l について QIAamp Viral RNA Mini Kit(Qiagen)を用いて食品衛生法に示してある方法に従って抽出した。抽出した RNA は、DNase 処理後 Random Primer(6mer)を用い Super Script II RT で逆転写反応を行い cDNA を作製した。その後 Kojima らの SK プライマーを用いて Capsid 領域の PCR をおこなった。尚、便検体は GⅠは G1SK-F/R、GⅡは G2SK-F/R の 1stPCR のみ行った。食品は、1stGⅠプライマーに COG1F/G1-SKR を 1stGⅡプライマーに COG2F/G2-SKR を用いた。Nested PCR

は、便検体の PCR で用いた組み合わせのプライマーで行った。

3) NV 遺伝子型別

増幅産物の得られた検体について各施設で、ダイレクトシーケンスを実施した。得られた塩基配列について、各施設で比較後、同一事例で同じ塩基配列なら 1 株として、違うものについては、すべての株を対象とした。こうして選んだ 89 株について、DDBJ

(<http://www.ddbj.nig.ac.jp/Welcome-j.html>) の clustalW を用いてアラインメントした。分岐点検定のためのブートストラップ検定は 1000 回行い、950 以上を統計的に優位な分岐点とした。系統樹は clustalW の値に基づき、Njplot(<http://pbil.univ-lyon1.fr/software/njplot.html>) で作成した。遺伝子型別および型番号は、片山らの方法 (IDWR6,14-19,2004) に基づいて行った。

C 研究結果

3 地研から得られた NV の遺伝子型は図 1 のとおり、G I が 6 種類、G II が 7 種類であった。3 地方すべてで検出された遺伝子型は G I /1(NV/68)、G II /2(Melkshan)、G II /3(SaitamaU201G II /Mexico)、G II /4(Bristol) の 4 種類であった。発生事例別に見ると、集団発生事例検体からは同じ 4 種類の遺伝子型が検出されたが、散発事例検体から共通に検出されたのは、G II /4 だけであり、その他の遺伝子型としては、G II /3 および G II 型別不明のみの 3 種類であった。また、G I 型は検出されなかった (図 2、3)。食品検体については、7 種類の遺伝子型のものが検出され、集団発生事例からの検体由来の遺伝子型と同じものであった (図 4)。4 月～翌年 3 月を 1 シーズンとして見ると、2004.4-2005.1 には、前シーズンに検出された G II /3 が検出されなかった (図 5)。

熊本市において、昨年に続き地ガキ、ウバ貝についての NV、サポウイルス (SV) の調査を行ったが、2004 年 10 月～12 月分までの検査では陰性であった。

D 考察

今回のわれわれが行った型別により、九州の 3 地研で検出された NV は 13 種類の遺伝子型に分類された。内訳は国内でも報告の多い G II /4 が全体の 41.6% (37/89) 検出され、2004 年

3-6 月に大阪府域で流行した G II /2 が 7.4% (12/89) を占めた。また、G I /1、G II /3 も同じく 7.4% を占め、これら 4 種類の遺伝子型で全体の 63.8% を占めた。今回調査を行ったのは同じ期間であるが、3 地研で検出された NV 遺伝子型には G I /8 や G I /14 など違うものもあり、それぞれの地方での流行があると考えられた。佐賀県では、G I /1、G II /2、G II /3 および G II /4 のみの検出であるが、大分県、熊本市の場合は集団発生事例由来株に遺伝子型の種類のばらつきがあった。また、大分県、熊本市とも食中毒の原因食品ではないが、食品からの NV の検出で同じようにメジャーな遺伝子型以外の NV 株が検出されていた。これは従来から言われてきた人→環境→人のウイルスの循環によるものと考えられた。

G II /3 Mexico 型は、一昨年長崎市の広域食中毒事例で検出された遺伝子型であるが、今年度はまだ検出がなく、前年の流行株が次の年に流行する訳ではないことがわかった。

2003 年の NV の全体的な流行は、図 5 を見ると解るようにいくつかの遺伝子型が混在していたが、2004 年の NV の流行は G I /1、G II /2 および G II /4 型が大半を占めてた。G II /4 類似ウイルスはヨーロッパでも増加していると報告があり、今後の流行を監視するには遺伝子型別による解析が必要であると考えられた。

今後は G II /4 型が、イギリスで警告されているように遺伝子的な変異があったのか調査していく必要があると考えられた。

E 結論

- 2003 年 2 月～2005 年 1 月に九州 3 地研で検出された NV は、13 種類 (G I 6 種類、G II 7 種類) の遺伝子型に分類された。
- 検出された NV は G II /4 が全体の 41.6% であった。この他に G I /1、G II /2 および G II /3 がともに全体の 7.4% 検出された。
- G II /3 は 2003 年 11 月～2004 年 2 月までは検出されていたが、その後検出されなかった。
- 2003 年 11 月から増加してきた G II /4 については、ヨーロッパで急増している株との

比較検討が必要と考えられた。

G 研究発表

1. 論文発表

なし

2. 学会発表

なし

H. 知的財産権の出願・登録状況（予定も含む）

なし

图1 NV检出状况(全体)

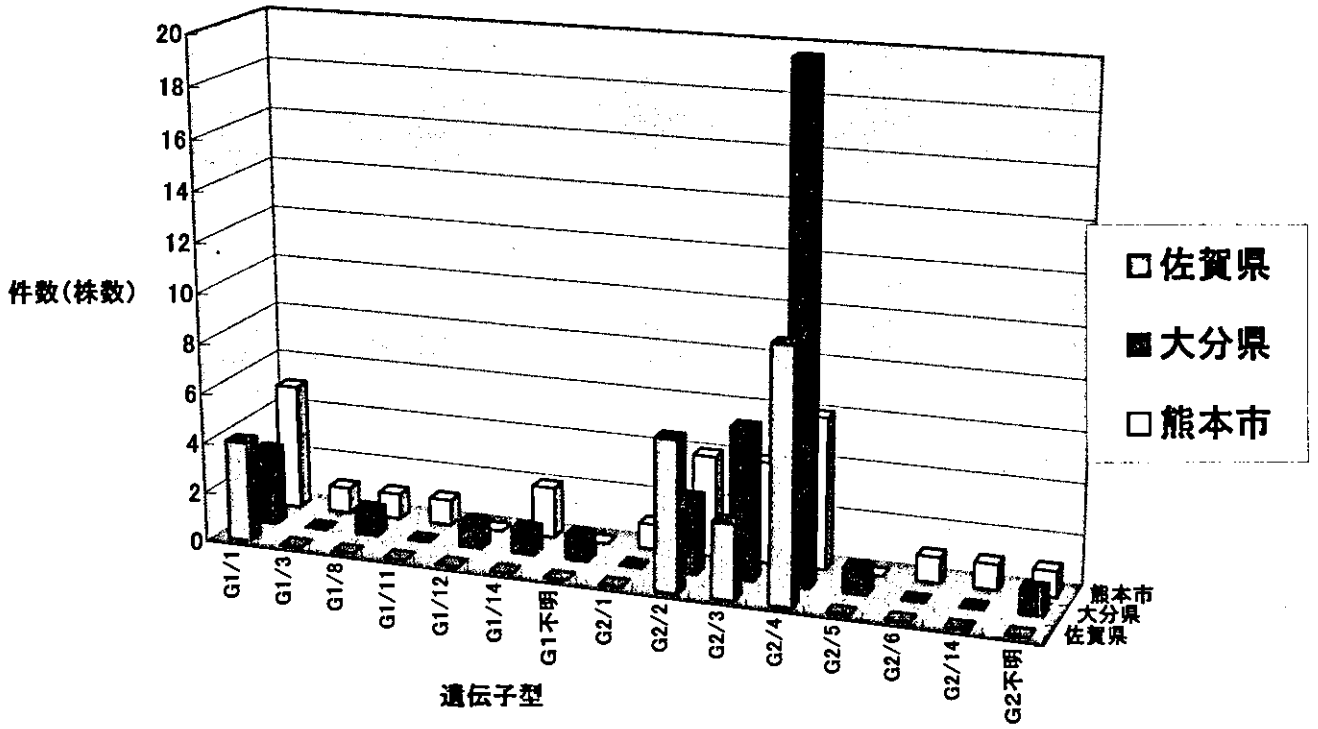


图2 NV检出状况(集团事例)

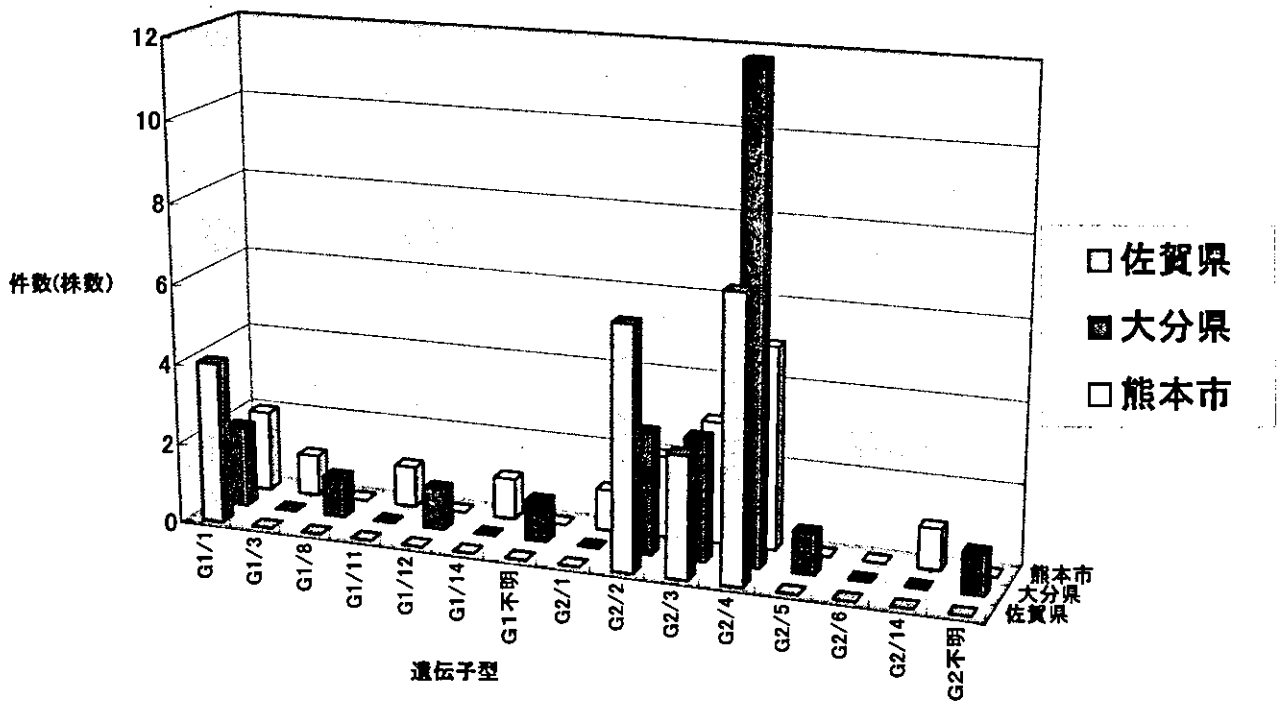


図3 NV検出状況(サーベイランス)

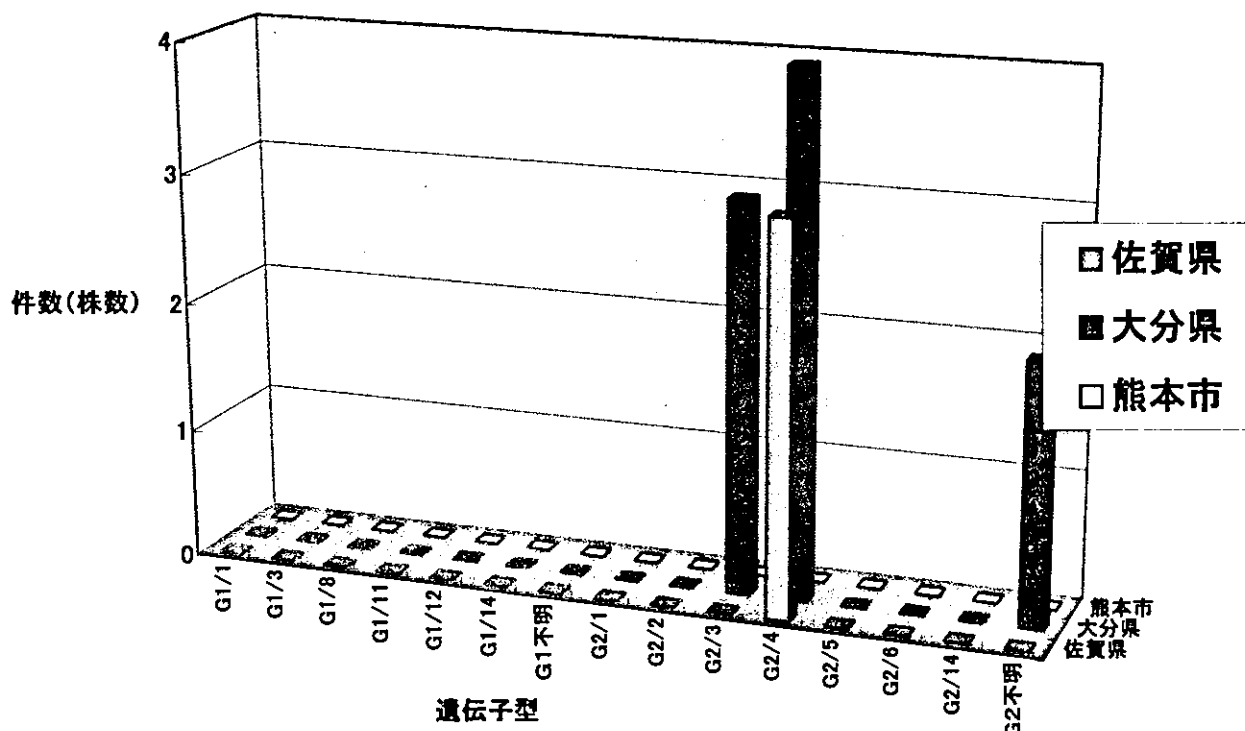
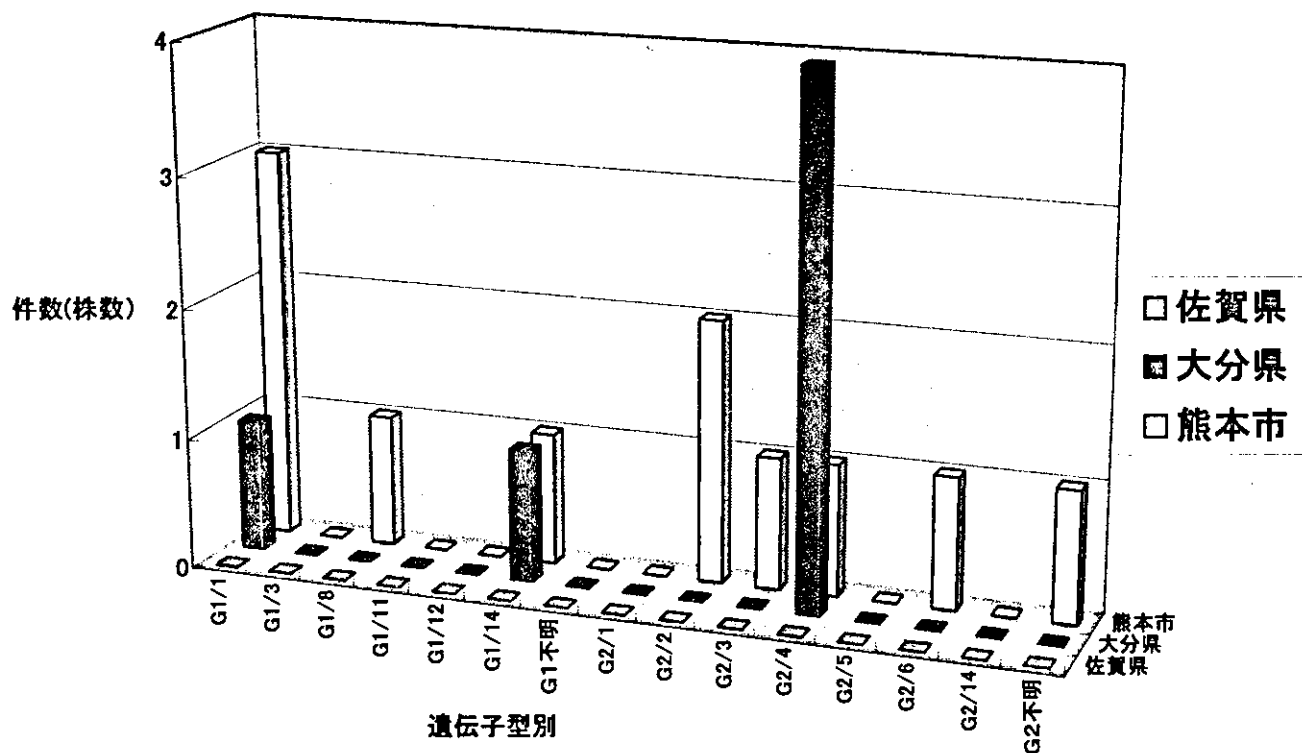


図4 NV検出状況(食品)



(图5) NV月别検出状況(事例数)

