

図3 2008/09 シーズン集団事例から検出されたNVGII/4 (capsid 領域) 系統樹
 (数字 : 表 1 及び表 2 の事例番号、枝番 : 同事例で塩基配列が一致しなかったNV、* : 食中毒事例)

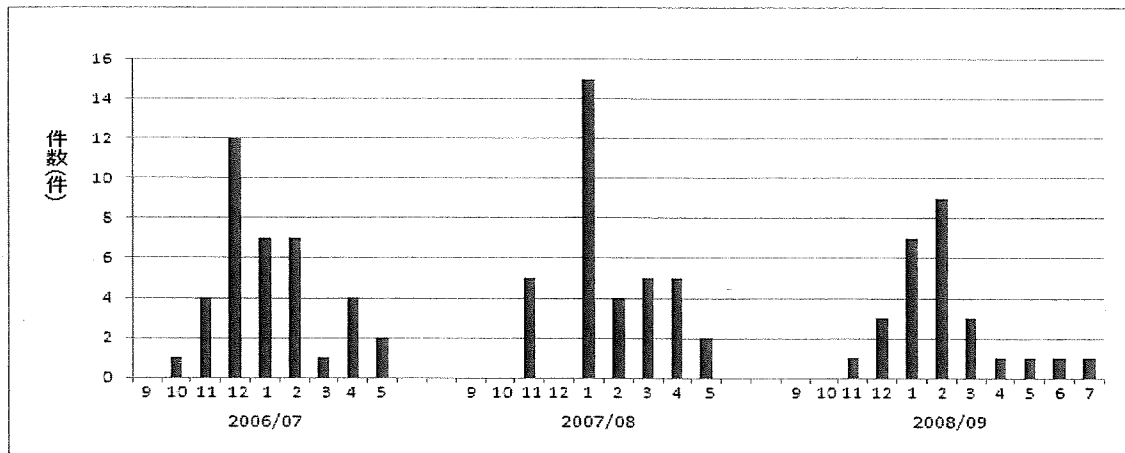


図4 シーズン別・月別 NV 集団事例数

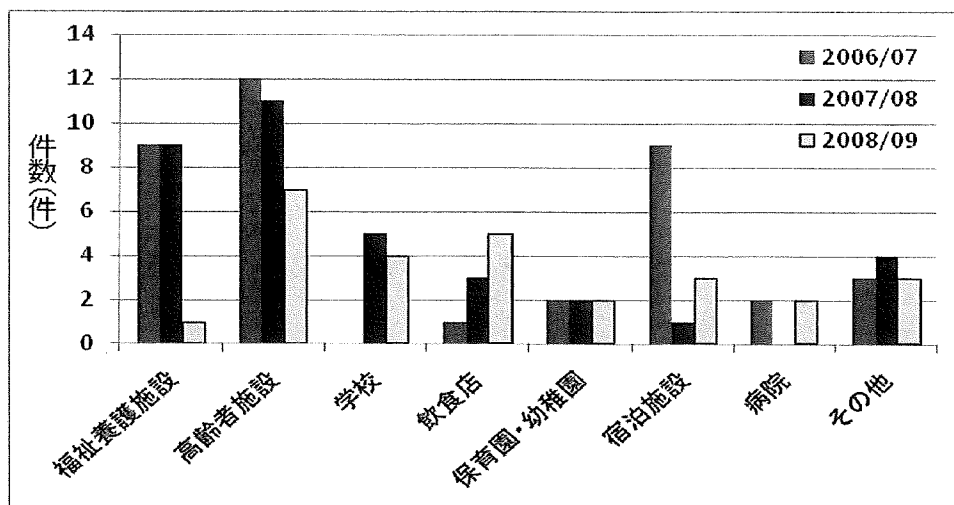


図5 NV 集団事例発生施設の種類の数

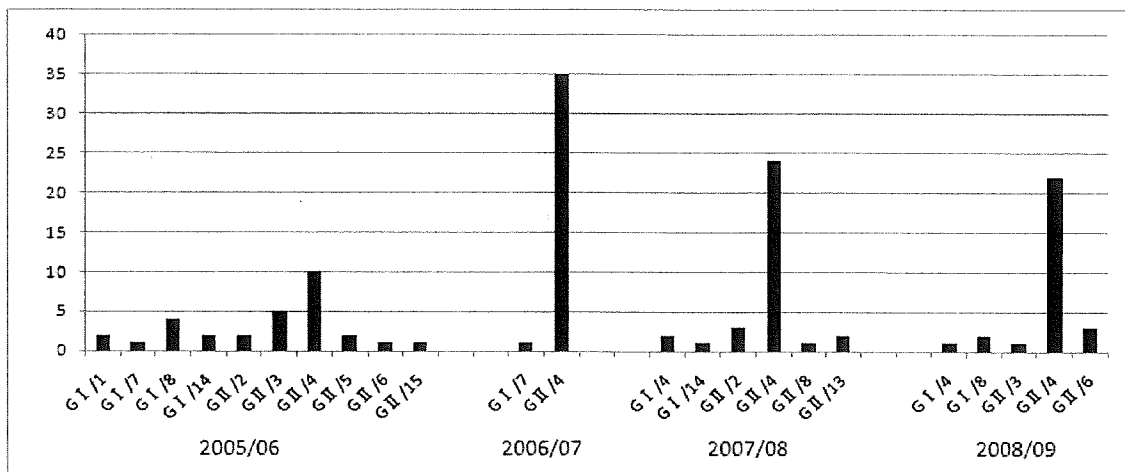


図6 シーズン別 NV 遺伝子型

表3 市販生食用カキのNV汚染実態調査の材料

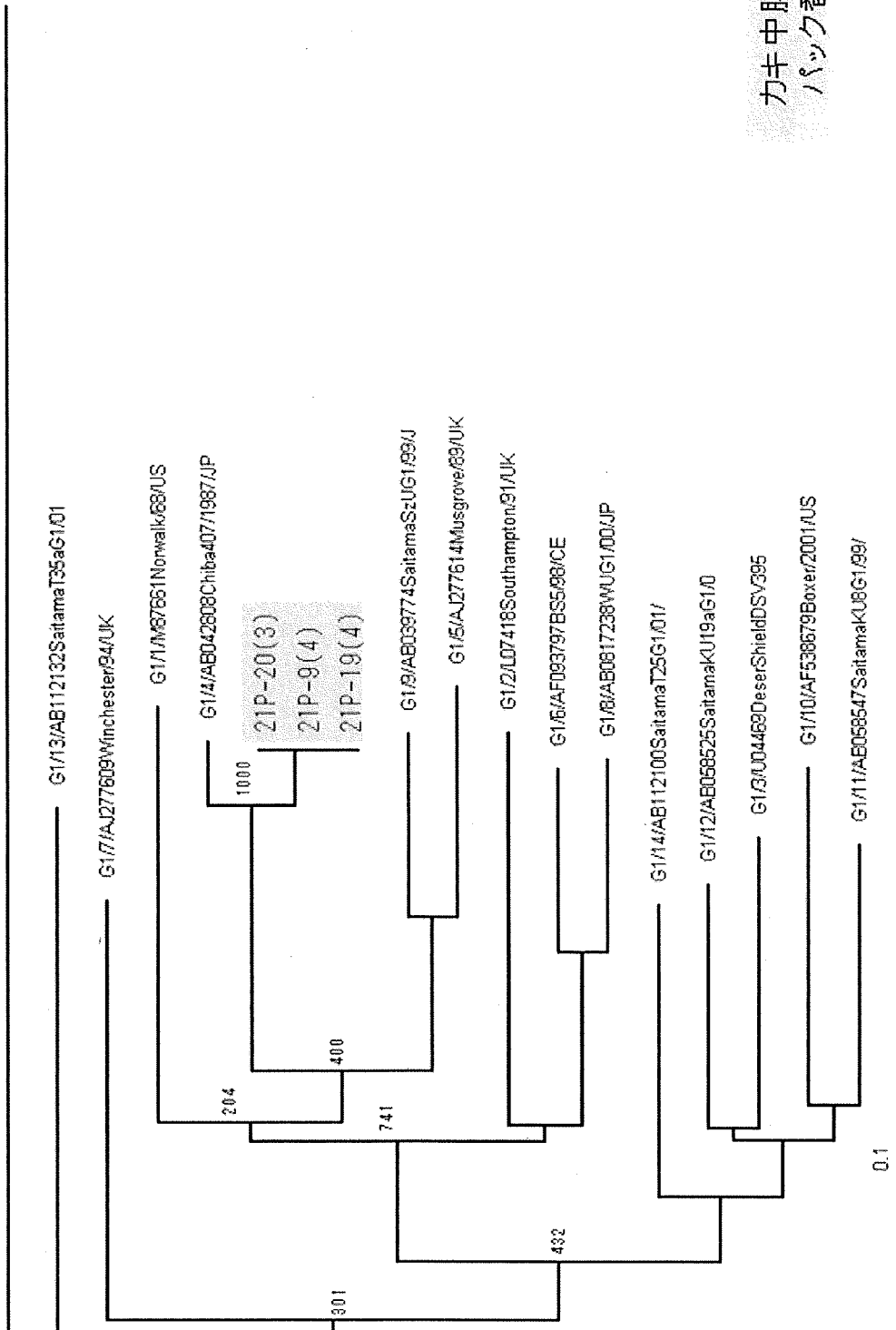
調査年度	パック番号	製造年月日	中腸腺の個数	パック内浮遊水の容量	パック内浮遊水検体番号
平成20年度	20P-1	H20. 10. 25	8	250	20P-1W
	20P-2	H20. 11. 2	6	250	20P-2W
	20P-3	H20. 11. 9	10	250	20P-3W
	20P-4	H20. 11. 15	7	250	20P-4W
	20P-5	H20. 11. 25	6	250	20P-5W
	20P-6	H20. 12. 6	7	250	20P-6W
	20P-7	H20. 12. 14	8	250	20P-7W
	20P-8	H20. 12. 21	7	240	20P-8W
	21P-9	H21. 1. 3	6	240	21P-9W
	21P-10	H21. 1. 10	9	240	21P-10W
	21P-11	H21. 1. 18	9	250	21P-11W
	21P-12	H21. 1. 24	6	250	21P-12W
平成21年度	21P-13	H21. 2. 1	6	250	21P-13W
	21P-14	H21. 2. 10	6	250	21P-14W
	21P-15	H21. 2. 14	7	250	21P-15W
	21P-16	H21. 2. 22	6	250	21P-16W
	21P-17	H21. 3. 1	6	250	21P-17W
	21P-18	H21. 3. 8	6	250	21P-18W
	21P-19	H21. 3. 15	5	240	21P-19W
	21P-20	H21. 3. 21	6	250	21P-20W

表4 Nested PCR法によるカキ中腸線及びパック水からのNV検出 (H20~H21)

調査 年度	パック番号 (カキ個数)	中腸線	パック内浮遊水
平成 20 年 度	20P-1 (8)	(-)	(-)
	20P-2 (6)	(-)	(-)
	20P-3 (10)	(-)	(-)
	20P-4 (7)	(-)	(-)
	20P-5 (6)	(-)	(-)
	20P-6 (7)	(-)	(-)
	20P-7 (8)	(-)	(-)
	20P-8 (7)	GⅡ/2 (1個)	(-)
	21P-9 (6)	GⅠ/4 (1個)、GⅡ/4 (1個)	(-)
	21P-10 (9)	GⅡ/4 (2個)	(-)
	21P-11 (9)	GⅡ/型不明 (2個)	(-)
	21P-12 (6)	GⅡ/4 (1個)	(-)
平成 21 年 度	21P-13 (6)	(-)	(-)
	21P-14 (6)	GⅡ/4 (1個)	(-)
	21P-15 (7)	(-)	(-)
	21P-16 (6)	GⅡ/6 (1個)	(-)
	21P-17 (6)	(-)	(-)
	21P-18 (6)	(-)	(-)
	21P-19 (5)	GⅠ/4 (1個)、GⅡ/4 (1個)	(-)
	21P-20 (6)	GⅠ/4 (1個)、GⅡ/4 (3個)	GⅡ/4

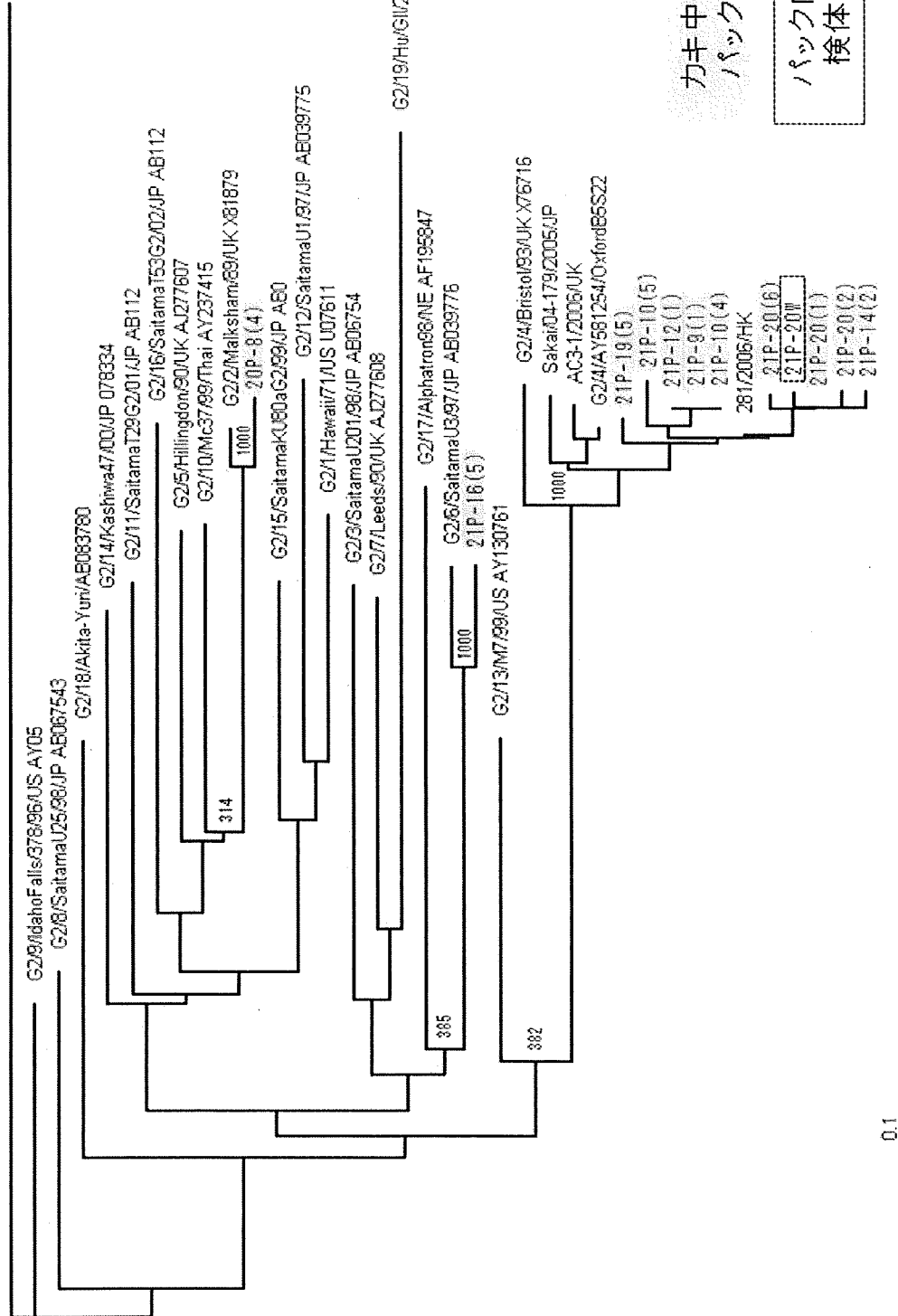
表5 リアルタイムPCRとRT-PCRのNV検出結果

パック番号	枝番	リアルタイムPCR結果 (コピー数/5 μ l)				RT-PCR結果		シーケンス 結果
		GI		GII		GI	GII	
20P-1	2	—	—	1.14	—	—	—	—
	7	—	—	—	11.05	—	—	—
20P-2	1	—	—	—	4.80	—	—	—
	2	—	—	—	2.05	—	—	—
20P-3	2	—	—	1.72	—	—	—	—
	3	—	—	—	2.80	—	—	—
	9	—	—	1.86	—	—	—	—
20P-8	4	—	1.08	1.95	2.70	—	+	GII/2
20P-8W		—	—	1.72	2.07	—	—	—
21P-9	1	—	—	3.68	—	—	+	GII/4
	2	—	—	—	7.34	—	—	—
	4	—	—	—	—	+	—	GI/4
	6	—	—	3.14	—	—	—	—
21P-10	4	—	—	3.64	—	—	+	GII/4
	5	—	—	—	11.32	—	+	GII/4
21P-11	1	—	—	—	—	—	+	シーケンス不可
	6	—	—	3.28	—	—	+	シーケンス不可
21P-12	1	—	—	—	—	—	+	GII/4
21P-13	3	—	—	4.56	—	—	—	—
	4	—	—	—	2.97	—	—	—
	5	—	—	7.26	—	—	—	—
	6	—	—	—	7.74	—	—	—
21P-14	2	—	—	—	—	—	+	GII/4
	3	—	—	4.36	—	—	—	—
21P-15	1	—	—	—	6.05	—	—	—
	2	—	—	—	5.22	—	—	—
	3	—	—	6.34	—	—	—	—
	5	—	—	3.52	—	—	—	—
21P-16	1	—	—	—	2.81	—	—	—
	2	—	—	—	8.17	—	—	—
	5	—	—	—	—	—	+	GII/6
21P-17	5	—	—	11.99	—	—	—	—
21P-18	2	2.85	—	—	—	—	—	—
	4	—	3.23	—	—	—	—	—
	6	5.61	3.55	—	—	—	—	—
21P-19	4	—	12.1	—	—	+	—	GI/4
	5	2.68	5.68	—	—	—	+	GII/4
21P-20	1	—	—	—	—	—	+	GII/4
	2	4.09	3.9	—	—	—	+	GII/4
	3	—	—	—	—	+	—	GI/4
	6	—	—	—	—	—	+	GII/4
21P-20W		—	—	—	—	—	+	GII/4



カキ中腸腺
バック番号(枝番)

図7 カキ中腸腺から検出のNV GI分子系統樹 (Capsid領域)



カキ中腸腺
パック番号(枝番)

パック内浮遊水
検体番号

図8 カキ中腸腺及びパック水から検出のNV GII分子系統樹 (Capsid 領域)

0.1

汚水処理施設におけるノロウイルス検出状況の比較検討

研究協力者：高橋 知子 (岩手県環境保健研究センター)
研究分担者：田中 智之 (堺市衛生研究所)
研究協力者：齋藤 幸一 (岩手県環境保健研究センター)

研究要旨：

2007年7月～2009年12月に、規模や処理方法の異なる汚水処理施設(下水道2施設、集落排水2施設、合併浄化槽3施設)において、ノロウイルス(NV)の検出状況と除去効果を調査した。大規模な下水道では、1年を通して流入水からNVが検出された。NV除去率は、下水道や集落排水で高く、安定していた。一方、合併浄化槽では低く、安定しない傾向であった。しかし、いずれの汚水処理施設においても、冬季には、放流水への1mlあたり 10^3 オーダー以上のNV排出がみられたことから、カキ等二枚貝のNV汚染の低減化には、汚水処理施設の放流水のNVを低減化することが課題と考えられた。

A. 研究目的

汚水処理施設に流入したNVは、大部分は処理過程で除去されるが、一部は放流水とともに放流され、河川を経て、海域へ達し、カキ等二枚貝に蓄積する。下水処理工程におけるNVの挙動については不明な点が多いことから、今回、カキのNV汚染の低減化に資するために、下水処理工程中のNVの動態と除去の実態について検討したので報告する。

B. 研究方法

1. 材料

継続調査していた汚水処理施設7施設(下水道2施設、漁業集落排水2施設、合併浄化槽3施設)の流入水および放流

水を検査材料(2007年7月～2009年12月)とした。(表1)

2. ウイルス濃縮方法

流入水及び放流水は静置後の上清を用いPEG沈澱法後の濃縮液を30%ショ糖液に重層後超遠心(36000rpm150分)を行い、得られた沈澱を蒸留水で再浮遊し、ウイルス濃縮検体とした。

3. NVの検出方法

各濃縮検体からQIAamp Viral RNA Miniキット(QIAGEN)を用いてRNAを抽出し、DNase処理後、High Capacity cDNA合成キット(ABI)を用いてcDNAを合成した。NVの定性はnested-PCRで行い、1st PCRにはCOG1F/G1-SKR、COG2F/G2-SKRを、nested-PCRにはG1-SKF/G1-SKR、G2-SKF/G2-SKRを用いた。NV増幅産物が確

認められた検体は、Universal PCR Master Mix (ABI)を用いRealtime-PCR法で、濃縮検体のコピー数を測定した。

4. NVの除去率の算出

流入水と放流水において、Realtime-PCR法で検出されたNVコピー数を比較し、流入水のNVが放流水でどの程度減少しているか割合を算出し、その平均値を出し、各污水处理施設におけるNVの除去効果の指標とした。

(倫理面への配慮)

本研究では、特定の研究対象者は存在せず、倫理面への配慮は不要である。

C. 研究結果

1. 下水道のNV検出状況と除去率(図1、2)

大規模な下水道AのNV検出状況は、季節変動が少なく、1年を通して流入水からNVが検出され、季節的な変動は少なかった。調査期間中、平均約98%のNVが除去されていた。また、NVの流入量が多いときには1mlあたり 10^3 オーダー以上のNVが放流される場合もあった。A施設に比較して規模の小さい下水道BでのNV検出状況は、2008年の検査開始時には、放流水のみからNVが検出された。その後は、平均約94.2%のNVが除去されていた。また、流入水中のNV量の増減に伴って、放流水中のNV量にも増減がみられた。

2. 漁業集落排水のNV検出状況と除去率(図3、4)

漁業集落排水CのNV検出状況は、放流水から 10^3 オーダーのNVの検出があったが、流入水で高濃度に検出されているにもかかわらず、放流水では検出されない

場合もあった。NVの除去は安定しており、99%が除去されていた。漁業集落排水Dの検出状況は、調査回数は少ないが、放流水からもNVが検出された。下水道と同様に、流入するウイルス量が多い場合には、放流水中に 10^3 オーダー以上の流出が確認される場合があったが、除去は安定しており、平均約99%であった。

3. 合併浄化槽のNV検出状況と除去率(図5~7)

合併浄化槽EではNVの除去が安定せず、放流水中に多く排出される場合があった。平均除去率は、約49%と低い傾向であった。合併浄化槽Fでは、他の2つの合併浄化槽に比較して流入水のNV量が少ない傾向にあり、除去率は平均68%であった。放流水からも流入水と同レベルのNVが検出されることもあった。合併浄化槽Gでは、除去率が3施設中最も低く、約45%であった。

D. 考察

下水道、漁業集落排水において、NVの除去は安定していたが、流入水中のNV量が多い時には、放流水にもNVが多く検出されていた。

中規模の合併浄化槽では、NVの除去は安定せず、下水道、漁業集落排水に比較して除去率は低い傾向にあり、放流水中に多く排出される場合があった。このことから、合併浄化槽もまた、河川、海域のNV汚染の汚染源であることが示唆された。合併浄化槽でのNV除去率は、E施設で約49%、Fで約70%、Gで約45%であったが、個々の除去率は非常にバラツキも多く、合併浄化槽におけるNVの除去

効果は安定しないことがわかった。

今後、除去率の検討は、流入水量の日内変動や処理に要する時間等を考慮した検討が必要である。

NV の流行状況や流行株の発生動向の把握を目的としたモニタリングの対象施設としては、処理対象人数が多く、年間を通してNVが検出される下水道処理施設が適すると考えられた。中小規模の合併浄化槽は施設の処理対象人数が少なく利用者が限定され、流入水のNVが利用者のNV感染の有無に左右されるため、地域全体の状況把握は難しいと考えられた。

河川、海域のNV汚染を低減化するためには汚水処理施設でのNVの除去率の向上や安定が望まれる。

E. 結論

通年で調査した大規模な下水道では、1年を通して流入水からNVが検出された。ノロウイルス(NV)の除去率は、下水道や集落排水の処理施設で高く、安定していた。一方、合併浄化槽では低く、安定しない傾向であった。しかし、いずれの汚水処理施設においても、除去されなかった一部のNVが放流水で1m¹あたり10³オーダー以上検出されたことから、カキ等二枚貝のNV汚染の低減化には、汚水処理施設の放流水のNVを低減化することが課題と考えられた。カキ等二枚貝のNV汚染の低減化には、汚水処理施設の放流水のNVのさらなる低減化や安定した除去が望まれる。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

なし

2. 学会発表

- 1) 高橋知子、高橋雅輝、高橋朱実、齋藤幸一、蛇口哲夫. 水系におけるNVの挙動とリスク低減に関する研究. 第63回日本細菌学会. 東北支部総会、盛岡市、2009年8月
- 2) 高橋知子、高橋朱実、高橋雅輝、蛇口哲夫. 下水処理におけるノロウイルスの挙動について. 第44回日本水環境学会. 福岡市、2010年3月

G. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得：なし

2. 実用新案登録：なし

3. その他：なし

表1 対象污水处理施設の概要

区分	対象施設	対象人口(人)	処理方法	調査期間	採水回数
下水道	A	380,000	標準活性汚泥法	2007.11~2009.3	21回
	B	12,000	硝化促進型活性汚泥法	2008.10~2009.12	11回
漁業	C	1,200	接触ばっ気法	2008.7~2009.12	12回
集落排水	D	5,000	OD法(長時間ばっ気法※)	2008.10~2009.3	5回
合併浄化槽	E	300	長時間ばっ気法	2007.7~2008.3	6回
	F	200	長時間ばっ気法		
	G	350	接触ばっ気	2008.10~2009.2	5回

※ 浄化槽法上の分類

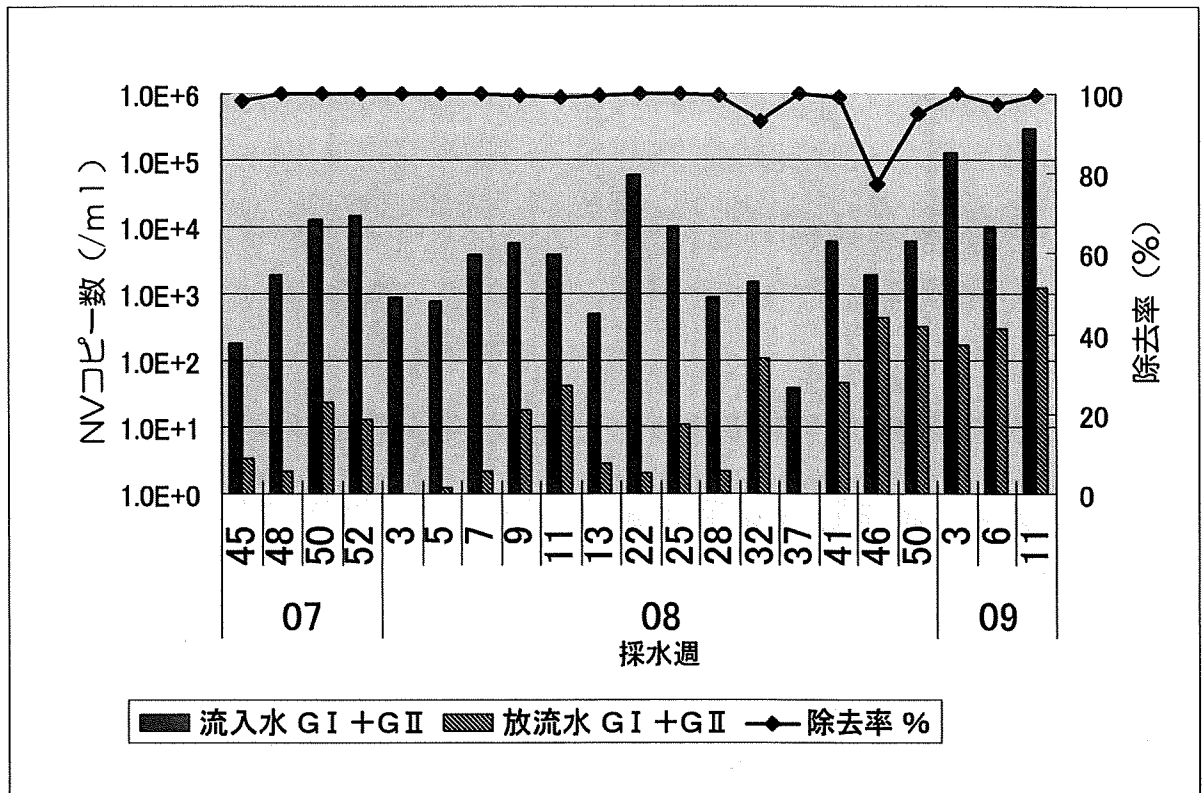


図1 A下水道におけるNV検出

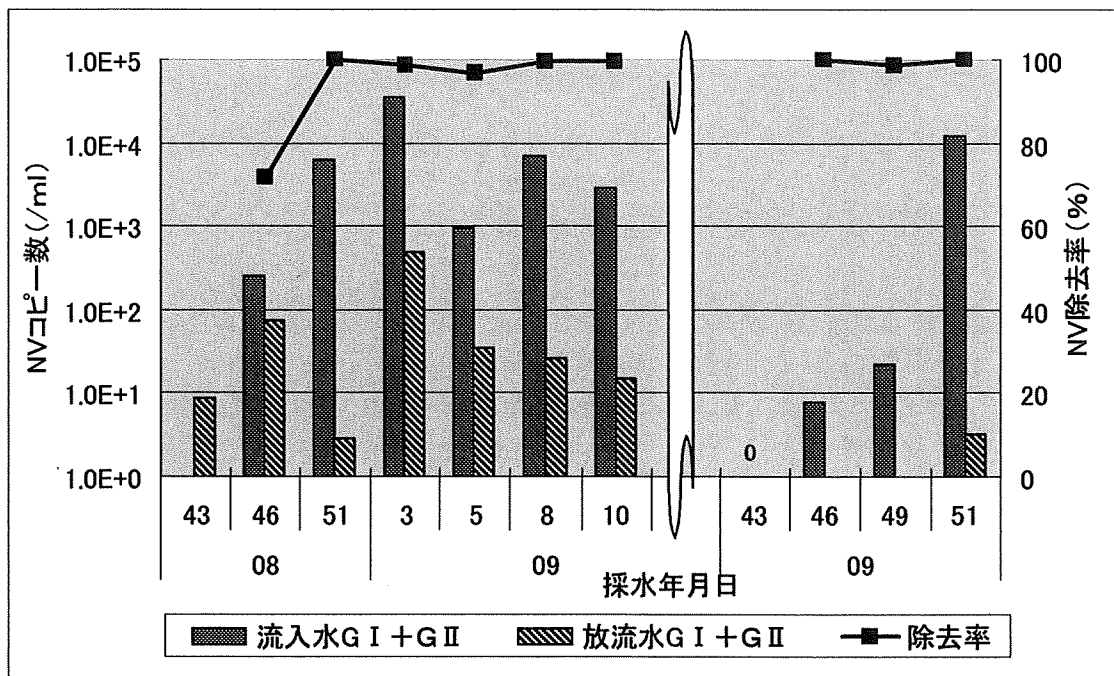


図2 B下水道におけるNV検出状況

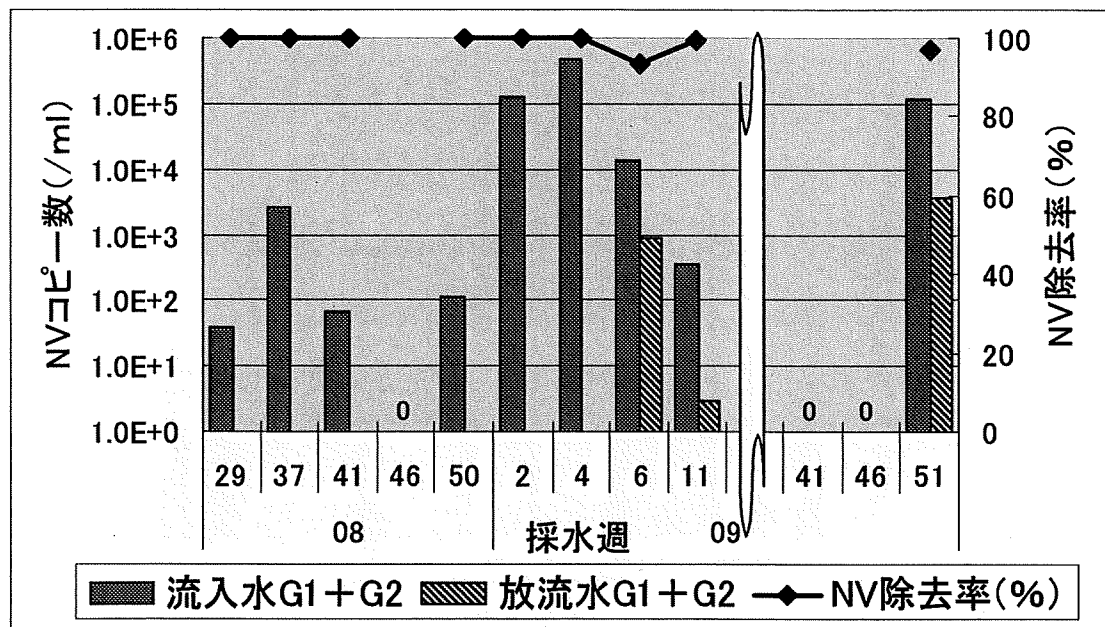


図3 C漁業集落排水におけるNV検出状況

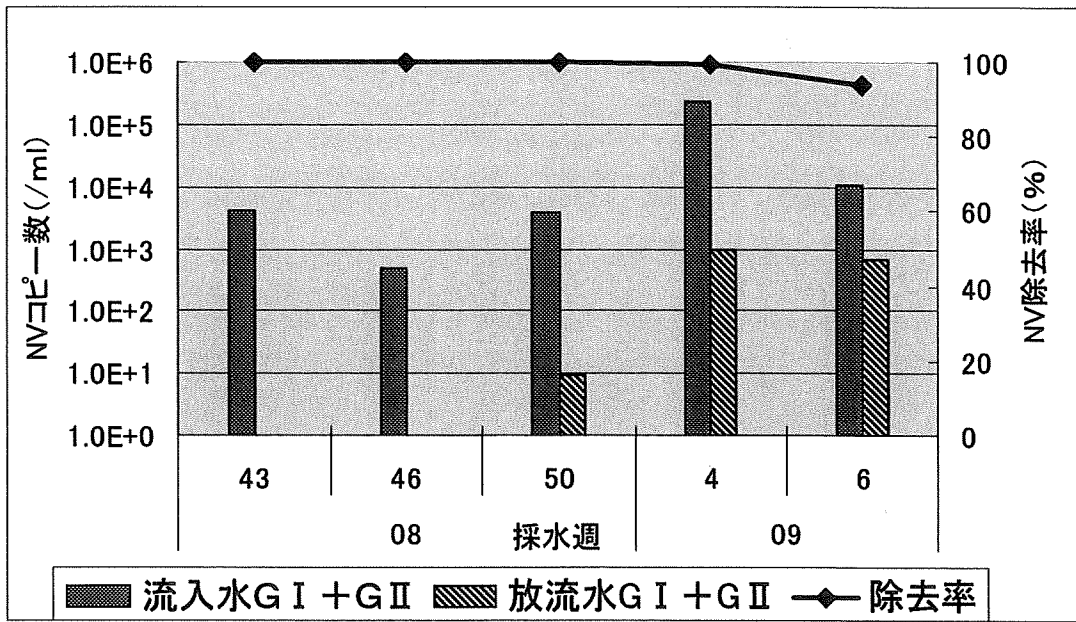


図4 D 漁業集落排水における NV 検出状況

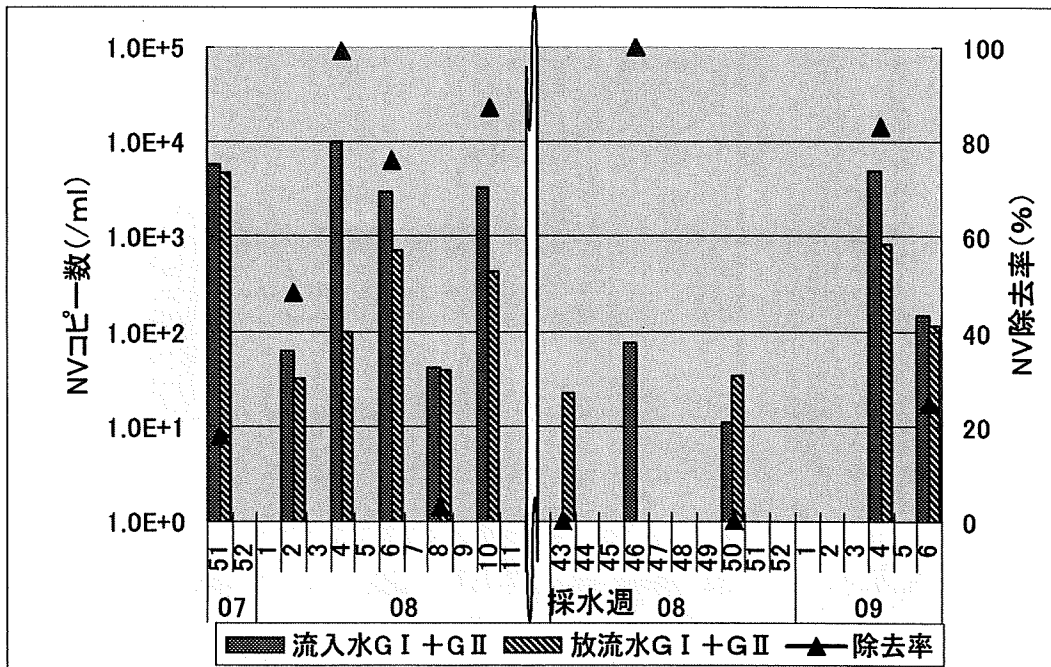


図5 E 合併浄化槽における NV 検出状況

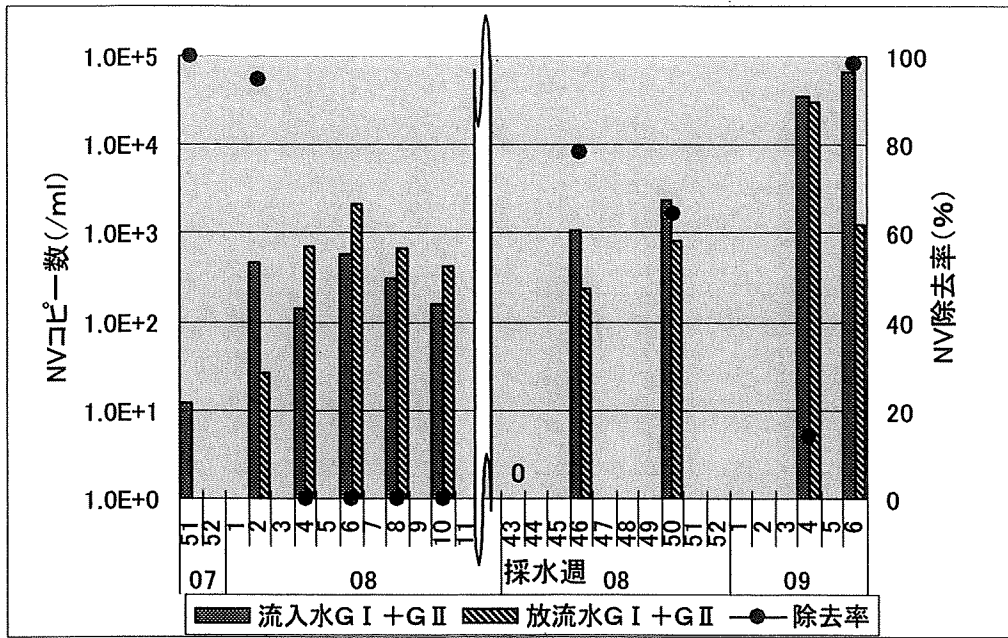


図 6 F 合併浄化槽における NV 検出状況

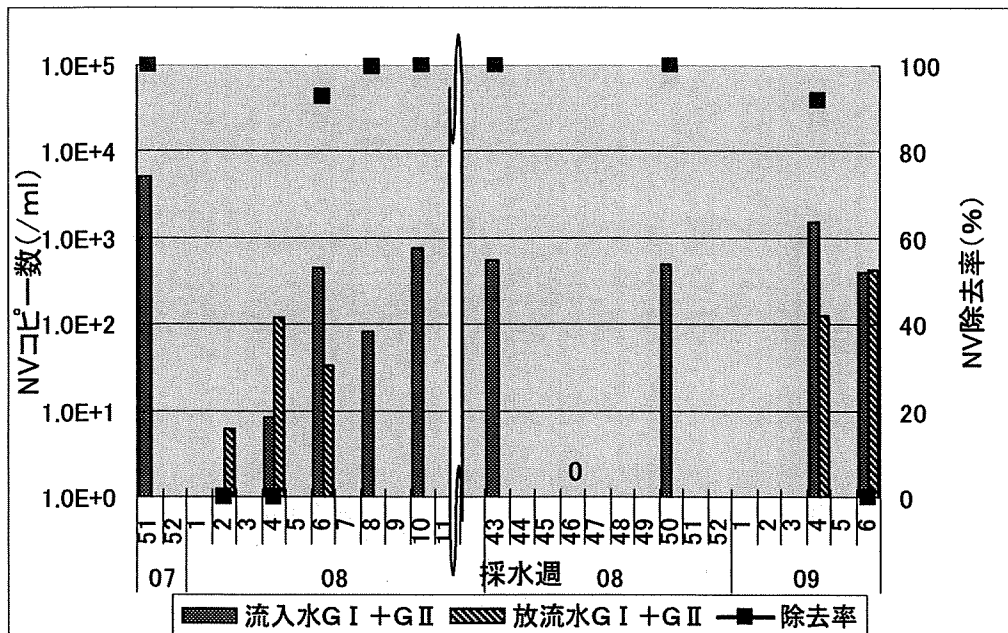


図 7 G 合併浄化槽における NV 検出状況

カキからのサポウイルス（SaV）の検出について

研究協力者： 植木 洋 （宮城県保健環境センター）

研究分担者： 田中 智之（堺市衛生研究所）

研究要旨：

過去 3 ヶ年の冬季に県内の下水処理場処理水受容河川にカキを吊しサポウイルス（SaV）の検出調査を行った結果、平成 19 年度は 39 個体中 3 個体（7.7%）、20 年度は 67 個体中 2 個体（3.0%）から SaV 遺伝子が検出された。しかし、平成 21 年度は検出されなかった。一方 19 年度と 20 年度に県内産食用市販カキを対象とした調査では、19 年度に 48 個体中 1 個体から SaV 遺伝子が検出された。

A. 研究目的

SaV 感染者はノロウイルス感染者と同様にウイルス粒子を糞便中に排泄するため、SaV の環境や食品への混入が危惧される。SaV の環境や食品への混入の状況を調べることは SaV による食中毒の予防対策を講ずる上で重要であることから、ろ過性生物であるカキを用いて環境中の SaV の検出を試みた。

B. 研究方法

カキは県内の下水処理場の処理水受容河川に冬季間吊したカキを垂下カキとし、平成 19 年度 16 個体、20 年度 67 個体、21 年度 65 個体を検査対象とした。さらに平成 19 年度と 20 年度の 12 月に県内で市販されていた県内産食用カキ（市販カキ）それぞれ 16 パックについても調査を行った。なお、遺伝

子検出検査は検査マニュアルに従った。なお、分子疫学的解析には感染性胃腸炎事例で検出された SaV 株も用いて行った。

（倫理面への配慮）

本研究では、特定の研究対象者は存在せず、倫理面への配慮は不要である。

C. 研究結果

平成 19 年度は垂下カキ 16 個体中 3 個体（18.8%）、市販カキ 48 個体中 1 個体（2.1%）から SaV 遺伝子が検出された。20 年度は市販カキからは SaV 遺伝子は検出されなかったが、垂下カキからは 67 個体中 2 件（3.0%）から遺伝子が検出された。一方、21 年度は垂下カキから SaV 遺伝子は検出されなかった。

また、検出された SaV 遺伝子を分子

疫学的に解析した結果を図 1 に示す。平成 19 年度に市販カキから検出された SaV 遺伝子と同年に垂下カキから検出された SaV 遺伝子はすべて GIV/1 のクラスターに分類され株間で 99.7%以上の相同性が確認された。これらの株の中には県内で発生した SaV による胃腸炎事例から検出された株と 100%の塩基配列が一致する例も確認され、ヒト糞便に由来する SaV が環境水などを通してカキ取り込まれていることが明らかになった。

一方、20 年度に垂下カキから検出された 2 件はそれぞれ GI/1 と GI/3 近縁株であった。

D. 考察

これまで市販国内産シジミ (Hansman ら *Emerg Infect Dis.* , 13, 620-622, 2007) やカキが原因食品と推定される食中毒事例 (Nakagawa ら *Jpn. J. Infect. Dis.* , 62, 63-66, 2009) の報告はあるが、市販カキから SaV 遺伝子を検出した報告は国内外で初めての例である。

特に今回の研究では、胃腸炎事例で検出された SaV 遺伝子と垂下カキと市販生食用カキから検出された SaV 遺伝子を分子疫学的に解析した結果、一部の領域で 100%の相同性が確認されたことにより SaV のカキ汚染もノロウイルスと同様にヒト～環境水～カキであることが示唆された。

今回の結果より SaV のヒトでの流行を把握するためには、ろ過性生物であるカキを用いたモニタリングは有効で

ある可能性が示された。

E. 結論

垂下カキを対象とした SaV のモニタリングは、SaV による感染性胃腸炎の流区を把握するために非常に有効であることが明らかになった。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

なし

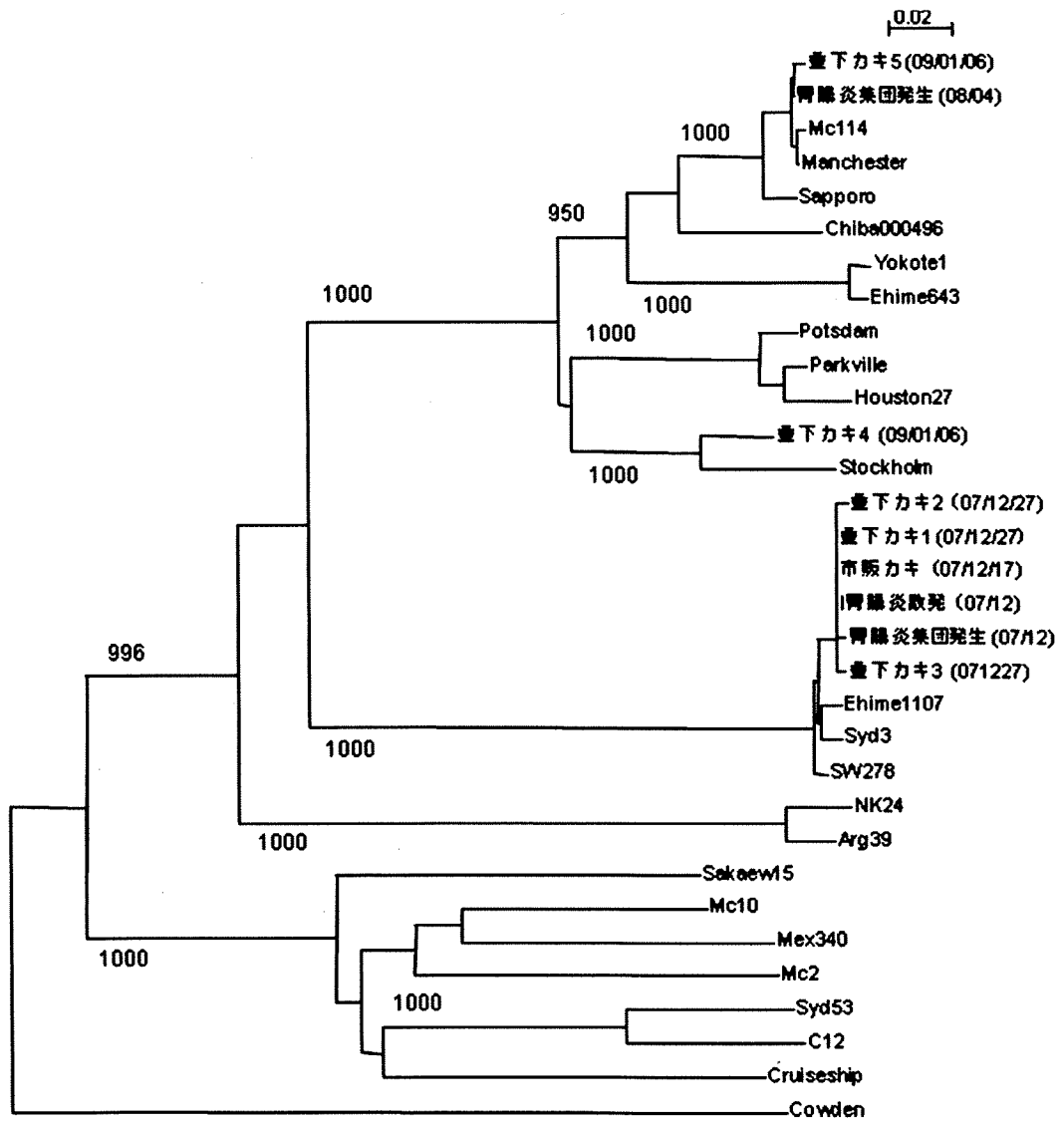
2. 学会発表

(1) You Ueki, Prevalence and genotypes of *Sapovirus* in wastewater, oysters and gastroenteritis patients in Japan , 15th International Symposium on Health-Related Water Microbiology , Naxos, Greece, 2009

H. 知的財産権の出願・登録状況

なし

図 1. 検出 SaV 遺伝子分子系統樹



GII.4 ノロウイルスの新変異株 Apeldoorn317/2007/NL (AB445395) に
近縁なノロウイルスによる胃腸炎の発生

研究協力者：田村 務 (新潟県保健環境科学研究所ウイルス科)

研究分担者：田中 智之 (堺市衛生研究所)

研究要旨：

ノロウイルスの中でも特に遺伝子型がGII.4のノロウイルスは、変異を繰り返しながら、過去に大規模な流行を繰り返し引き起こしてきた。このため、特にGII.4ノロウイルスの新変異株の出現を監視することは、今後の胃腸炎の流行予測につながる可能性がある。

我々は、2007年12月にオランダで採取されたGII.4の新変異株Apeldoorn317/2007/NL (AB445395) に近縁なノロウイルスを、2008年11月に、新潟県内で発生した集団胃腸炎患者から検出した。この株は、ノロウイルスの抗原エピトープと推定されるアミノ酸部位が、流行中のGII.4 2006b株や過去に流行したGII.4変異株とは異なっていた。この変異株は、2008年10月から2009年4月までの間に、散発的に6件の集団胃腸炎事例と4人の小児胃腸炎患者から検出された。

2010年1月にも新潟県内でこの変異株が確認され、2008-09シーズン検出株から更にエピトープと推測される部位に変異がみられており、今後、流行の可能性があることから、この変異株の動向の監視が必要である。

A. 研究目的

ノロウイルスの中でも特に遺伝子型がGII.4のノロウイルスは、過去に大規模な流行を繰り返し、世界的な流行となっている。これは、宿主の免疫圧力によって、エピトープと推定される部位のアミノ酸をコードする遺伝子に変異し、免疫を回避した新たな変異株が出現して世界的な流行を引き起こしたと考えられている。

我々は、2008年11月に、2007年12月

にオランダで採取されたGII.4の新変異株Apeldoorn317/2007/NL (AB445395) に近縁なノロウイルスを集団胃腸炎患者から検出した。この新たなGII.4変異株の出現で、再度流行が起こる可能性があることから、この変異株の検出動向を検索した。

B. 研究方法

1. 胃腸炎の原因ウイルスの検索

2008年11月から2009年7月までの間

に、新潟県内で発生した食中毒の疑い事例を含む胃腸炎の集団発生事例77事例で、保健所で積極的疫学調査を実施し、当所に検査依頼があった事例の患者便、及び感染症サーベイランスにおいて、病原体定点病院で収集された患者便136検体を材料とした。

また、2009年11月から2010年1月の期間においても同様に、ウイルスの検索を継続した。

リン酸緩衝生理食塩水に約10%濃度に浮遊させた患者便を9000rpmで20分遠心し、その上清100 μ lからExtragen II (TOSOH)を使用してRNA/DNAを抽出した。

RTは、pd(N)6 Random Hexamer (GE Healthcare)とMMLV-RT (Invitrogen)を用いて、あるいは、High Capacity RNA-to-cDNA Kit (Applied Biosystems)を使用した。

検索したウイルスは、ノロウイルス、サポウイルス、アストロウイルス、A群ロタウイルス、C群ロタウイルス、アデノウイルスでマルチプレックスPCR法によってスクリーニングを実施した。

Aセット：ノロウイルスG I & G II、Bセット：サポウイルス&アストロウイルス、Cセット：A群&C群ロタウイルス&アデノウイルスの3セットで、プライマーは、Yan (2003, 2004)らの方法に準じた。

2 G II.4 ノロウイルスのVP1 P2領域の増幅と遺伝子塩基配列の解析

COG2F/G2SKRのプライマーの増幅産物により遺伝子型がG II.4であることを確認した後、ノロウイルスの超可変領域のP2ドメインを含むVP1領域を、篠原らのプライマーL1/L7によって増幅した。

遺伝子塩基配列の決定は、ダイレクトシーケンス法によって実施し、Mega4により系統樹解析を実施した。

(倫理面への配慮)

本研究では、特定の研究対象者は存在せず、倫理面への配慮は不要である。

C. 研究結果

2008年11月から2009年7月に、新潟県内で発生し、当所に検査依頼のあった食中毒疑い事例と集団胃腸炎の、施設・事例別ウイルス検査状況を表1に、月別のウイルス検出状況を表2に示す。

集団胃腸炎事例77事例中57事例からウイルスが検出され、検出ウイルスでは、ノロウイルスが最も多く、52事例であった。ノロウイルスの遺伝子型をみると、G II.4が27事例と最も多く、次いでG II.6が18事例であった。

G II.4の27事例中6事例(22%)がG II.4の新変異株によるものであった。6件の集団事例は、施設・事例別でみると、保育園における胃腸炎事例が3件、飲食店で発生した食中毒事例1件、及び12月に救護施設で発生した胃腸炎事例1件、知的障害施設1件で、保育園における幼児での発生が多いが、食中毒事例で成人における感染も確認された。

感染症サーベイランスでは(表3)、小児胃腸炎患者便136件中91件からウイルスが検出され、ノロウイルスが最も多く54件であった。ノロウイルスの遺伝子型では、G II.4が最も多く41件であった。G II.4の41件中4件(9.8%)がG II.4の新変異株であった。

2009-10 シーズンにおける新変異株の検

索では、2010年1月に、1件の集団胃腸炎事例と小児胃腸炎患者便1検体から新変異株を検出した。

これらの検出された新変異株の、L1/L7プライマーによる増幅領域の塩基配列によるデータベースのBLAST検索では、Apeldoorn317/2007/NL (AB445395)株に最も近縁であることがわかった。この株は、2007年12月にオランダで採取された検体から検出されたもので、新変異株として登録されたものであった。2008-09シーズン検出の新変異株とは、600塩基中2塩基の相違のみであった。

ORF2の5'末端の領域における系統樹(図1)では2006b変異株とは別のクラスターを形成することから、新たな変異株と推測できた。VP1領域の部分の塩基配列による系統樹(図2)では、2006b変異株から枝分かれした場所にクラスターを形成し、Apeldoorn317/2007/NL株と同じクラスターに属した。2009-10シーズンに検出された新変異株は、2008-09シーズン検出株から分岐したクラスターを形成した。

Allen D. J.ら及び Donaldson E. F.⁵⁾らは、ノロウイルスのカプシドの表面に抗体が結合するエピトープを構築するVP1領域のアミノ酸部位を推定しているが、このアミノ酸が今回検出された新変異株でどのように変異しているか調べた。Donaldson E. F.らの表を改変し、今回検出されたGII.4新変異株とGII.4 2006b株のエピトープのアミノ酸を比較した(図3)。Donaldson E. F.らの領域A(Allen D. J.らが提唱するSite B)のアミノ酸が、2008-09シーズン株ではT394D、2009-10シーズン株は、更に394Dが394Nへと変異していた。領域BではG340A、

E376Dの変異があり、更に領域CではE372Dの変異が確認された。領域D(Allen D. J.らが提唱するSite A)に変異はみられなかった。

D. 考察

胃腸炎の集団発生事例と感染症サーベイランスにおける胃腸炎ウイルスの検索の中で、ノロウイルスApeldoorn317/2007/NL株に近縁なGII.4の新変異株の出現が2008年11月に新潟県内で始めて確認された。この株は、2007年12月にオランダの患者から検出されたApeldoorn317/2007/NLに近縁であることから、海外から人や物によって持ち込まれたと推測される。本村らによる、全国から収集されたGII.4ノロウイルスの検索で、新潟を含む国内6カ所の地方衛生研究所で検出されていることがわかり、この変異株はGII.4 2008aと分類された。

例年、11月から12月にノロウイルス胃腸炎の流行が見られるが、2009-10シーズンはこの流行が無く、2010年1月に例年並みの流行が始まった。他の型のノロウイルスも多く検出されているが、2010年1月に、この新変異株が高齢者福祉施設の利用者と小児の胃腸炎患者から検出され、2シーズンで確認されたこととなる。

Allen D. J.ら及び Donaldson E. F.らは、GII.4ノロウイルスのカプシドを構成する遺伝子のVP1領域のP2ドメインで、過去の変異株の流行とアミノ酸変異のある部位から、抗原エピトープのアミノ酸部位を推定し、免疫圧力の回避によってGII.4が流行を起こしてきたと推測している。

2008a新変異株と過去の株のエピトープと推測される部位のアミノ酸を比較すると、