

分流水は、NVG1 では 7 検体中 6 検体から最小コピー数は 2.5 コピーから最大コピー数は 2334.3 コピー/5 $\mu$ l で、採水 20 中のウイルス量は、 $6.4 \times 10^3 \sim 2.8 \times 10^5$  に算出された。NVG2 では 7 検体全てから検出され、最小コピー数 57.0 コピー、最大コピー数 6676.1 コピー/5 $\mu$ l で 20 に換算すると、およそ  $1.8 \times 10^4 \sim 2.1 \times 10^6$  であった (表 3、図 1、2)。分流水 7 検体中 6 検体から SV が検出された。HAV 及び AstV 遺伝子は検出されなかった (表 4)。

合流水及び分流水から検出された NV G1 (12 株) 及び G2 (14 株) のうち、NVG1 (7 株)、G2 (8 株) について、Capsid 領域の遺伝子解析を行った。その結果、合流水及び分流水から、G1 では G1/1/M87661Norwalk/68/US、G1/2/L07418Southampton/91/UK、G1/4/AB042808Chiba407/1987/JP、G1/6/AF093797BS5/98/CE、G1/7/AJ277609Winchester/94/U の 5 種類のウイルスが確認された。G2 では G2/4/Bristol/93/UK、G2/12/SaitamaU1/97/JP の 2 種類のウイルスが確認された (図 3、4)。

また、SV 10 株のうち SV 2 株について、解析を行った結果、G1/Manchester、G1/Sapporo の 2 種類のウイルスが確認された。

## (2) 市販生食用カキ

市販生カキ 12 検体及びパック水 6 検体から NVG1、NVG2、HAV、SV 及び AstV 遺伝子は検出されなかった (表 5、6)。

## D. 考察

合流水及び分流水の処理について、PEG

濃縮後に超遠心による精製、濃縮操作の必要性について、検討した結果、超遠心を実施した方がウイルス量が少なかった。その理由として、超遠心後の上層部に大量の浮遊物があり、ウイルスがその浮遊物に付着することにより検出数が少なかったと考えられた。

合流水及び分流水の NV、SV 汚染を調査したところ、NVG1 は 14 検体中 13 検体から、NVG2 は 14 検体全てから確認され、検出されたウイルス遺伝子コピー数としては、G1 が 2.46~2334.32 コピー/5 $\mu$ l、G2 が 19.96~6676.10 コピー/5 $\mu$ l 検出された。SV は 14 検体中 10 検体から遺伝子が検出された。検出された NVG1、NVG2、SV について、遺伝子解析を実施したところ、NVG1 (5 種類)、NVG2 (2 種類)、SV (2 種類) が明らかとなり、このことから、地域に潜在する NV や SV の遺伝子型の分布状況が確認でき、ウイルス性食中毒や感染症のリスク評価に繋がるものと考えられる。今回の下水等の汚染調査においては、複数の遺伝子が混在していたことから、複数のウイルスを検出又は確認する方法について、クローニング法を含めて、検討する必要があると考える。

また、合流水及び分流水から HAV、AstV は検出されなかったが、本調査については、市販生カキの調査同様リスク評価の資料とするため、継続する必要があると考える。

## E. 結論

合流水について、NVG1 遺伝子および NVG2 遺伝子では 7 検体全てから検出された。SV 遺伝子は、7 検体中 4 検体から検

出された。HAV 及び AstV 遺伝子は検出されなかった。

分流水は、NVG1 および NVG2 では 7 検体全てから検出された。分流水 7 検体中 6 検体から SV が検出された。HAV 及び AstV 遺伝子は検出されなかった。

合流水及び分流水から検出された NVG1 (7 株)、G2 (8 株) について、遺伝子解析を行った結果、G1 では 5 種類のウイルスが確認された。G2 では 2 種類のウイルスが確認された。また、SV では 2 種類のウイルスが確認された。

市販生カキから NVG1、NVG2、HAV、SV 及び AstV 遺伝子は検出されなかった。

## F. 研究発表

### 1. 論文発表

なし

### 2. 学会発表

なし

## 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 下水処理施設の合流水・分流水の採水時の天気

No	採水月日	天気
1	11. 1 (月)	雨
2	11. 9 (火)	雨
3	11.15 (月)	曇り
4	11.22 (月)	曇り
5	11.29 (月)	雪
6	12.13 (月)	雪
7	12.20 (月)	雨

表2 市販生食用カキ及びパック水の使用量

加工日	内容量	中腸腺 No	中腸腺量 (g)	パック水 No	パック水量 (ml)
2010.11.12	100g	1-1	4.9	1	240
		1-2	4.3		
2010.11.14	100g	2-1	5.1	2	200
		2-2	4.9		
2010.11.22	100g	3-1	5.5	3	240
		3-2	3.9		
2010.11.30	100g	4-1	3.4	4	240
		4-2	3.7		
2010.12.14	100g	5-1	3.5	5	200
		5-2	3.0		
2010.12.18	90g	6-1	6.2	6	240
		6-2	5.0		

表3 合流水・分流水からのNV検出状況

月日	No	G1				G2			
		シーケ ンスNo	合流水	シーケ ンスNo	分流水	シーケ ンスNo	合流水	シーケ ンスNo	分流水
11. 1 (月)	①	glg1	34.9	glb1	214.4	g2g1	517.9	g2b1	423.7
11. 9 (火)	②	glg2	8.5	glb2	119.2	g2g2	293.6	g2b2	3531.6
11.15 (月)	③	glg3	26.4	glb3	86.4	g2g3	1308.7	g2b3	6676.1
11.22 (月)	④	glg4	0.0	glb4	0.0	g2g4	876.9	g2b4	1302.8
11.29 (月)	⑤	glg5	5.3	glb5	2.5	g2g5	20.0	g2b5	57.0
12.13 (月)	⑥	glg6	11.2	glb6	59.4	g2g6	215.3	g2b6	6638.5
12.20 (月)	⑦	glg7	3.8	glb7	2334.3	g2g7	89.7	g2b7	4977.9

(コピー数/5 $\mu$ l)

表4 合流水・分流水からのHAV、SV、AstV検出状況

月日	No	HAV		SV		AstV	
		合流	分流	合流	分流	合流	分流
11. 1 (月)	①	-	-	-	-	-	-
11. 9 (火)	②	-	-	-	+	-	-
11.15 (月)	③	-	-	+	+	-	-
11.22 (月)	④	-	-	+	+	-	-
11.29 (月)	⑤	-	-	-	+	-	-
12.13 (月)	⑥	-	-	+	+	-	-
12.20 (月)	⑦	-	-	+	+	-	+

※ (+) : 陽性、(-) : 陰性

表5 中腸腺からのHAV、NV、SV、AstV検出状況

カキ 中腸腺	HAV	NVG1	NVG2	SV	AstV
1-1	-	-	-	-	-
1-2	-	-	-	-	-
2-1	-	-	-	-	-
2-2	-	-	-	-	-
3-1	-	-	-	-	-
3-2	-	-	-	-	-
4-1	-	-	-	-	-
4-2	-	-	-	-	-
5-1	-	-	-	-	-
5-2	-	-	-	-	-
6-1	-	-	-	-	-
6-2	-	-	-	-	-

※ (-) : 陰性

表6 パック水からのHAV、NV、SV、AstV検出状況

パック水	HAV	NVG1	NVG2	SV	AstV
1	-	-	-	-	-
2	-	-	-	-	-
3	-	-	-	-	-
4	-	-	-	-	-
5	-	-	-	-	-
6	-	-	-	-	-

※ (-) : 陰性

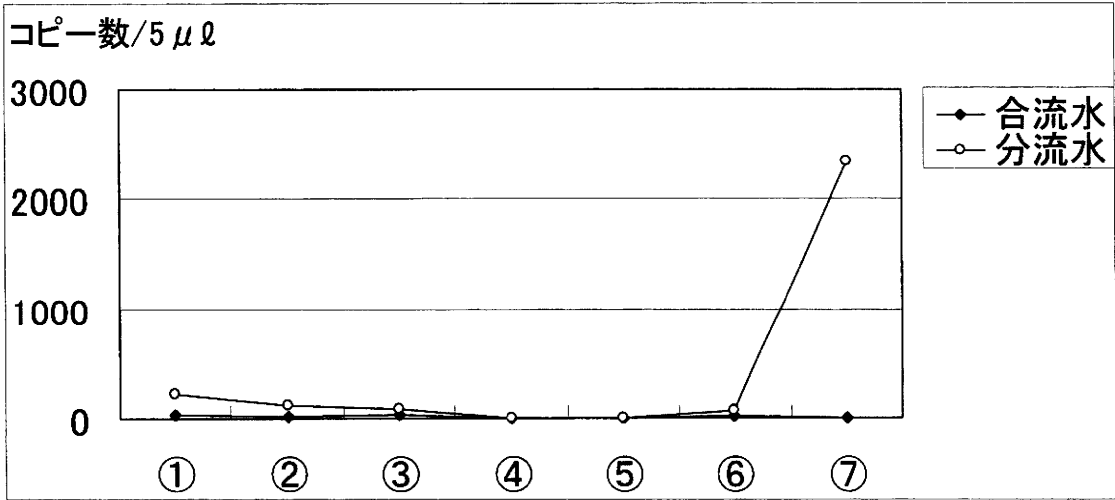


図1 合流水及び分流水の NVG1 遺伝子コピー数

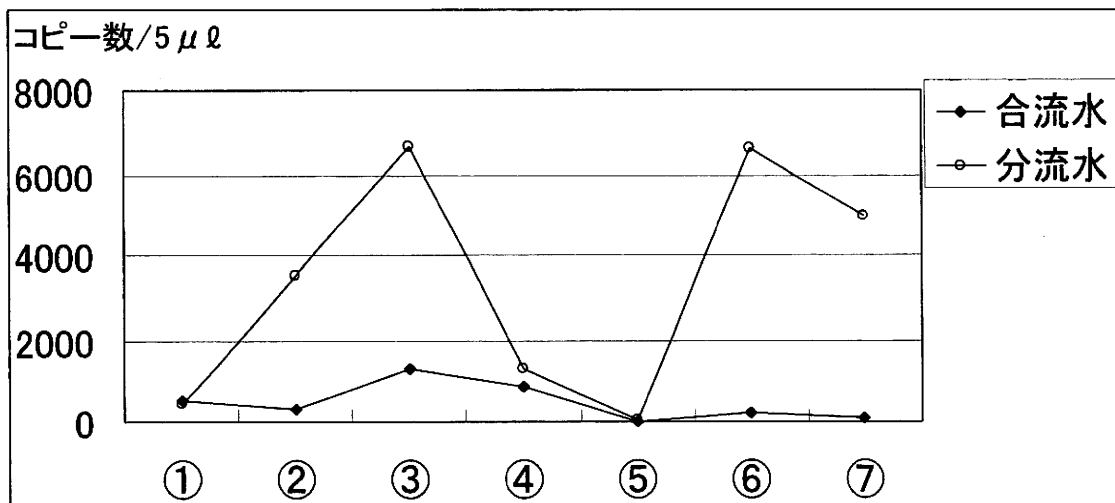


図2 合流水及び分流水の NVG2 遺伝子コピー数

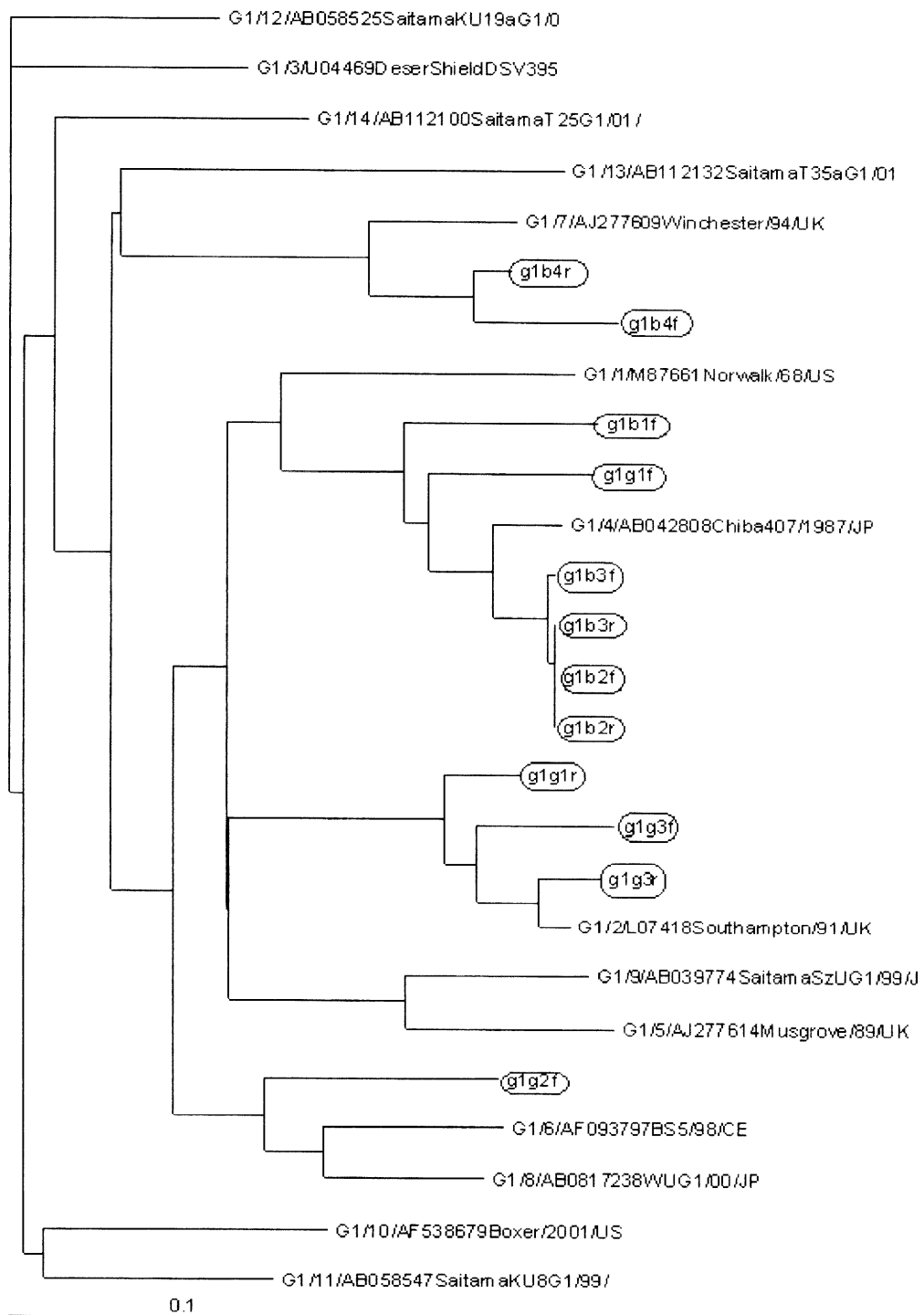


図3 合流水及び分流水から検出された NVG1 (capsid 領域) 系統樹  
( ○ : 検体番号)

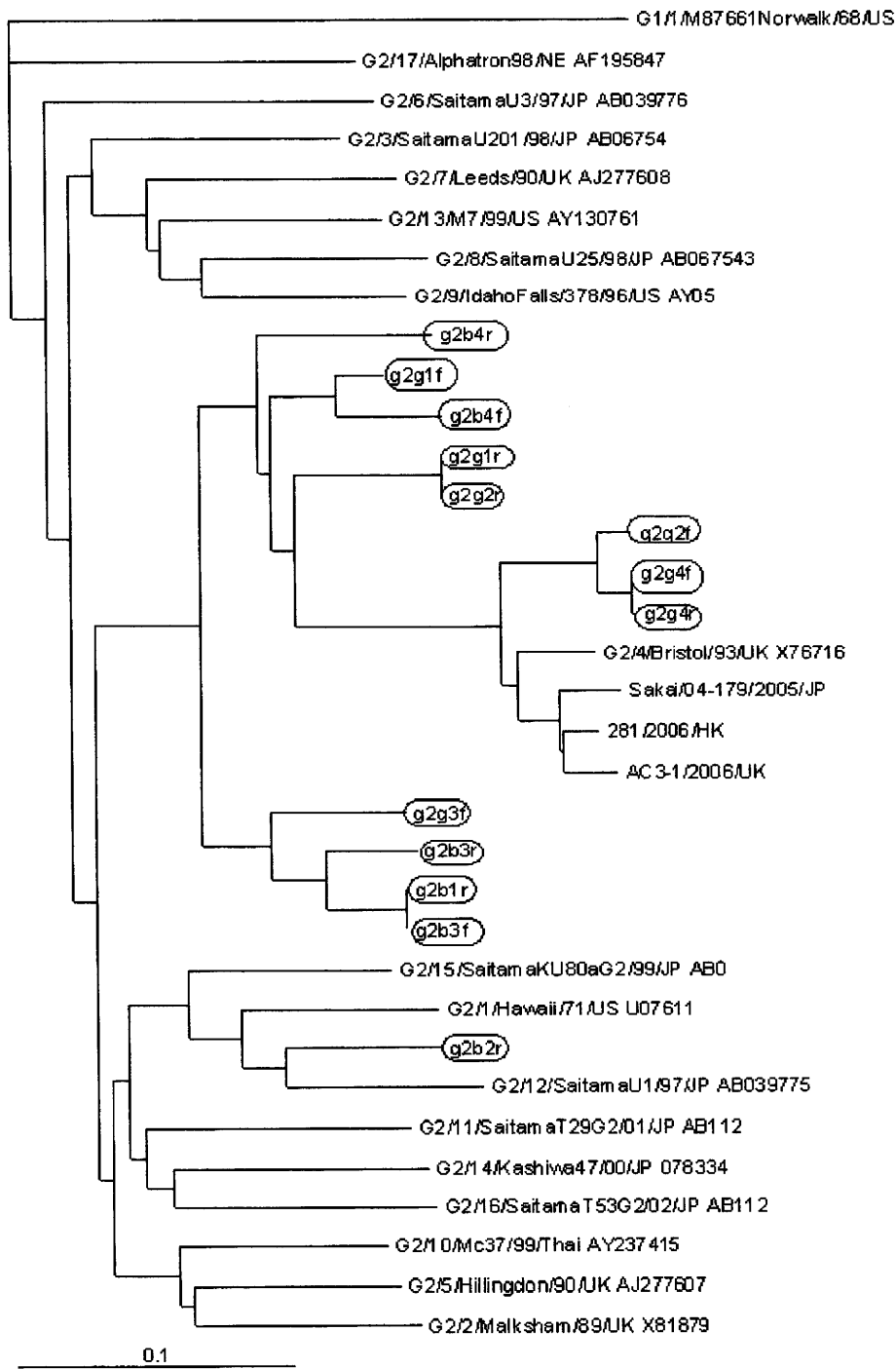


図4 合流水及び分流水から検出されたNVG2 (capsid領域) 系統樹 (○ : 検体番号)



## 富山県におけるノロウイルス・サポウイルス検出状況

研究協力者	小原 真弓	富山県衛生研究所
研究協力者	岩井 雅恵	富山県衛生研究所
研究協力者	小淵 正次	富山県衛生研究所
研究協力者	堀元 栄詞	富山県衛生研究所
研究協力者	滝澤 剛則	富山県衛生研究所
研究分担者	田中 智之	堺市衛生研究所

### 研究要旨

富山県におけるノロウイルス (NoV)、サポウイルス (SaV) の浸淫状況を調査するとともに、環境に存在するウイルスとヒトに胃腸炎を起こすウイルスの関係性を明らかにすることを目的に、感染性胃腸炎事例及び下水流入水からウイルス遺伝子を検出した。2010 年の NoV は例年と同様に NoV GII.4 が主体であったが、一時的に小流行していた型も存在した。NoV GII.4、SaV GI.1 はヒトからも下水流入水からも高頻度で検出された。NoV GI.4 は、下水流入水では高頻度に検出されるものの、ヒトからはあまり検出されなかった。以上のことから、病原性の違いにより、患者の病状を反映しているタイプと不顕性感染を反映しているタイプが存在すると考えられた。

### A. 研究目的

ノロウイルス (NoV) やサポウイルス (SaV) は、冬季の食中毒・胃腸炎の主な原因である。これらのウイルスには多様な遺伝子型が存在し、その年の流行型が胃腸炎の発生状況に影響を与えることがある。よって、ウイルスの流行型を把握することは、今後の流行予測に重要な情報となる。患者からウイルスを検出・解析することにより、ヒトの間で流行しているウイルスを把握することができる一方、下水流入水を調査することにより、

環境に存在するウイルスを把握することができると考えられる。

そこで、感染性胃腸炎事例及び下水流入水から NoV、SaV を検出し、これらのウイルスを比較することにより、環境に存在するウイルスとヒトに胃腸炎を起こすウイルスとの関連を明らかにすることを目的とした。

### B. 研究方法

#### 1. 材料

ヒトからの検体として、富山県におい

て2010年1月から12月に発生した食中毒、感染性胃腸炎（集団発生例及び小児散発例）から得られた糞便を用いた。検体採取は管轄の厚生センター、保健所が行った。環境からの検体として県西部に位置する下水処理場において、2010年1月から12月の毎月1回下水流入水1リットルを採取し、NoV及びSaVの検出を行った。

## 2. 下水流入水の濃縮

下水流入水を3,000rpmで30分遠心して得られた上清に、最終濃度0.05Mになるように塩化マグネシウムを添加し、0.5規定の塩酸を用いてpH3.5に調整した。この液を陰電荷膜にろ過吸着させた後、陰電荷膜を3% beef extract液10mlに浸漬し、超音波処理により吸着分子を溶出した。溶出液を再度遠心後、回収される上清を100倍濃縮下水検体とした。また、PEG沈殿法により250倍濃縮下水検体も調整した。

## 3. RNA抽出及びPCR

糞便検体の10%乳剤、濃縮下水検体から、厚生労働省通知（食安監発115001号）に基づきRNAを抽出し、DNase処理、逆転写反応及びPCRを行った。NoVのPCRには、ポリメラーゼ領域3'末端からカプシド領域を対象としたG1-SKF/G1-SKR、G2-SKF/G2-SKRを用いた。SaVの検出には、カプシド領域を対象としたプライマーSV-F11/SV-R1及びSV-F2/SV-R2によるnested PCR（Okada et al., Arch. Virol., 147: 1445-1451, 2002）を用いた。PCR産物から、ダイレクトシーケンスにより塩基配列を決定した。

（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. 集団発生事例

ウイルス性感染性胃腸炎及び食中毒等の集団発生は24事例あり、全てからNoVが検出された。事例数としては平年並みであった。そのうち、食品媒介と推定された事例は5事例あり、うち2事例は生岩ガキを喫食していた。有症苦情は5事例であった。

### 2. 小児散発例

小児散発例からは、56例中21例よりNoVが、5例よりSaV遺伝子が検出された。

### 3. 患者及び下水流入水からのNoV、SaV検出状況

患者からはNoV GII.4、GII.2、GII.3、SaV GI/1の検出頻度が高かった（表1、2）。下水流入水からは、NoV GI.4、GII.4、SaV GI/1の検出頻度が高かった（表3）。

### 4. 患者及び下水流入水から検出されたNoV遺伝子の比較

得られたNoV遺伝子の塩基配列を用いた系統樹を図1～3に示す。

NoV GI.4遺伝子は下水から多数検出され、患者由来株とも近縁であった。（図1）。その他のNoV GIには下水と患者で共通の遺伝子型は検出されなかった。患者由来のGII.2と下水由来のGII.2のうち1株は近縁であった（図2）。GII/4の2006b亜型（Nijmegen115/2006/NLと近縁）は下水からも患者からも多数検出され、お互いに近縁であった（図3）。4月まではGII/4の2009a亜型（New

Orleans1805/2009/USA と近縁)が多く、2008a 亜型 (Apeldoorn317/2007/NL と近縁)は12月にみられ、両者は患者からのみ検出された。その他の NoV GII には下水と患者で共通の遺伝子型はなかった。

#### D. 考察

患者からは、NoV GII.4 の検出が最も多かった。系統樹解析により、GII.4 の亜型について検討したところ、2006/2007 シーズンの NoV 大流行の主流となった 2006b 亜型は、2010 年においても GII.4 の大部分を占めていたことが判明した。下水流入水についても、2006b 亜型が GII.4 の大部分を占めていた。一方、2008a 亜型は 2007 年 12 月にオランダで検出され、日本国内でも 2008/2009 シーズンから検出されていた (Motomura et al., J Virol 84: 2010) が、富山県においては遅れて 2010 年 12 月から検出され始めた。2009a 亜型は 2010 年 3~4 月に検出されたが、それ以降は確認されなかった。下水からは 2008a、2009a とともに検出されなかった。以上のことから、2010 年の NoV GII.4 の流行は 2006b 亜型が主流であったが、季節により 2008a、2009a による胃腸炎も発生していたと考えられた。さらに、2008a、2009a による一時的な流行は、下水では検出されない程度、あるいは他の NoV GII に紛れる程度の小規模なものと考えられた。

下水からは、NoV GII.4、SaV GI/1 遺伝子の他に、NoV GI.4 遺伝子の検出が多かった。これは、これまでの調査 (Iwai et al., Appl Environ Microbiol 75: 2009) と同様の結果であった。ヒトのノロウイ

ルスは、ヒトの体内でしか増殖しないことから、NoV GI.4 はヒト集団の中で長い間流行していると思われる。下水からの検出頻度に対して患者からの検出が少ないのは、病原性が低く、不顕性感染が多いためと推測される。しかしながら、このような型が変異を起こし病原性が強まると、多数の患者を出す可能性もあることから、今後も動向を監視する必要がある。

NoV GII.2 遺伝子は、1~6 月に患者から検出され、下水からも 4 月、6 月に検出されたことから、一時的な流行があったと考えられる。GII.3 は、今回、下水からは検出されなかったものの、患者からは 2 月と 12 月に 2 例ずつ検出され、この時期に流行があったと考えられた。なお、2009 年 10~12 月には下水からも検出されている。SaV 遺伝子は、患者と下水で共通の型が検出され、型別の流行時期もほぼ一致していた。しばしば小児の胃腸炎の原因になっているが、集団発生からは検出されていないことから、NoV ほど大規模な感染症になる頻度は低いと考えられた。

患者と下水両方から検出された遺伝子型、どちらか一方からしか検出されなかった型が存在した。下水からのみ検出された型 (NoV GI.1、GI.14、GII.13) は病原性が低い、あるいは感染力が低いために患者発生が少なかったと推測された。一方、患者からのみ検出された型 (NoV GI.7、GI.8、GII.7、GII.3、GII.12) は、下水では他の主要な株に紛れて検出されなかったと推測される。しかしながら、患者と下水両方から検出された遺伝子型は、互いに近縁であることが多く、下水

流入水がヒトの間で流行している型の指標となりうることが示された。

富山県においては、二枚貝の喫食によると推定される NoV 食中毒事例は 2006 年以降報告がなかったが、2010 年は 2 事例報告があった。これらの原因と推定されるカキはいずれも国内産であり、2006～2009 年に比べ、カキ産地の海域の NoV 汚染度が高かった可能性が示唆された。

以上のことから、2010 年の NoV は例年と同様に NoV GII.4 が主体であったが、一時的に小流行していた他の型も存在したと考えられた。SaV は、NoV に比べ流行頻度は低いが、主に GI/1 であった。下水流入水から検出されたウイルスには、患者の原因を反映しているタイプと、不顕性感染を反映しているタイプがあることが示唆された。この違いはそれぞれのウイルスの病原性の違いによるものと推定される。

#### E. 結論

2010 年の NoV は例年と同様に NoV GII.4 が主体であったが、一時的に小流行していた型も存在した。NoV GII.4、SaV GI/1 はヒトからも下水流入水からも高頻度で検出された。NoV GI.4 は、下水流入水では高頻度に検出されるものの、ヒトからはあまり検出されなかった。

以上のことから、病原性の違いにより、顕性感染となるタイプと不顕性感染となるタイプが存在すると考えられた。

#### F. 研究発表

##### 1. 論文発表

- 1) 宗玄俊一, 小原真弓, 長谷川澄代, 岩井雅恵, 滝澤剛則: 当院における小児ウイルス性下痢症の臨床的およびウイルス学的検討 (2002～2008 年). 小児感染免疫. 22: 23-28, 2010.
- 2) Nakamura K, Saga Y, Iwai M, Obara M, Horimoto E, Hasegawa S, Kurata T, Okumura H, Nagoshi M, Takizawa T. Frequent detection of noroviruses and sapoviruses in swine and high genetic diversity of porcine sapovirus in Japan during Fiscal Year 2008. J. Clin. Microbiol. 48:1215-22. 2010.

##### 2. 学会発表

なし

#### 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. 集団発生事例からのノロウイルス及びサポウイルス検出状況

ウイルス		1月	2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月
ノロ	GI/7				1								
	GI/8				1								
	GII/2	1		1		1							
	GII/3												2
	GII/4			1	6							2	7
	GII/2+GI/4+GI/8					1							

(数値：事例数)

○はカキ関連事例

表 2. 小児散発例からのノロウイルス及びサポウイルス検出状況

ウイルス		1月	2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月
ノロ	GII/2			2		1	1						
	GII/3		2										
	GII/4	3	5		1	2							2
	GII/7											1	
	GII/12		1										
サポ	GI/1			1			2						1
	GII/1	1											

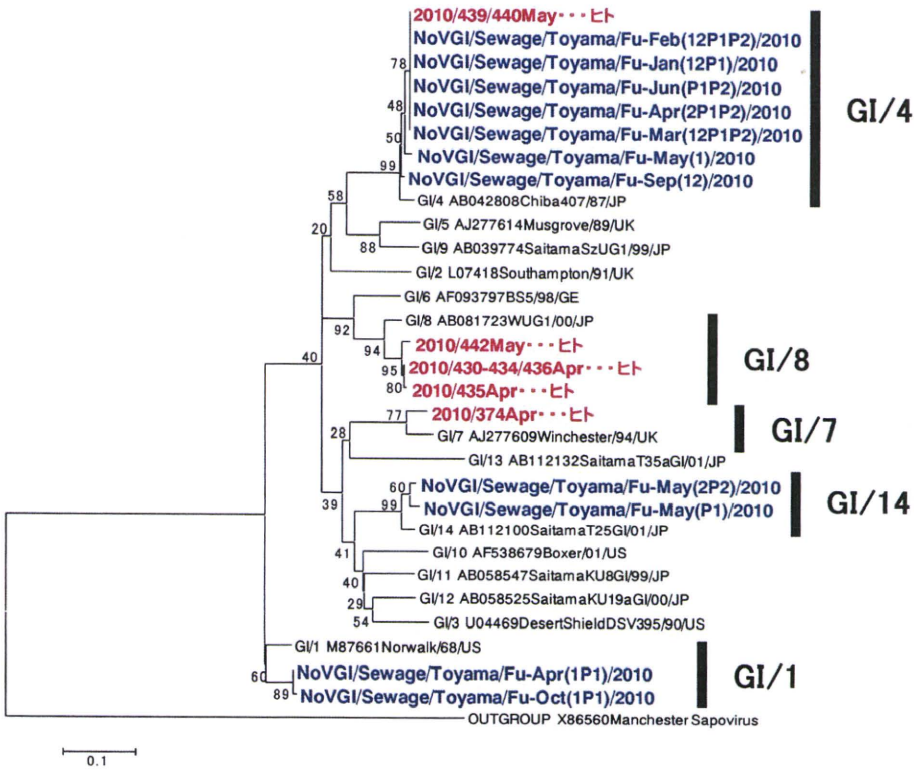
(数値：検体数)

表 3. 下水流入水におけるノロウイルス及びサポウイルス検出状況

ウイルス		2010年											
		1月	2月	3月	4月	5月	6月	7月	8月	9月	10月	11月	12月
ノロ	GI/1												
	GI/4												
	GI/14												
	GII/2												
	GII/4												
	GII/13												
サポ	GI/1												
	GII/1												

ウイルスが検出された月を灰色で示した。

図1. ノロウイルス GI の系統樹



太字は今回得られたウイルスを示す。

ヒト以外の太字は下水流入水から検出されたウイルスを示す。

図2. ノロウイルス GII の系統樹 (GII/4 除く)

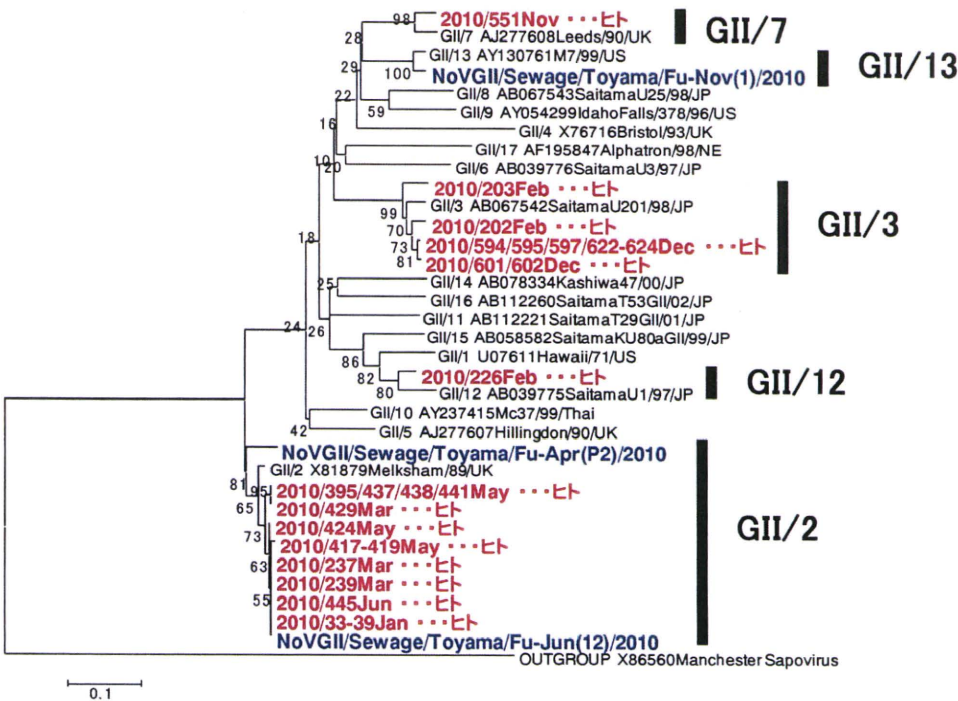


図 3. ノロウイルス GII/4 の系統樹



平成 22 年度厚生労働科学研究費補助金(食品の安心・安全確保推進研究事業)

「食品中の病原ウイルスのリスク管理に関する研究」

研究協力報告書

## 環境および臨床検体からみたノロウイルス等の 下痢症ウイルス流行の解析

研究協力者	内野 清子	堺市衛生研究所
研究分担者	田中 智之	堺市衛生研究所

### 研究要旨

2008 年 1 月から 2010 年 12 月にかけて、堺市における散発・集団発生の感染性胃腸炎患者由来臨床検体および下水由来環境検体からノロウイルス(NV) 遺伝子検出を行い、市内における NV 感染状況の把握を試みた。加えて、2010 年 4 月から 12 月にかけて、患者発生の頻度は低い、食中毒の起因ウイルスとなり得る他の下痢症ウイルス遺伝子検出を実施した。NV 集団・散発発生絡む検出した NV 遺伝子型では GII. 4 が最も多く検出され、その関与割合は約 50% であった。臨床検体では GI. 4, 8, GII. 2, 3, 4, 13 の計 6 種類の遺伝子型が検出された。下水中の NV 遺伝子は臨床検体の検出状況にほぼ呼応して遺伝子量が増減し、遺伝子型では GII. 4 が優位に検出された。環境検体からは GI. 1, 4, 8, 10, 13, 14, GII. 3, 4, 6, 11, 13, 16 の計 12 種類の遺伝子型が検出された。これらの結果から、当市全体では少なくとも、GI が 6 種類、GII が 7 種類、計 13 遺伝子型をもつ NV の浸入・暴露が推測された。また、他の下痢症ウイルスとしてサポウイルス(SaV)、アストロウイルス(AsV)、アイチウイルス(AiV)の検出を実施し、これらの 3 種類のウイルス遺伝子が検出された。臨床検体からの検出頻度は低かったが、環境検体では長期に亘って検出された。

本調査から、感染性胃腸炎として表面化しないウイルス浸淫状況があることが示唆され、感染性胃腸炎の全体像把握には臨床と環境の両面からの調査が有用であることが推測された。

### A. 研究目的

散発・集団発生からの臨床検体および下水の環境検体から NV 遺伝子検出を行い、堺市内の NV 流行について考察する。加えて、他の下痢症ウイルスの検出を実施し、感染の全体像を把握する一助とする。

### B. 研究方法

#### 1. 材料

##### 1) 臨床検体

2008 年 1 月から 2010 年 12 月にかけて、堺市内で発生した集団発生 42 事例から得



られた NV43 株、散発発生事例、小児臨床検体から得られた 53 株、合計 96 株を用いた。また、2010 年 4 月から 12 月にかけて、感染性胃腸炎小児臨床検体において細胞培養陽性となった検体を除く便 20 検体を SaV、AsV、AiV 遺伝子検出対象検体として用いた。

## 2) 環境検体

2008 年 1 月から 2010 年 12 月にかけて、堺市内の下水処理場 3 定点から、毎月 1 回、2000ml 採取した(図 1.)。2009 年 5、7、8 月は新型インフルエンザ検査対応のため採水は実施しなかった。これら下水処理場の流入水 99、放流水 99、計 198 検体を用いた。

## 2. 方法

臨床検体由来の NV 陽性株は、NV 遺伝子 Capsid 領域の 5' 側約 280bp の塩基配列を決定し、系統樹解析により遺伝子型を判定した。環境検体として採取した 2,000ml の下水は粗遠心後、上清 1,000ml を分取し、HCl で pH3.5 に調整後、HA フィルター(450 $\mu$ m)でウイルスを吸着濾過した。フィルターを細断後、2.0ml の pH10.5 グリシン buffer で溶出を行い、HCl で pH6.5 に再調整しサンプルとした。サンプルから Qiaamp viral mini RNA キットにて RNA 抽出を行い、ABI PRISM 7900 で、GI および GII のリアルタイム PCR を測定し、採取水 1ml 当たりのコピー数を算出した。NV 遺伝子型別検査は NV Capsid 領域を増幅し、TA クローニングベクターに挿入し、判定した。臨床および環境検体から得られた NV 遺伝子塩基配列を近隣結合法により系統樹を作成した。また、2010 年 4 月から 12 月に得られた臨床由来便および

環境由来下水サンプルから、SaV、AsV、AiV 遺伝子を検出した。(感染症研究所下痢症ウイルス検出マニュアルに準じる。)

## (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 1 月から 2010 年 12 月にかけて、集団・散発発生は秋から冬に多く発生した。NV 遺伝子型別検出状況では、集団・散発発生ともに GII.4 が最も多く検出されたがその関与割合は約 50%であった。調査期間中、GI.4, 8、GII.2, 3, 4, 13 の計 6 種類の遺伝子型が検出された(図 2.3)。

環境検体では、GI および GII ともに、臨床検体の検出状況にほぼ呼応して NV 遺伝子コピー数が増減し、GI よりも GII の方が高い傾向にあった(図 4.5)。遺伝子型別検出状況では GII.4 が優位に検出された。調査期間中、GI.1, 4, 8, 10, 13, 14、GII.3, 4, 6, 11, 13, 16 の計 12 種類の遺伝子型が検出された(表 1.)。

環境検体の遺伝子学的解析では、集団発生から検出された NV 遺伝子と相同性の高い遺伝子が検出された(図 6.)。

2010 年 4 月から 12 月にかけて、臨床検体から SaV 遺伝子は 4、6、12 月に計 3 例検出され、AsV 遺伝子は 8 月に 2 例の検出がみられた。AiV 遺伝子は検出されなかった。環境検体では SaV、AsV、AiV のウイルス遺伝子は、4 月から 11 月を通して検出された(図 7.)。

## D. 考察

過去3年間の堺市内におけるNVの浸淫状況を環境と臨床の両面から遺伝子学的に解析した。NV GII.4は優位に検出されたが関与割合は約50%であった。環境検体から検出された12種類のNV遺伝子型を勘案すると、当市全体の遺伝子型別検出状況では、少なくとも、GIが6、GIIが7、計13種類のNV遺伝子型が検出された。多様な遺伝子型のNVが市内でのNV感染症に関与していたことが推測された。さらに、患者発生は少なかったが食中毒の起因ウイルスとなり得る他の下痢症ウイルス遺伝子も環境から高頻度に検出された。臨床と環境の両面から急性胃腸炎起因ウイルスの調査の必要性が示唆された。

#### E. 結論

今回の調査から、感染症サーベイランスに反映されないNVおよび下痢症ウイルス感染の存在が示唆された。感染の全体像を把握するため、環境と臨床の両面から下痢症ウイルス遺伝子を解析することは有用であり、感染予防の基礎資料として今後も調査継続が必要である。

#### F. 研究発表

##### 1. 論文発表

なし

##### 2. 学会発表

なし

#### 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

図1. 堺市内 下水採水定点

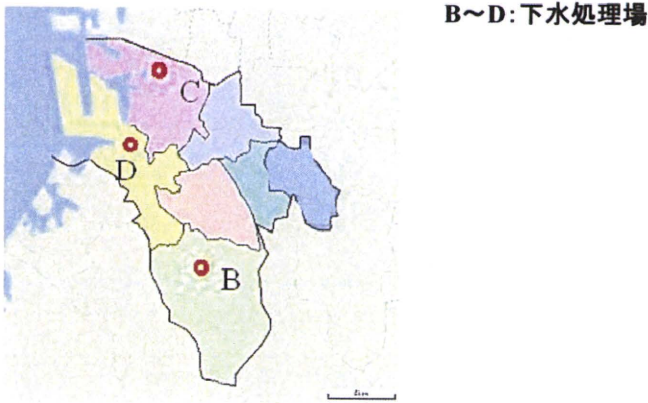


図2. NV散発発生状況(2008年1月~2010年12月)

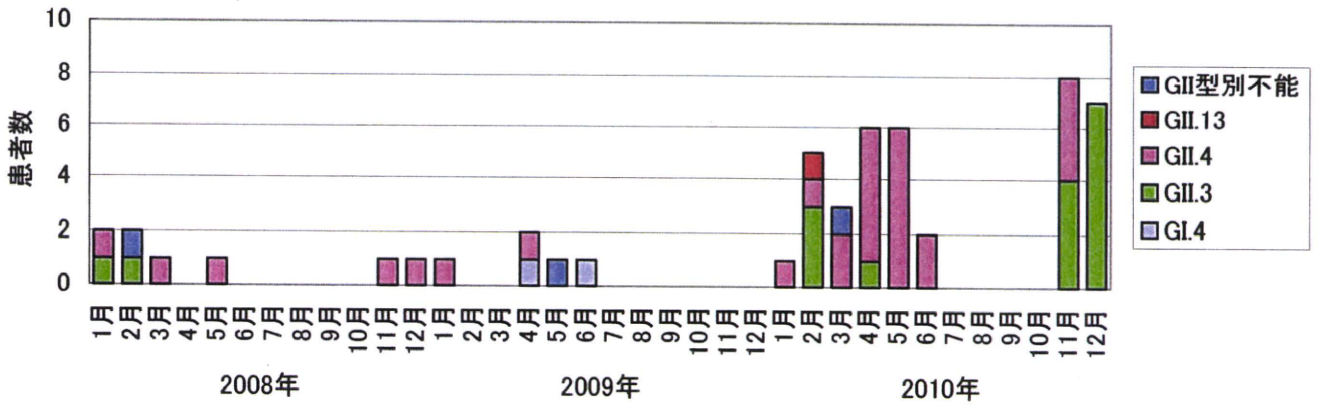


図3. NV集団発生状況(2008年1月~2010年12月)

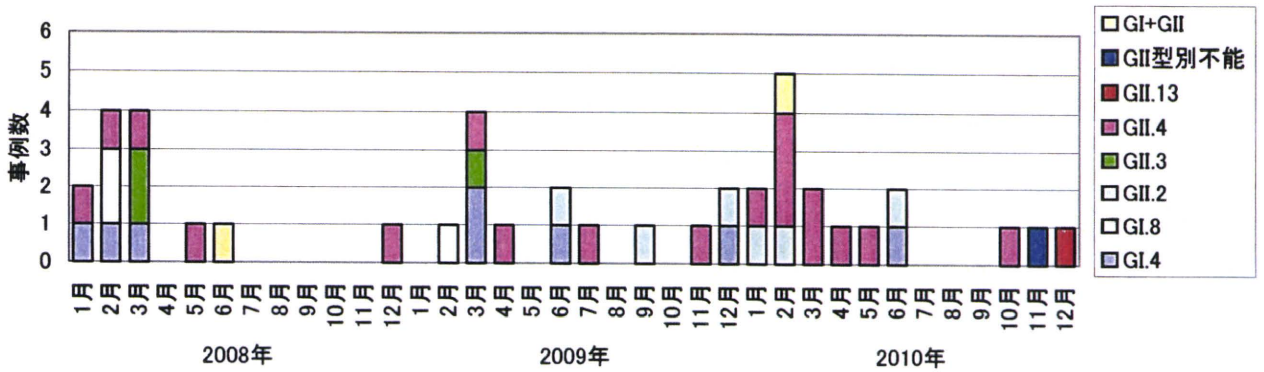


図4. NV GI リアルタイムPCR測定結果

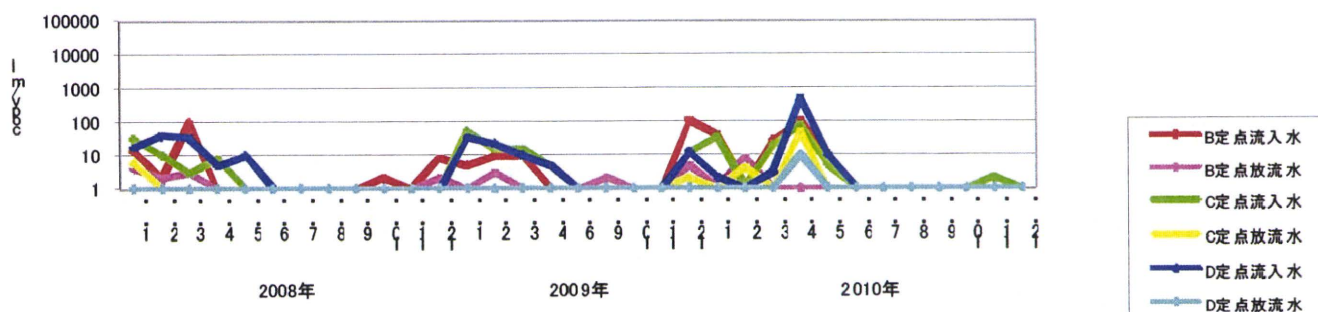


図5. NV GII リアルタイムPCR測定結果

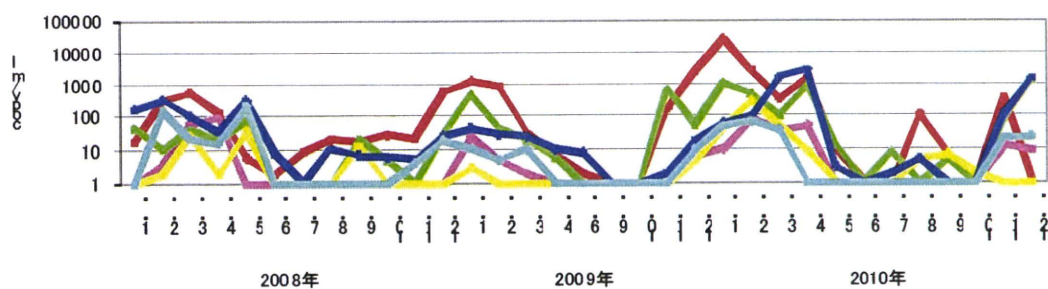


表1. 下水から検出されたNV遺伝子型

	B下水処理場	C下水処理場	D下水処理場
2008年 1月	GI.4 GII.3 GII.4 GII.6	GI.4 GII.6	GI.4 GII.6
2月	GI.1 GI.4 GII.4 GII.16	GI.1 GI.4 GII.3 GII.4 GII.13 GII.16	GI.4 GII.4 GII.11 GII.16
3月	GI.4 GI.10	GI.4 GII.4	GI.1 GI.4 GI.14 GII.4 GII.16
4月	GII.2 GII.4 GII.13	GII.3	GII.2 GII.4 GII.13
5月		GII.2 GII.3 GII.4 GII.6	GI.4 GII.2 GII.4 GII.16
12月	GII.4		GI.8 GII.4
2009年 1月	GII.4	GII.4	GII.4
3月			
12月	GII.2 GII.4	GII.4	
2010年 1月	GII.2 GII.4	GI.4 GII.4	
2月	GII.4	GII.4	GII.4
3月		GII.4	GII.4
4月		GII.4	
11月	GI.3		
12月	GI.1 GII.3 GII.6	GI.1 GI.4 GII.4 GII.6	GI.13 GII.4 GII.6