

ターでろ過した後フィルターを細切り、3%Beef extract に誘出させたものを濃縮検体とした。

- 2) カキは、中腸腺を切り出し、破碎後、 $\alpha$ -アミラーゼ処理し、12,000rpm、20 分間冷却遠心した後、上清を 30% ショ糖液に重層し、36,000rpm、150 分間超遠心を行った。その後、得られた沈渣に 400 $\mu$ l の 0.5% Zwittergent® 加 PBS(-)を加え再浮遊し、ウイルス濃縮検体とした。

### 3. ウイルス検出方法

QIAamp viral mini kit (QIAGEN) を用いて核酸抽出を行った。DNase I 処理後、High Capacity cDNA Reverse Transcription kit を用いて cDNA を合成し、以下のプライマーセットで nested PCR およびリアルタイム PCR を行った。

- ・ nested PCR 反応

1 st COG1F/G1SKR, COG2F/G2SKR

nest G1SKF/G1SKR, G2SKF/G2SKR

- ・ リアルタイム PCR 反応

COG1F/GOG1R, COG2F, ALTP/COG2R

nested PCR 反応で得られた増幅産物は、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. 下水からのノロウイルス検出

下水からのノロウイルス検出結果を表 1 に示した。下水 1 ml あたりのノロウイルス遺伝子のコピー数は、流入水で

GI が  $10^1 \sim 10^3$  (平均  $8.8 \times 10^1$ )、GII が  $10^1 \sim 10^4$  (平均  $4.1 \times 10^3$ )、放流水では GI が  $10^1$  (平均  $6.0 \times 10^1$ )、GII が  $10^1 \sim 10^2$  (平均  $1.9 \times 10^2$ ) オーダーで検出され、流入水および放流水ともに 12 月に最も高い定量値を示した。下水処理における除去率は、GI で 32%、GII で 95% であった。

ダイレクトシーケンスの結果、塩基配列が決定した 13 株 (GI が 6 株、GII が 7 株) の遺伝子型は、GI では GI/3 が 2 株、GI/1, GI/2, GI/4, GI/6 が各 1 株、GII では GII/4 2012 変異株が 5 株、GII/2, GII/14 が各 1 株であった。

### 2. 養殖カキからのノロウイルス検出

養殖カキからのノロウイルス検出結果を表 2 に示した。養殖カキ 144 件中 11 件からノロウイルス GII が検出された。11 件はいずれも 1 月に採取したもので、養殖地点別では、A 地点 5 件、B 地点 4 件、C 地点 2 件より検出された。水深別では、水深 2m で 3 地点すべての地点のカキから、水深 10m で A および B の 2 地点のカキからノロウイルスがそれぞれ検出された。カキ 1g あたりのノロウイルス遺伝子のコピー数は、 $10^2$  オーダーであった。

ダイレクトシーケンスの結果、塩基配列が決定した 5 株の GII の遺伝子型は、GII/4 2012 変異株が 4 株、GII/6 が 1 株であった。検出された GII/4 2012 変異株の塩基配列は、下水から検出されたそれと一致した。

## D. 考察

下水処理施設流入水および放流水か

らノロウイルス GI および GII が検出され、放流水のノロウイルス遺伝子のコピー数は、流入水の  $10 \sim 10^2$  オーダー低い値であった。流入水中のノロウイルスは下水処理によりある程度除去されるものの、放流水からも検出された。

養殖カキから検出された GII/4 2012 変異株の塩基配列が、下水から検出されたそれと一致したことから、当該下水処理場の放流水が、今回調査した養殖カキのノロウイルス汚染の原因である可能性が示唆された。

養殖カキからの検出状況では、検出率が低いいため、養殖海域や垂下する水深による違いは確認されなかった。今後も調査を継続し、カキへのノロウイルスの蓄積状況を明らかにしていく必要があると考える。

## E. 結論

県内 A 湾に隣接する下水処理施設の流入水・放流水中に含まれるノロウイルス遺伝子の定量と遺伝子型別を行い、下水処理による除去効率を検証した。今後は、カキへのノロウイルスの蓄積状況をより詳細に調査する必要があると考える。

## 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

表1 下水からのノロウイルス検出状況

(数値:コピー数/ml, カッコ内:遺伝子型)

採水年月日	流入水		放流水	
	GI	GII	GI	GII
2013.10.15	—	—	—	—
2013.10.28	—	—	—	—
2013.11.12	—	—	—	—
2013.11.25	—	$1.0 \times 10^1$	—	$1.0 \times 10^1$
2013.12.03	$2.7 \times 10^1$ (GI.1)	$1.0 \times 10^4$ (GII.4_2012)	$5.5 \times 10^1$ (GI.6)	$2.2 \times 10^2$ (GII.4_2012)
2013.12.16	$2.8 \times 10^3$ (GI.3)	$9.8 \times 10^3$ (GII.14)	$6.5 \times 10^1$ (GI.3)	$1.6 \times 10^2$ (GII.4_2012)
2014.01.06	$3.8 \times 10^1$ (GI.2)	$2.1 \times 10^3$ (GII.4_2012)	—	$2.7 \times 10^1$ (GII.4_2012)
2014.01.21	$2.1 \times 10^1$ (GI.4)	$1.3 \times 10^3$ (GII.2)	—	—
平均	$8.8 \times 10^1$	$4.1 \times 10^3$	$6.0 \times 10^1$	$1.9 \times 10^2$
除去率	32%	95%		

表2 カキからのノロウイルス検出状況

(陽性数/検体数)

採水年月日	GI						GII					
	A地点 (2m)	A地点 (10m)	B地点 (2m)	B地点 (10m)	C地点 (2m)	C地点 (10m)	A地点 (2m)	A地点 (10m)	B地点 (2m)	B地点 (10m)	C地点 (2m)	C地点 (10m)
2013.10.15	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3
2013.10.28	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3
2013.11.12	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3
2013.11.25	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3
2013.12.03	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3
2013.12.16	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3
2014.01.06	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	1/3	0/3	2/3	0/3	2/3	0/3
2014.01.21	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	0/3	3**/3	1/3	1**/3	1**/3	0/3	0/3

\*1: GI/4\_2012変異株

\*2: GI/6

2013~2014 シーズンに  
宮城県で検出されたノロウイルスの遺伝子型

研究協力者	植木 洋	宮城県保健環境センター
	木村 俊介	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

2013~2014 シーズンを中心に宮城県内（仙台市を除く）において、ヒト・カキ・下水の3種類の検体から検出されたノロウイルス（NoV）遺伝子について、流行株の遺伝子型を把握するために分子疫学的解析を行った。その結果、GIではカキ検体でGI.4(28%)、下水検体でGI.6(19%)が目立った。GIIではヒト、カキ、下水でGII.4がそれぞれ47%、12%、14%であった。この結果からGII.4 Sydney近縁株を中心とした流行が示唆された。

A. 研究目的

感染性胃腸炎患者、食中毒患者、環境水及び下水処理施設の放流口の近くに垂下したカキから検出された NoV 遺伝子を分子疫学的に解析することによって、変異株の出現や Diffuse outbreak の早期発見に努める。

B. 研究方法

1. 材料

平成 25 年度に発生した食中毒事例（有症事例含む）と感染性胃腸炎の集団発生事例及び県内の医療機関で感染性胃腸炎と診断された患者から採取した糞便(32 検体)をヒト検体とした。またカキ検体は 2013 年 10 月に県内の下水処理施設の処理水放流口近

くに垂下し、人為的に汚染したカキを 11 月と 12 月に採取して検体とした。下水検体は県内 2 つの下水処理施設から各々8, 9, 11, 12 月に採水した流入水及び処理水とした。

2. 方法

ヒト検体については 10%乳剤作成後ウイルス RNA の抽出を行った(食安監発第 0514004 号)。カキ検体は中腸腺を取り出し細胞破碎法(Ueki et al., 2005)でウイルスを抽出後、下水検体はポリエチレングリコール法(Lewis et al., 1988)でウイルスを濃縮後それぞれウイルス RNA の抽出を行った。NoV 遺伝子の検出は感染性胃腸炎の集団発生事例についてはノ

ロウイルス GI 検出試薬キット 及び  
ノロウイルス GII 検出試薬キット  
(いずれも栄研化学)を用いた LAMP 法  
で行い、それ以外の検体については定  
量 PCR 法で行った(Kageyama et al.,  
2003)。NoV 遺伝子が検出された検体  
は、カプシド領域のプライマーを用い  
て RT-PCR を行った(篠原他, 2000)。  
なお、一部の検体については  
nested-PCR も実施した。塩基配列の  
決定にはダイレクトシーケンス法  
を用いたが、一部の検体についてはク  
ローニングを行い決定した。分子疫学  
的解析は MEGA5 でアライメントし NJ  
法で系統解析を行った。

#### (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

#### 1. ノロウイルス遺伝子検出結果

GI 群の系統解析の結果を図 1 に示  
す。245nt について塩基配列を決定し  
解析した結果、ヒト検体からは GI. 2,  
GI. 4, GI. 12 が各々 1 株、カキ検体か  
らは GI. 2 が 1 株、GI. 4 が 3 株、下水  
検体からは GI. 6 が 2 株、GI. 11 が 1  
株、GI. 14 が 1 株、合計 11 株検出さ  
れた。

GII 群の系統解析の結果を図 2 に示  
す。GII 群は 271nt について塩基配列  
を決定し解析した結果、ヒト検体から  
は GII. 4 が 20 株、GII. 2, GII. 6 が各々  
3 株、GII. 3, GII. 11, GII. 13 が各々 1  
株、カキ検体からは GII. 4 が 5 株、

GII. 3 が 2 株、下水検体からは GII. 4  
が 6 株、GII. 6 が 1 株、合計 43 株検  
出された。

#### 2. GII. 4 遺伝子解析結果

遺伝子型が GII. 4 であった検体に  
ついて、詳細な系統解析を実施した結  
果を図 3 に示した。

31 株全て Sydney 近縁株であること  
が明らかになった。

### D. 考察

ヒト、カキ、下水の 3 種類の検体から  
検出された NoV 遺伝子 54 株のうち、43  
株が GII 群で、そのうち 31 株が GII. 4 に  
属していた。この 31 株は国内で 2012 年  
より流行している Sydney 近縁株で 3 種類  
の検体から高頻度に検出されていた。

昨シーズンはヒト検体において、GII. 4  
型は Sydney 型が 9 株、2006a 型が 3 株、  
2006b 型が 3 株検出されており、今シーズ  
ンの傾向とは異なっていた。

以上の結果より、県内においては、  
2013~2014 シーズンは Sydney 株を中心と  
した流行であったことが明らかになった。

さらに、GI 群において検出されている  
遺伝子型がヒト・カキ検体と下水検体と  
の間で傾向が異なることや、GII 群におい  
てヒト検体で比較的高頻度に検出されて  
いる GII. 2, GII. 6 がカキと下水検体から  
はほとんど検出されていないことなどの  
特徴が認められたが、これらの原因は不  
明である。

### E. 結論

2013~2014 シーズンに県内でヒト・カ  
キ・下水検体から検出された NoV 遺伝子

を分子疫学的に解析した結果、Sydney 近縁株を中心とした流行があったことが明らかになった。一方、昨年度検出された GII.4\_2006a 及び GII.4\_2006b 近縁株は、今シーズン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

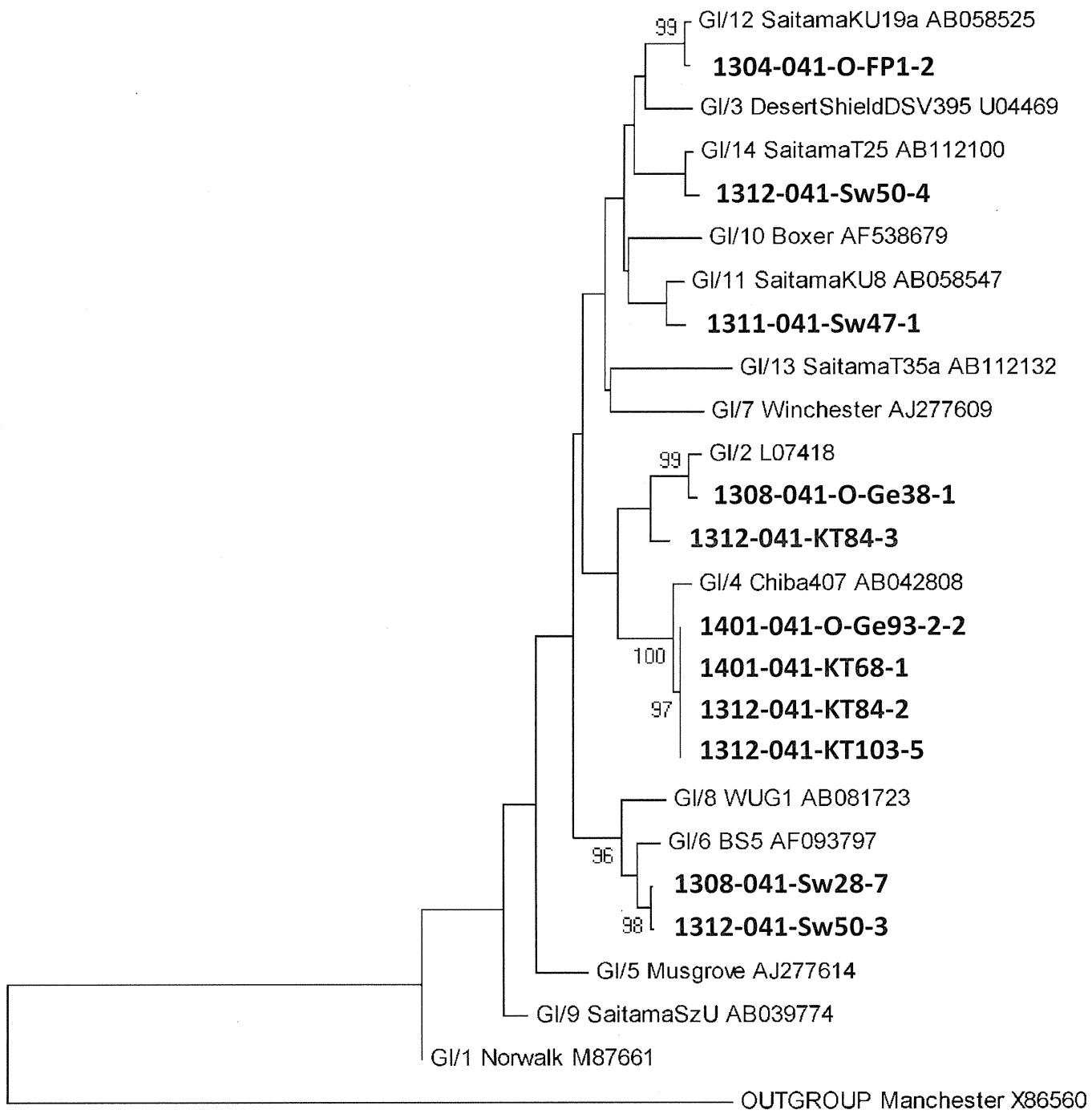
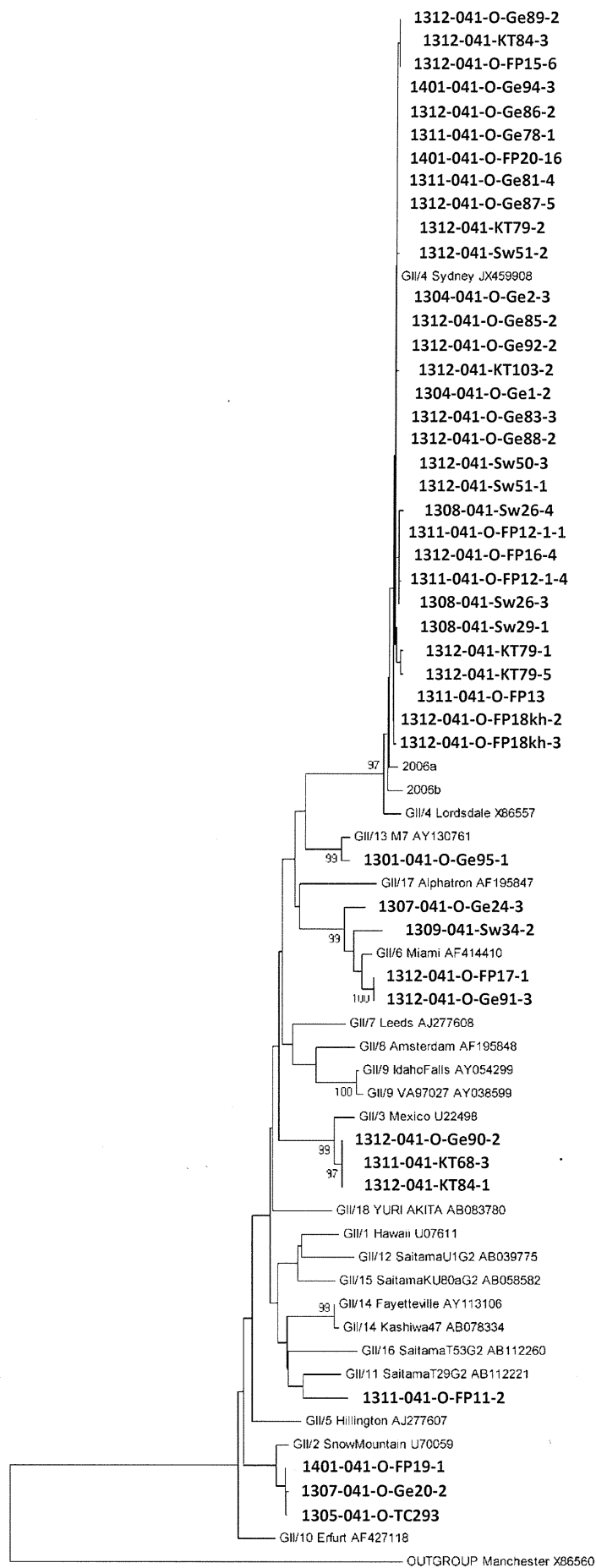


図1 ノロウイルスGIの系統樹解析



0.1

図2 ノロウイルスGIIの系統樹解析



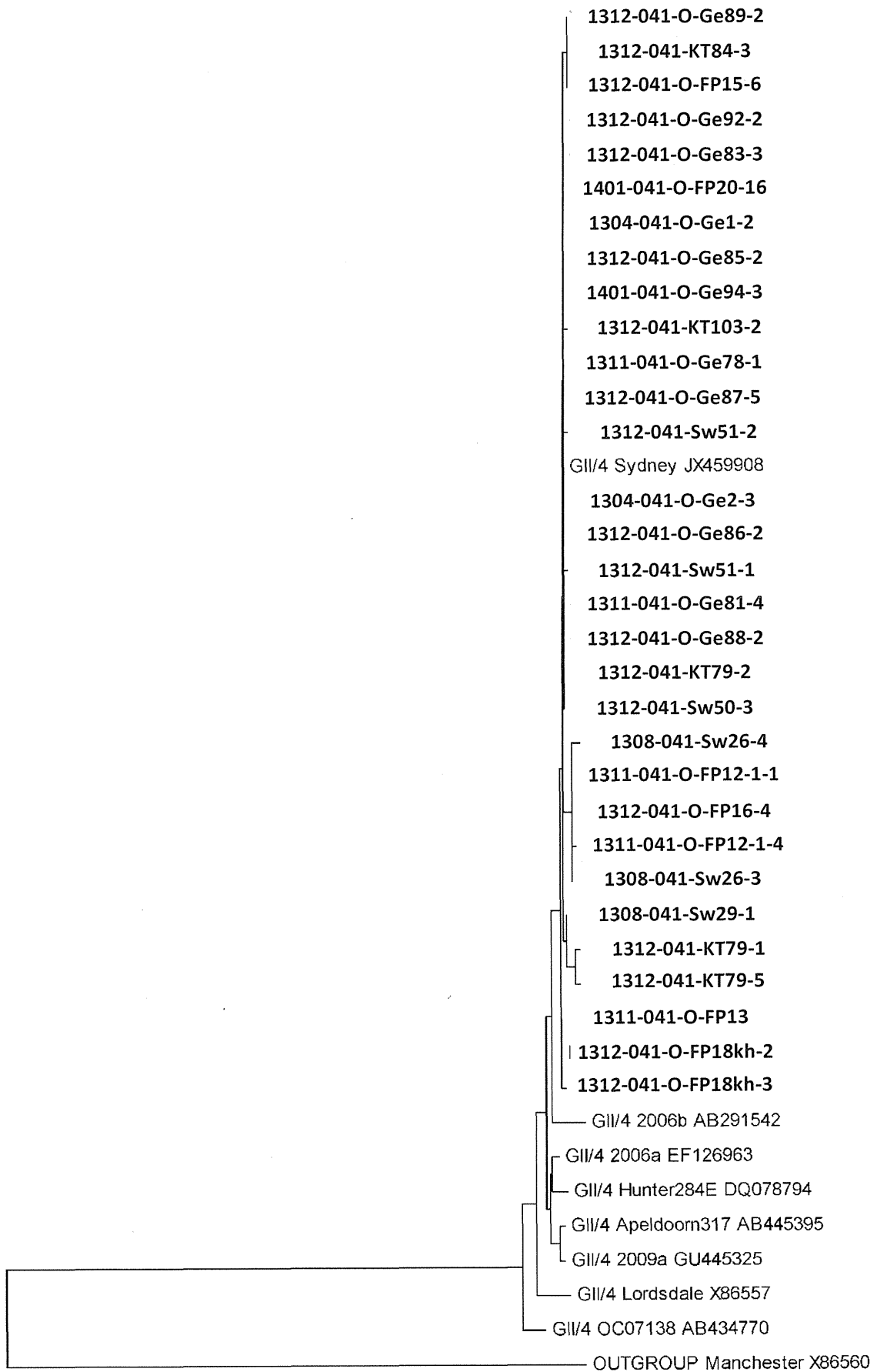


図3 ノロウイルスGII.4の系統樹解析

## 食品の関与が推定される 集団胃腸炎におけるウイルス検索

研究協力者	森 功次	東京都健康安全研究センター
研究分担者	田中 智之	堺市衛生研究所
研究協力者	宗村 佳子	東京都健康安全研究センター
	林 志直	東京都健康安全研究センター

### 研究要旨

集団胃腸炎発生時にノロウイルス(NoV)以外の胃腸炎起因ウイルスについて検索を行い、それらの発生状況についてデータの集積をはかった。2013年1月～12月にかけて得られた439事例の胃腸炎事例についてウイルス検索を実施したところ、ウイルス検出事例数は232事例(52.8%)であった。内訳はNoVが検出された事例が209事例と多くを占めていたが、24事例(10.3%)はその他のウイルスが検出された事例であった。これまでにサポウイルス(SaV)検出事例は感染経路や検出された年齢層がNoVと同一であることを報告してきたが、2011年以降検出される割合の高くなっているGI.2型について解析したところ、構造たんぱく質領域(VP1領域)に継続的なアミノ酸変異がみられることが確認できた。また不顕性感染者と発症者においてNoV同様に糞便中のウイルス量に差がみられないことが確認できた。

### A. 研究目的

ウイルス性胃腸炎集団事例において、その主な病因ウイルスはノロウイルスであるが、その他の起因ウイルスによる集団胃腸炎事例がこれまでに東京都では発生している。前研究課題においてノロウイルス以外の起因ウイルスが関与する事例が一定の割合で発生していることを報告してきたが、継続して検索を実施し原因物質が確定される率を向上させると共に発生要因の解析を目的とする。

### B. 研究方法

#### 1. 材料

2013年1月～12月にかけて得られた439事例の胃腸炎事例に関連した糞便3,811件を検査材料とした。

#### 2. 胃腸炎ウイルスの検索

NoV、SaV、A群ロタウイルス(RVA)、C群ロタウイルス(RVC)、アストロウイルス(AstV)、および腸管アデノウイルス(AdenoV)について、NoVはKageyama

ら(J Clin Microbiol,2003)、SaVはOkaraら(J Med Virol,2006)、RVAはJothikumarら(J Virol Method,2009)およびCRV、AstV、AdV 検索にはMoriら(J Virol Method, 2013)のプライマーおよびプローブによるreal-time PCR法をそれぞれ用いた。

### 3. 塩基配列の解析

real-time PCR陽性の場合にはconventional PCRを実施し、明瞭なバンドの得られた事例についてはダイレクトシーケンスにより塩基配列解析を試みた。

(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. 胃腸炎ウイルス検出状況

ウイルス検索を実施した439事例のうち、検索対象としたウイルスが検出された事例数は232事例(52.8%)であった。内訳はNoVが検出された事例が他のウイルスとの同時検出事例を含めて209事例(90.1%)と最も多くを占めていたが、SaV:20事例(8.6%)、RVA:3事例(1.3%)とその他のウイルスに起因すると考えられる事例が23事例(9.9%)みられた(表1)。その他に感染症的な事例からNoVと同時にAdVが検出される事例が1事例みられ、2013年にNoV以外のウイルスが検出された事例は計24事例(10.3%)であった。

NoVの次に多く検出されたウイルスはSaVであった。SaVの検出時期は2月~5月に集中し、この時期に17事例からSaVが検出された(図1)。また、NoV以外のウイルスで食品の関与が推定される事例か

ら検出されたウイルスもSaVのみであった。

### 2. 塩基配列解析

糞便試料から検出されたSaVの塩基配列は20事例中17事例(85%)がGI.2に型別された。その他はGII.3が2事例、GI.1、GII.1、GII.3がそれぞれ1事例であった。SaV検出事例のうち、NoVが同時に検出された事例はなく、生カキの喫食歴がある事例においてもSaVのみが検出されていた。GI.2の検出事例数が増加した2011年からの東京都でGI.2が検出されたSaVについてVP1領域全長について塩基配列解析を実施し、既知の株と比較したところ、いずれも2008年以降に検出されたGI.2に近縁であった(図2)。また、2事例からSaV不顕性感染者が検出され、糞便中のウイルス量は発症者群と有意差がみられなかった(図3)。

RVAは3事例から検出され、いずれも食品の関与が考えにくい感染症的な集団事例であった。これら3事例由来株の塩基配列情報が得られ、GI、G2、およびG9がそれぞれ1事例であった。

## D. 考察

2013年の胃腸炎集団事例におけるウイルス検出状況において、起因ウイルスとしてNoVが大きな割合を占めていることは例年の流行と同様であった。しかし、2013年2月~5月にかけてみられたSaVの関与した胃腸炎事例はGI.2が検出型の多くをしめ、SaVGI.2の大きな流行が推察された。東京都においてはGI.2は2011年ころより検出数が増加しており、2011年以降に検出されたGI.2の7株についてVP1領域のアミノ酸配列を比較したところ、2008年以降検出されているタイプに属し、アミノ酸変

異が1ヶ所認められた。塩基配列が既知の株の SaVGI.2 もあわせて VP1 領域のアラインメントをとると、NoV 同様に継続的なアミノ酸変異を繰り返しつつ現在にいたっていることが確認できた(図2)。2013年2～5月に SaV が検出された事例の一覧を表2に示したが、食中毒となった調理従事者の関与が推定される事例のほか、カキの喫食歴のある事例、施設内の感染症的事例が含まれていた。NoV 同様に小児から高齢者まで幅広い年齢層から SaV が検出された。また、SaV 不顕性感染者糞便中のウイルス量が発症者群と有意差がみられなかったことから SaV の感染要因は NoV と同一であることが確認された。これらのことから今後は SaV についても調理従事者の対策が NoV 同様に食中毒対策として重要となることが示唆された。

#### E. 結論

1. 2～5月にかけて SaV が集団胃腸炎から多く検出された。検出された遺伝子型は GI.2 が主であった。

2. SaV GI.2 の VP1 領域を比較すると NoV 同様に大きな変異と小さな変異を繰り返しながら継続的に変異していることが確認できた。

3. SaV においても NoV 同様に不顕性感染者糞便中に含まれるウイルス遺伝子量に差がないことが確認できた。

#### F. 研究発表

##### 1. 論文発表

なし

##### 2. 学会発表

・森功次、宗村佳子、林志直、甲斐明美：東京都において集団胃腸炎事例から検出された Sapovirus について. 第61回日本ウイルス学会学術集会(神戸市)、2013

#### 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 : 集団胃腸炎事例における胃腸炎ウイルスの検出状況  
(東京都、2013年1月～2013年12月)

検査事例数	439	(%)
ウイルス検出事例数	232	(100)
NoV	208	(89.7)
SaV	20	(8.6)
RVA	3	(1.3)
NoV+AdV	1	(0.4)

事例数(件)

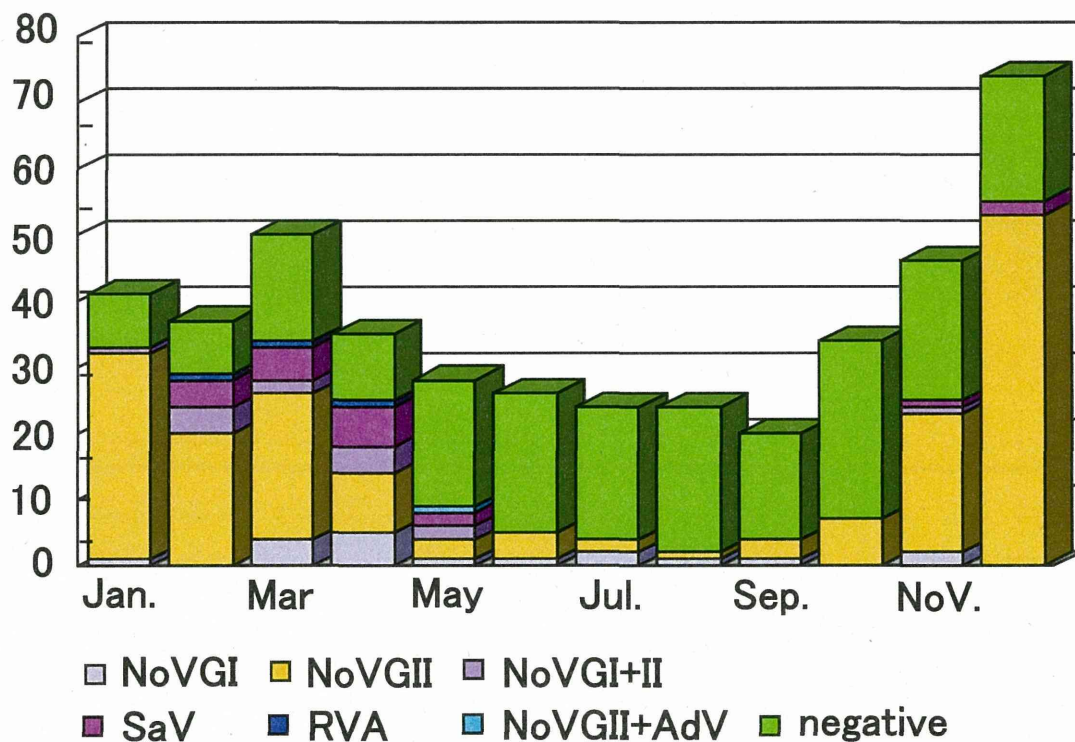


図1 : 集団胃腸炎事例における胃腸炎ウイルスの検出状況  
(東京都、2013年1月～2013年12月)

表2 : 2013年2～5月にSaVが検出された集団胃腸炎事例(東京都)

事例	発生時期	発生場所	遺伝子型	推定感染源
A	2月	保育園	GII.1	施設内流行
B		高齢者施設	GI.2	施設内流行
C		家庭内	GI.2	生力キ
D		飲食店	GI.2	不明
E	3月	家庭内	GI.2	生力キ
F		高齢者施設	GI.2	施設内流行
G		中学校	GI.2	不明
H		家庭内	GI.2	不明
I		家庭内	GI.2	不明
J	4月	飲食店	GI.2	生力キ
K		飲食店	GI.2	調理従事者
L		仕出し	GI.2	調理従事者
M		飲食店	GI.2	生力キ
N		高齢者施設	GI.2	施設内流行
O		仕出し	GI.2	不明
P		5月	家庭内	GI.2
Q	保育園		GI.2	保育園

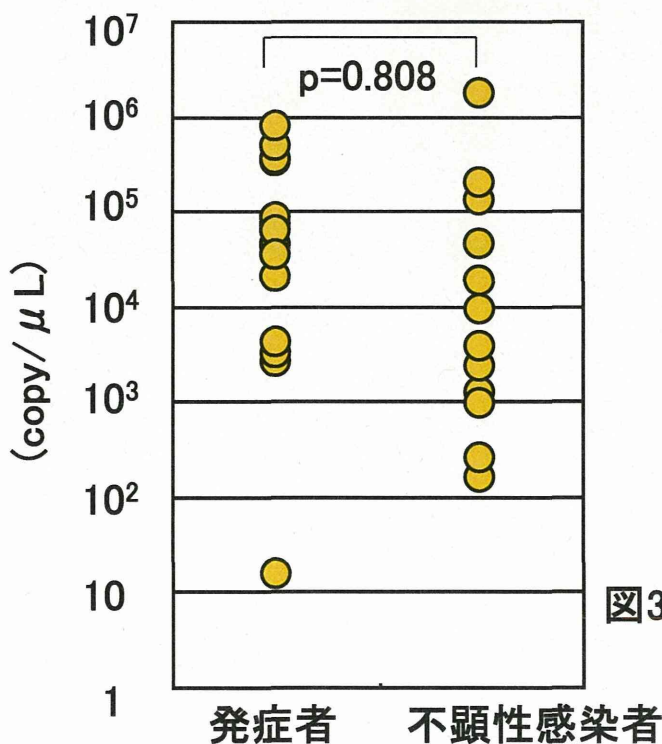


図3 : 発症者と不顕性感染者におけるSaV排出量の比較



平成 25 年度厚生労働科学研究費補助金(食品の安全確保推進研究事業)  
「食品中の病原ウイルスの検出法に関する研究」  
研究協力報告

愛知県におけるノロウイルス流行 (2012/13 シーズン)

研究協力者 小林 慎一 愛知県衛生研究所  
研究分担者 田中 智之 堺市衛生研究所

研究要旨

2012/13 シーズンに散発性感染性胃腸炎患者から採取された糞便 300 検体についてノロウイルス (NoV) の検出検査を実施した結果、116 検体 (38.7%) から NoV が検出された。遺伝子グループ I (GI) 陽性が 1 検体 (0.9%)、遺伝子グループ II (GII) 陽性が 115 検体 (99.1%) であった。NoV 陽性検体の系統樹解析の結果、GI は GI.7 に、GII は 2, 3, 4, 6, 13, 14 の 6 遺伝子型に型別されたが、GII.4 が 69.0% と大勢を占めた。GII.4 陽性の 80 検体をクラスター解析したところ、2004, 2006b, 2008a, 2009a, Sydney 2012 の 5 変異株に分類され、Sydney 2012 株が 82.5% を占めた。また、胃腸炎集団発生 15 事例のうち 13 事例から GII.4 が検出され、その全てが Sydney 2012 型であった。GII.4 variant Sydney 2012 変異株の出現が、感染性胃腸炎流行の主たる要因と推察された。NoV に起因する食中毒予防に向けては、NoV の遺伝子型及び変異株の継続的監視が重要である。

A. 研究目的

ノロウイルス (NoV) は、乳幼児から高齢者までの幅広い年齢層のヒトに感染し、冬季に流行する感染性胃腸炎の主要な原因ウイルスの一つであり、またウイルス性食中毒の主要な病因物質でもある。近年、NoV に起因する感染性胃腸炎が全国的に流行する中で、NoV 感染調理従事者を介した食中毒事件及び老人福祉施設、病院や学校などでの NoV 集団感染事例が多発し、大きな社会問題となっている。NoV の流行状況が感染性胃腸炎の発生動向やウイルス性食中毒の発生状況に大きく関与していると想定されることから、NoV

の制御やウイルス性食中毒の予防対策には、NoV の流行遺伝子型や遺伝子変異に関する流行動態の実態把握が重要である。

そこで 2012/13 シーズンの愛知県における感染性胃腸炎散発事例及び胃腸炎集団発生事例からの NoV 検出状況、遺伝子型別及び変異株クラスター解析の結果を報告する。

B. 研究方法

1. 材料

2012 年 4 月～2013 年 3 月に愛知県感染症発生動向調査の病原体定点で採取された感染性胃腸炎患者の糞便 300 検体及び



胃腸炎集団発生 15 事例からの患者便 79 検体と従事者便 51 検体を用いた。

## 2. ノロウイルス検査法

Veal infusion broth で糞便を 10 %乳剤、吐物は 50 %乳剤とした後、10,000 G で遠心分離し、上清から High Pure Viral RNA Kit (Roche) を用いてウイルス RNA を抽出した。

NoV 遺伝子検出検査はウイルス性下痢症診断マニュアルに記載されたプライマーを用いた One Step RT-PCR 法で実施した。

NoV の遺伝子型は、構造タンパク遺伝子の PCR 増幅産物を Wizard SV Gel and PCR Clean-up System (Promega) で精製後、BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (ABI) を用いたダイレクトシーケンス法で塩基配列を決定し、Katayama らの方法 (Virology, 299:225-239, 2002)) に従い型別分類した。また、GII.4 NoV 株については、GII.4 のクラスター分類を目的として既知のGII.4 変異株との相同性を解析した。系統樹解析は ClustalW を用いた近隣結合法で行った。

### (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

### 1. 感染性胃腸炎散発事例からのノロウイルス検出状況

表 1 に感染性胃腸炎患者からの NoV の月別・遺伝子型別の検出状況を示した。病原体定点で採取された患者便 300 検体

中、1 検体(0.35%)が Genogroup I (GI)NoV 陽性であり、115 検体(38.3%)が GII NoV 陽性であった。感染性胃腸炎の流行に合致して、NoV が高頻度に検出された。GII NoV の遺伝子型別では GII.4 陽性が 80 検体(69.6%)、次いで GII.13:28 検体(24.3%)、GII.3:3 検体(2.6%)、GII.2:2 検体(1.7%)、GII.6 と GII.14 が各 1 検体(0.7%)であり、GII.4 が大勢を占めた。

### 2. GII.4 変異株のクラスター解析

散発性感染性胃腸炎患者由来の GII.4 陽性の 80 株をクラスター解析した結果、新たな遺伝子変異株 (Sydney 2012 変異株) が 66 株(82.5%)、2006b 型が 6 株(7.5%)、2009a 型が 3 株(3.8%)及び 2004 型が 2 株(2.5%)に分類された (表 2)。特に、10 月以降に検出された GII.4 の大勢は 2012 変異株であった。

### 3. 胃腸炎集団発生事例からのノロウイルス検出状況

表 3 に当所で検査した胃腸炎集団発生 15 事例からのノロウイルス検出状況を示した。15 事例のうち、13 事例から GII.4 が検出され、その全て GII.4 variant Sydney 2012 変異株であった。

## D. 考察

2012/13 シーズンの感染性胃腸炎の流行は、12 月 6 日に警報が発令され、2006 年に次ぐような規模であった。

2012/13 シーズンに散発性感染性胃腸炎患者から検出された NoV の大勢は GII NoV であり、遺伝子解析の結果、GII.4 が主要な流行遺伝子型であった。2006/07 シーズンの NoV 大流行に関与した GII.4 2006b が、2007/08 から 2011/12 の 4 シーズンも主要な

流行NoVであったが、2012/13シーズンには、新たな遺伝子変異株であるGII.4 variant Sydney 2012による大流行であった。2006b及びSydney 2012ともに、全世界規模で同時多発的に流行したが、感染源の特定には至っていない。

今回の調査で愛知県内では少なくとも5種類のGII.4変異株が流行していたことが明らかとなった。2006b変異株は2006/07シーズンの大流行以降、感受性者の減少に伴い、流行規模は次第に縮小したが、12/13シーズンにSydney 2012変異株が出現するまでは、優勢な変異株であった。GII.4はヒトでの感染を繰り返す中で多様な変異株が出現しているが、その中から感染性や増殖性に優れたウイルスが大規模流行を起こすと推察される。

NoVの培養増殖系及び感染動物実験系は未確立であるので、NoVの遺伝子型や遺伝子変異の継続的監視、感染防止対策や流行株の予測に重要と考えられた

#### E. 結論

2012/13 シーズンは感染性胃腸炎が2006/07 シーズンに次ぐような規模で全国的に大流行したが、新たな GII.4 NoVの変異株 (Sydney 2012 変異株) 出現が主

たる要因と推察された。NoV の培養増殖系及び感染動物実験系は未確立であるので、遺伝子型間及び変異株間の増殖性や病原性の差異は不明である。従って、今後のNoV に起因する食中毒予防や防疫対策に向けては、NoV の遺伝子型や遺伝子変異の継続的監視が重要である。

#### F. 研究発表

##### 1. 論文発表

小林慎一、山下照夫、皆川洋子：サポウイルス食中毒、臨床とウイルス、41、52-60、2013

##### 2. 学会発表

小林慎一、中村範子、安達啓一、伊藤雅、安井善宏、山下照夫、皆川洋子、平成24年度の愛知県におけるノロウイルスの検出状況 (12/13 シーズン)、第61回日本ウイルス学会学術集会、2013年11月 神戸市

#### 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 散発性感染性胃腸炎患者からのノロウイルスの月別・遺伝子型別検出状況  
(2012年4月～2013年3月)

採取月	GI	GII					
	GI.7	GII.2	GII.3	GII.4	GII.6	GII.13	GII.14
4月	1		1	4		6	
5月				2	1	9	
6月							
7月							
8月							
9月				0			
10月				3		4	
11月			1	23		4	
12月				17		2	
1月			1	15		3	
2月		2		11			1
3月				5			
計	1	2	3	80	1	28	1

表2 感染性胃腸炎患者由来 GII.4 型 NoV の変異株解析 (2012年4月～2013年3月)

採取月	検査数	GII.4 陽性数	GII.4 亜型				
			2004	2006b	2008b	2009a	2012
4月	24	4		2		2	
5月	27	2	1			1	
6月	23						
7月	13						
8月	15						
9月	10	0					
10月	27	3					3
11月	48	23		3			21
12月	32	17		1	1		14
1月	33	15	1				13
2月	27	11			1		10
3月	21	5					5
計	300	80	2	6	2	4	66

表3 胃腸炎集団発生事例のノロウイルス検査成績 (2012年4月～2013年3月)

事例	検査日	検体		NoV 陽性者数	NoV 遺伝子型	原因施設
		患者数	従事者			
1	4月17日	15		患者14	GII.13	研修施設
2	9月19日	1		患者1	GII.4(2012型)	【照会】飲食店
3	10月25日	1		患者1	GII.4(2012型)	【照会】飲食店
4	11月2日	13	18	患者13、従事者5	GII.13	飲食店
5	11月5日	5		患者5	GII.4(2012型)	【照会】葬儀食事
6	11月21日	11	3	患者3、従事者1	GII.4(2012型)	飲食店
7	11月27日	8	2	患者8、従事者1	GII.4(2012型)	社員食堂
8	11月29日	5	13	患者5	GII.4(2012型)	飲食店
9	11月29日	7	4	患者7	GII.4(2012型)	飲食店
10	12月12日	9		患者9	GII.4(2012型)	葬儀食事：すし
11	12月19日	8	4	患者5、従事者3	GII.4(2012型)	飲食店
12	12月19日	6	7	患者4	GII.4(2012型)	飲食店
13	1月16日	4		患者4	GII.4(2012型)	飲食店
14	1月23日	1		患者1	GII.4(2012型)	ホテル食事
15	3月23日	3	8	患者2、従事者5	GII.4(2012型)	飲食店
計		97	59	患者82、従事者15		

【照会】：他自治体からの検査要請事例