

GII.17 が 2 月～4 月に集中して検出された。これらの株は、N/S 領域、ポリメラーゼ領域とも近縁であり、また、GII.P17-GII.17/ Kawasaki308 と高い相同性を示したことから、Kawasaki308 と近縁な GII.17 による地域流行がこの時期にあったものと推察された。しかし、感染性胃腸炎患者数の増加は見られていないことから、GII.17 の流行は広範囲に及んでいなかったか、あるいは GII.4 等の遺伝子型の NoV に比べて症状が軽いか不顕性感染が多い可能性が示唆された。

NoV の流行を把握し食中毒等集団発生を予防するためには、NoV の遺伝子解析による変異株の継続的監視及び新たに出現した GII.17 による胃腸炎の病態解明が必要であると考えられる。

#### E. 結論

1. 2015 年に感染性胃腸炎から NoV が 105 例(検出ウイルスの 52.5%)検出された。内訳は GII が 65 例(61.9%)、GI が 40 例(38.1%)で、例年に比べ GI の検出数が多かった。
2. 6 月～8 月の夏季を中心に近縁な GI.3 の地域流行が見られた。加えて、6 月～7 月に SaV、6 月にアストロウイルスの検出数がそれぞれ増加したことが、6 月～7 月の感染性胃腸炎患者数の増加の原因の一つと考えられた。
3. 検出された遺伝子型 GII.4 の大部分は、Sydney 2012 タイプで、GII.3 は、ポリメラーゼとカプシド領域の間で遺伝子組み換えを起こした GII.P12-GII.3 のキメラウイルスであるあった。
4. 愛媛県では過去に検出例のない GII.17 が 2 月～4 月に検出された。こ

れらの遺伝子型の株は非常に近縁であり、GII.P17-GII.17/ Kawasaki308 と高い相同性を示した。

#### 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. 特許習得：なし
2. 実用新案登録：なし
3. その他：なし

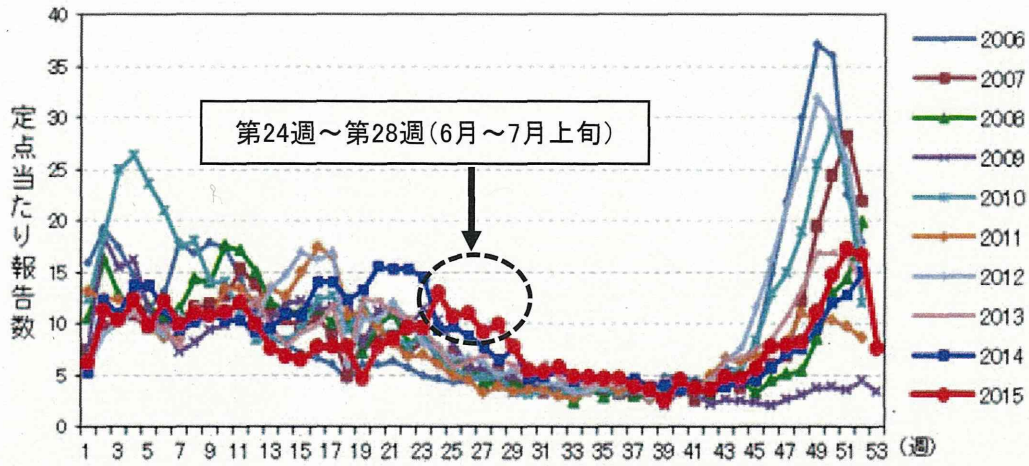


図1 感染性胃腸炎患者の週別発生状況

表1 散発性胃腸炎患者からの月別ウイルス検出状況

		月	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	計
		NoV	GI		1		1	4	18	7	7		1	1	
GII	6		10	15	5	1		1				5	22		65
SaV			1	5	4	5	20	10		1		1	1		48
ロタウイルス			1		8	2	2					5		4	22
アストロウイルス					3	2	10	4	1						20
アデノウイルス				1		1	2	1							5
検査数			22	23	29	40	33	63	43	35	19	20	24	36	387

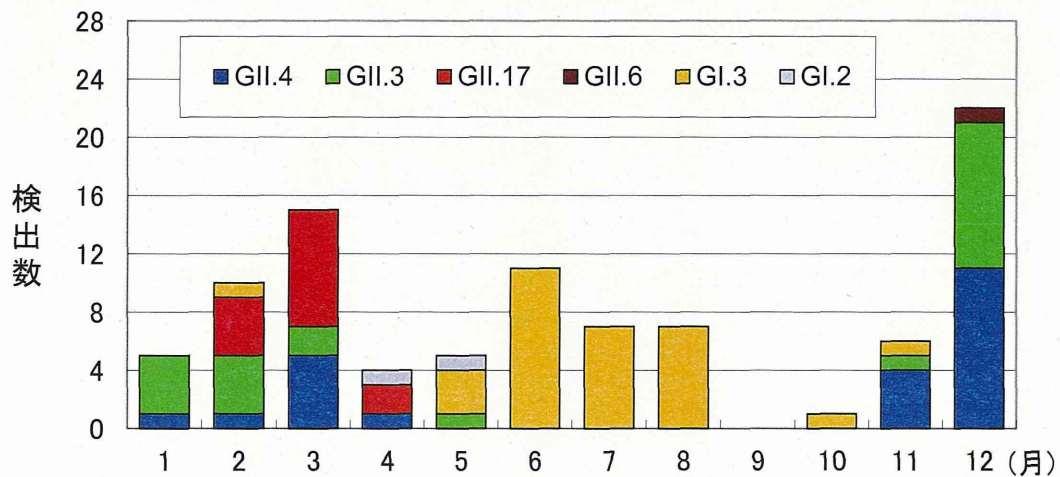


図2 NoVの月別遺伝子型別検出状況

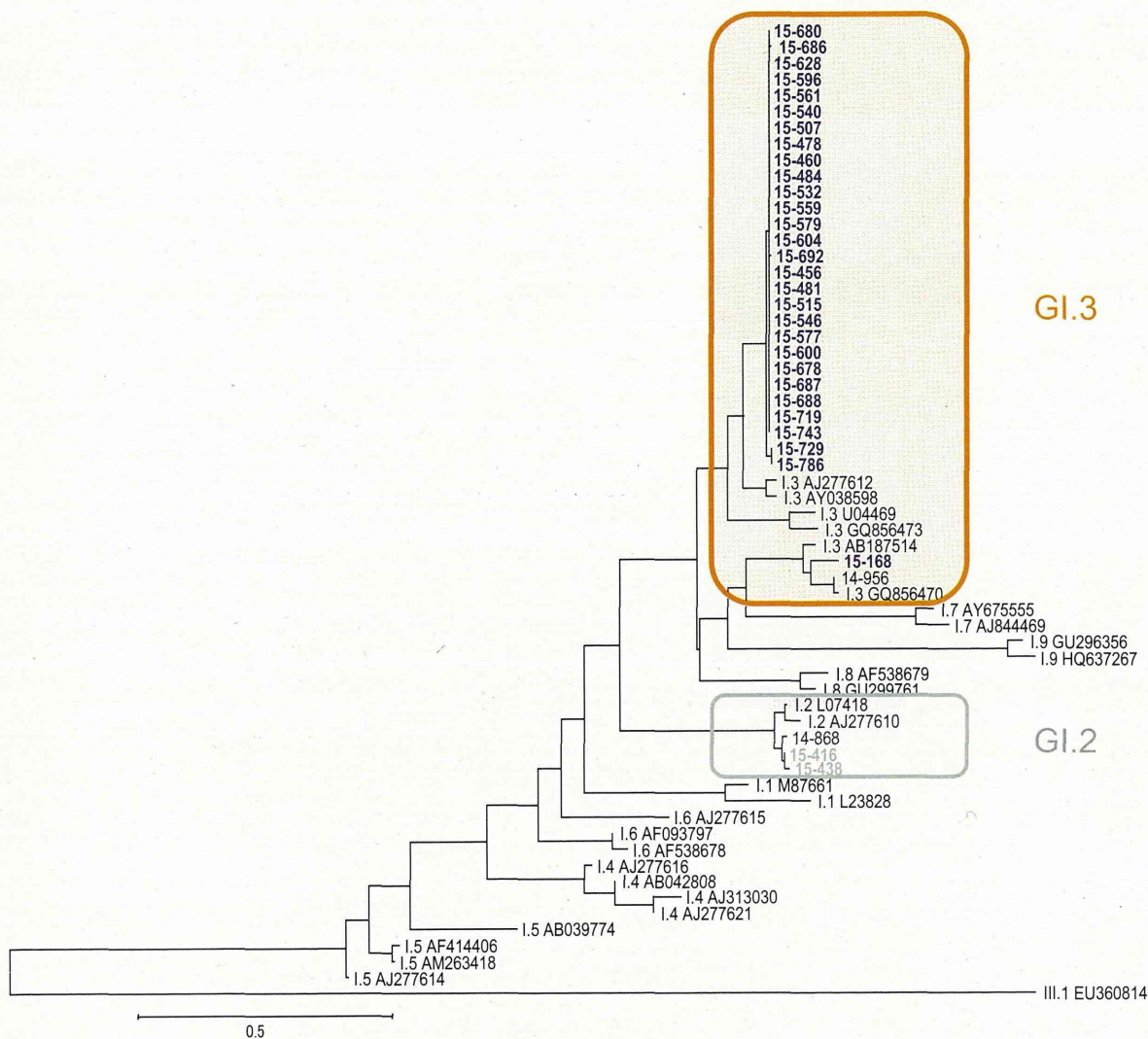


図3 NoV GI.3のカプシドN/S領域の系統樹(291bp)

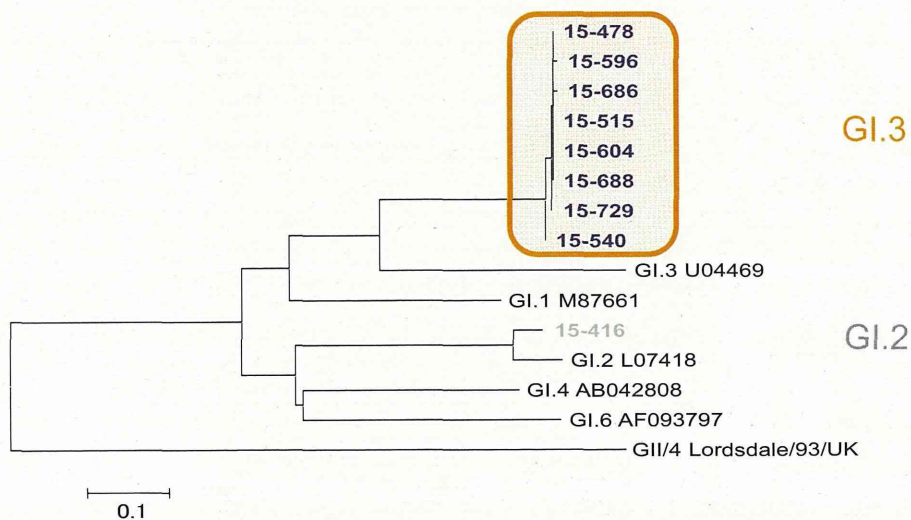


図4 NoV GI.3のポリメラーゼ領域の系統樹(312bp)

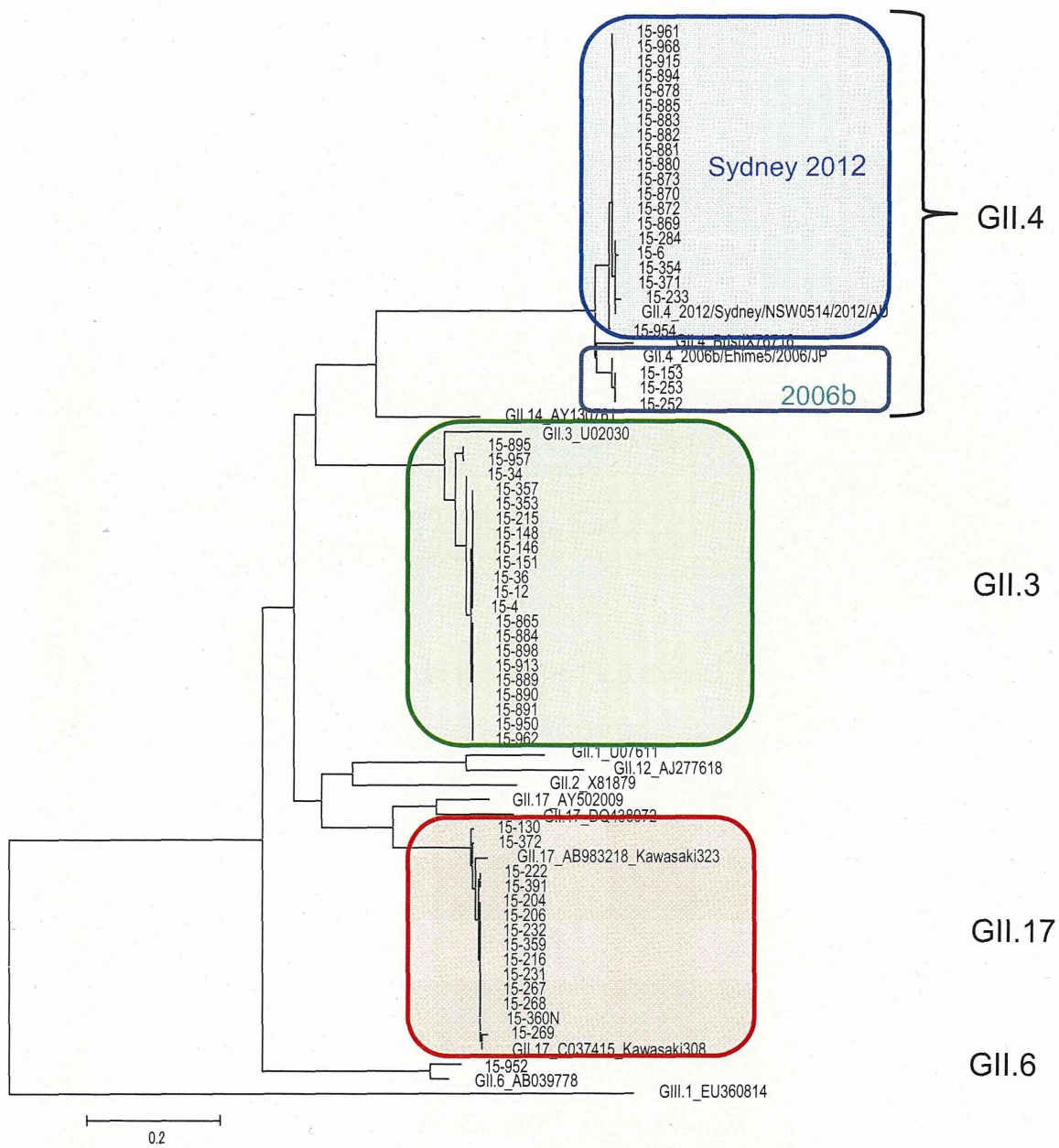


図5 NoV GIIのカプシドN/S領域の系統樹(282bp)



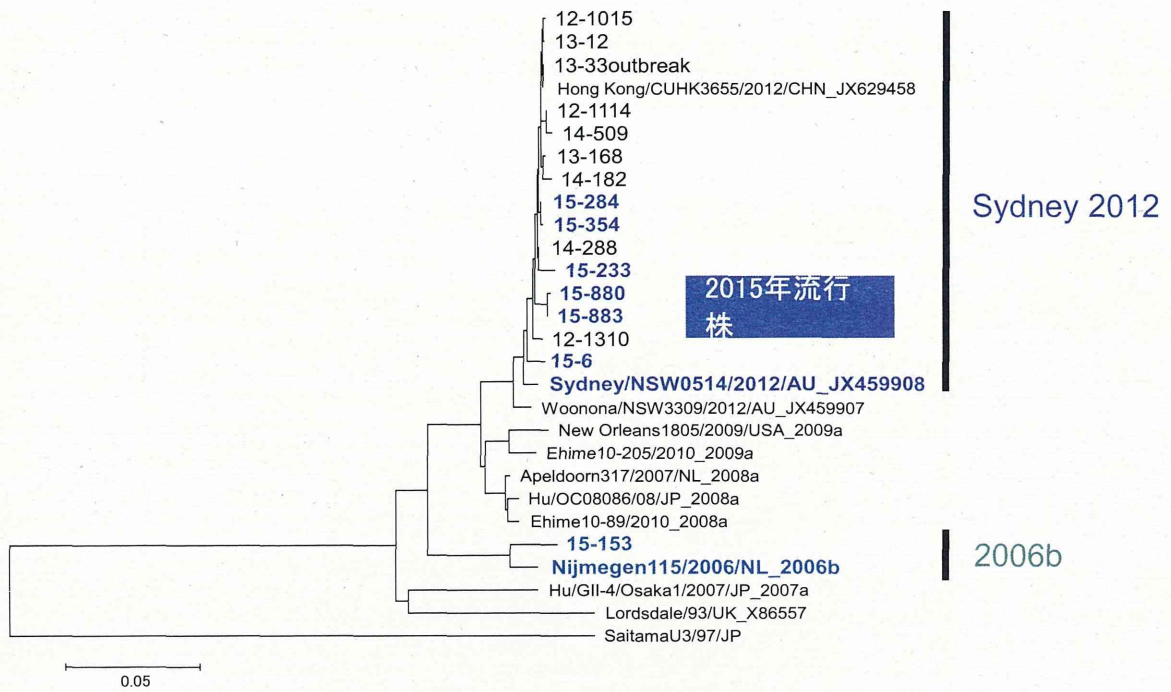


図6 NoV GII.4のカプシドP1-P2領域の系統樹(621bp)

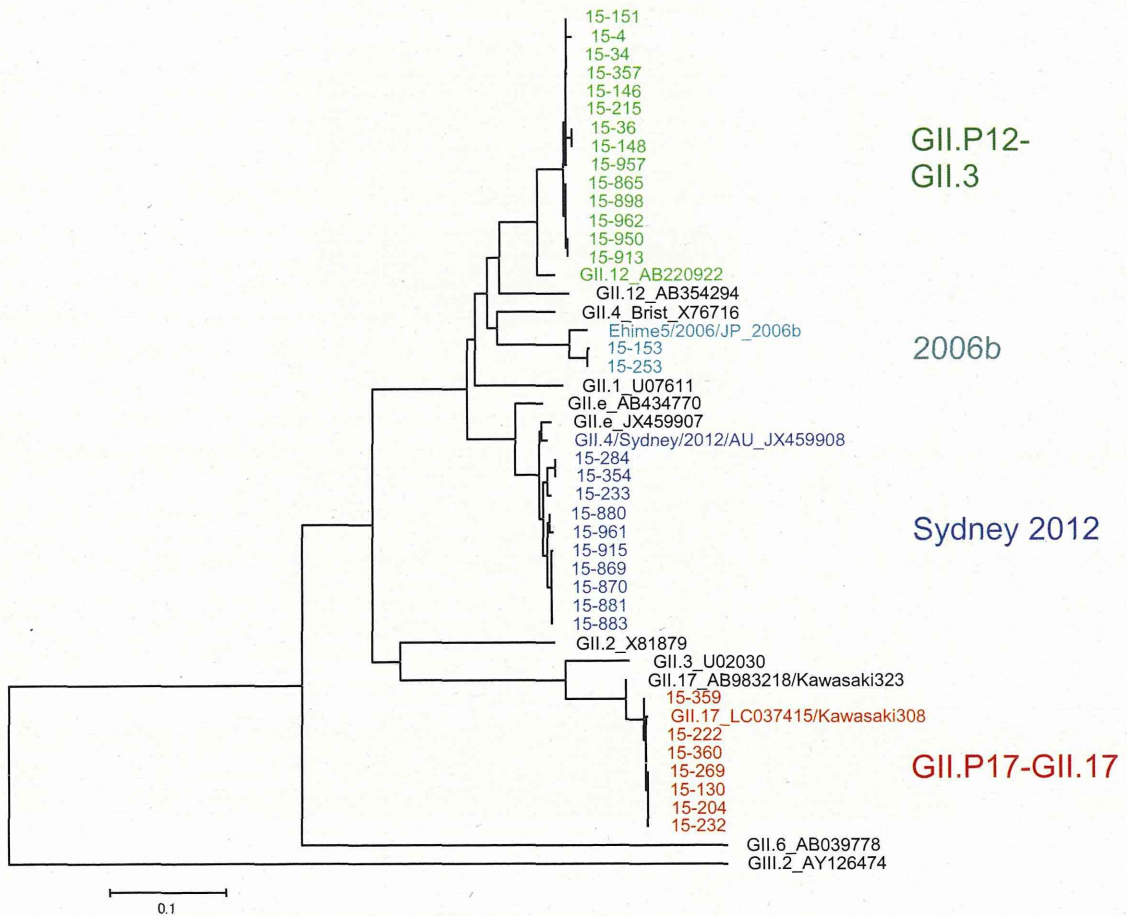


図7 NoV GIIのポリメラーゼ領域の系統樹(696bp)

## 終末処理場流入水および市販カキからのノロウイルス検出

研究協力者	吉富 秀亮	福岡県保健環境研究所
研究分担者	野田 衛	国立医薬品食品衛生研究所
研究協力者	芦塚 由紀	福岡県保健環境研究所

### 研究要旨

ノロウイルス (NoV) の流行状況を把握するため、環境検体である終末処理場流入水および食品検体である市販カキからの NoV 検出を行った。流入水中のノロウイルス遺伝子量は GI では 2015 年 5 月、GII では 2015 年 1 月から 2 月にかけて検出のピークが認められ、流入水中の汚染量は 2014/15 シーズンのヒトでの流行を反映していることが示唆された。2015 年 2 月に購入した市販カキから NoV 検出を試みた結果、6 ロット中 6 ロット (加熱調理用 2 ロット、生食用 4 ロット) から最大 60,861 コピー/中腸腺 1g の NoV が検出され、遺伝子型は GI. 1、GI. 2、GI. 3、GI. 4、GII. 3 および GII. 17 であった。2 月のカキから 2014/15 シーズンの主流行株である GII. 3 および GII. 17 が高頻度で検出されたことから、市販カキの調査はシーズンの主流行株の探知に有用であることが示唆された。

### A. 研究目的

ノロウイルス (NoV) は主に冬季に流行し、食中毒や感染性胃腸炎の原因ウイルスの一つとして知られている。NoV の生活環境の一つとして、感染者の便中に排出された後、下水から海水に至り、貝類に蓄積し、再びヒトに感染する一連の循環が知られている。

今回、NoV の感染状況の把握および感染拡大の防止に寄与することを目的に、終末処理場流入水および市販カキからの NoV 検出を行った。

### B. 研究方法

#### 1. 材料

終末処理場流入水は 2014 年 11 月から 2015 年 10 月までの期間に、都市部にある A 終末処理場および非都市部にある B 終末処理場から毎月 1 回採取した流入水合計 24 検体を用いた。

市販カキは 2015 年 2 月に県内で購入した 6 ロット 18 検体を材料とした。6 ロットはすべて A 県産であり、生食用が 4 ロット (海域番号: 10 および 30)、加熱調理用が 2 ロット (海域番号: 10) であった。

## 2. 終末処理場流入水からの NoV 検出法

流入水中のウイルス濃縮は国立感染症研究所が示す「ポリオウイルス感染症の実験室診断マニュアル」に準拠した。すなわち、流入水 1L を良く混和し、4°C で 3000rpm、30 分間遠心し、上清に塩化マグネシウムを添加、pH3.5 に調整後、陰電荷フィルターにウイルスを吸着させ、10mL の 3% ビーフエキストラクト存在下で誘出し、これをウイルス濃縮液とした。NoV 検出は、厚生労働省通知法に準拠し、QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN) により RNA 抽出を行い、SuperScript® III Reverse Transcriptase (Life technologies) および Random primer (Life technologies) を用いて逆転写反応により cDNA を合成し、TaqMan Universal PCR Master Mix (Applied Biosystems) を用いてリアルタイム PCR 法により NoV を定量した。

## 3. 市販カキからの NoV 検出法

1 ロットのカキから中腸腺を 1g~2.5g 採取し 1 検体とした。1 ロット当たりの検体数は 3 検体とした。中腸腺の重量を測定し、9 倍量の PBS(-) を加え、粉碎処理した後、 $\alpha$ -アミラーゼを 10mL 当たり 25mg 添加し、よく混和した後、37°C で 1 時間静置した。フィルター付き滅菌バッグを用いて濾過し、濾過液 10mL を 10000rpm、20 分間、4°C で遠心分離し、上清を 35000rpm、2 時間、4°C で超遠心分離した。上清を取り除き、沈渣を 0.5% Zwittergent (Merk) 400 $\mu$ L で再浮遊させ、RNA 抽出を行った。RNA 抽出および DNase 処理は High Pure Viral RNA Kit (Roche) を用いて行い、High Capacity cDNA

Reverse Transcription Kit (Applied Biosystems) を用いて cDNA の合成を行った。合成した cDNA を用いて、TaqMan Universal Master MIX (Applied Biosystems) により COG1F/COG1R および COG2F/COG2R プライマーセットを用いてリアルタイム PCR 法により NoV を定量した。また、EmeraldAmp PCR Master Mix (Takara) により、COG1F/G1SKR および COG2F/G2SKR プライマーセットによる 1stPCR、G1SKF/G1SKR および G2SKF/G2SKR プライマーセットによる Nested PCR を行い、N/S 領域を増幅した。

## 4. NoV 遺伝子型の決定法

N/S 領域の増幅産物は BigDye Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems) によりダイレクトシーケンシングを行い、3500xl ジェネティックアナライザ (Applied Biosystems) を用いて塩基配列を決定した。決定した塩基配列は NoroNet 上の Norovirus Typing Tool (<http://www.rivm.nl/en/Topics/N/NoroNet>) を用いて解析し、遺伝子型を分類した。

(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. 終末処理場流入水からの NoV 検出

流入水からの NoV 検出結果を図に示した。NoVGI は 2015 年 5 月に最も多く検出され、検出値は  $2.1 \times 10^7$  コピー/L であった。また、NoVGII は 2015 年 2 月に最も多く検出され、検出値は  $4.1 \times 10^7$  コピー/L

であった。

## 2. 市販カキからの NoV 検出

市販カキからの NoV 検出結果を表に示した。6 ロット中 6 ロットすべてから NoV が検出された。NoV は中腸腺 1g 当たり最大で 60,861 コピーが検出された。検出された NoV の遺伝子型を解析した結果、NoVGI の遺伝子型は GI.1、GI.2、GI.3、および GI.4 に分類され、NoVGII の遺伝子型は GII.3 および GII.17 に分類された。GII.17 は 2015 年 2 月に川崎市において検出された GII.17 変異株(Kawasaki308 株)と類似していた。

## D. 考察

国立感染症研究所が集計している感染症発生動向調査システム(NESID)によると、2014/15 シーズンは、福岡県では 2014 年 12 月から NoV の検出数が増加し、2015 年 5 月まで検出された。検出された遺伝子型は GII.4 が最も多く、以下、GII.3、GII.17 の順に多かった。一方、当県における食中毒事例(疑い含む)から検出された NoV の遺伝子型は、シーズン前半(11 月～3 月)は GII.17 が 4 事例、GII.4 が 2 事例、GI.3 が 1 事例から検出され、シーズン後半(4 月～6 月)は GI.3 が 5 事例、GI.2、GII.2、GII.17 がそれぞれ 1 事例から検出された。これらのことから、福岡県において 2014/15 シーズンは、シーズン前半には GII.4 および GII.17 が流行し、後半は主に GI.3 が流行したと考えられる。

流入水調査の結果、流入水中の NoVGI および NoVGII の検出値は 11 月から増加し始め、NoVGII は 2015 年 1 月から 2 月にかけて、NoVGI は 2015 年 5 月に検出のピ

ークが認められた。本調査から、2014/15 シーズンは GI と GII がともに流行し、シーズン前半は NoVGII が、後半は NoVGI が流行したことが示唆される。この流入水中の NoV の消長は前述の感染症発生動向調査や食中毒等の集団事例からのノロウイルスの検出結果とよく相関しており、流入水調査は NoV 流行を反映していると考えられる。また、流行期の流入水に含まれる NoV は GI、GII ともに  $10^7$  コピー/L を超えており、この値が流行の指標となることが示唆された。

市販カキ調査の結果、2015 年 2 月に購入した市販カキ 6 ロット中 6 ロットから NoV が検出されたことから、2014/15 シーズンのカキの汚染率は高かったことが明らかになった。また、カキの中腸腺 1g に含まれる NoV 量は加熱調理用カキから最大 60,861 コピー、生食用カキから最大 37,569 コピーが検出され、生食用カキも加熱調理用と同様に、食中毒のリスクがあることが示唆された。カキから検出された NoV の遺伝子型は GII.17 が最も多く、他に GII.3、GI.1、GI.2、GI.3 および GI.4 が検出された。このことから、2 月の市販カキには 2014/15 シーズンに流行した NoV がすでに蓄積しており、カキの調査はシーズンの主流株の探知に有用であることが示唆された。また、GII.17 は 2015 年 2 月に川崎市で新たに発見された新規の GII.17 変異株であったが、2 月より前に、不顕性感染を含めて、すでに多くの GII.17 感染者が存在していた可能性が示唆された。

NoV の生活環の一つは、①ヒトへの感染、②下水流入水への排出、および③貝類へ



の蓄積であると考えられている。今回の検討においても、それぞれの NoV 検出状況は関連があることが示唆された。流入水中のウイルスを不活化させること、およびカキにウイルスを蓄積させないことが NoV 胃腸炎の感染拡大の防止につながることが示された。

#### E. 結論

- ・流入水中の NoV 調査は 2014/15 シーズンにおける NoVGI のヒトでの流行状況を反映していた。
- ・流入水調査から、NoVGI は 2015 年 5 月をピークに、NoVGII は 2015 年 2 月をピークに流行したことが示唆された。
- ・2 月の市販カキは 2014/15 シーズンの主流株である NoVGII. 3 および GII. 17 が蓄積されていた。
- ・2 月の市販カキの調査は、シーズンの主

流行株の探知に有用である。

#### F. 研究発表

1. 論文発表  
なし
2. 学会発表

吉富秀亮, 芦塚由紀, 野田衛: 市販カキから検出されたノロウイルス GII. 17 の分子疫学解析, 第 36 回日本食品微生物学会, 川崎市, 11 月 13 日, 2015

#### 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

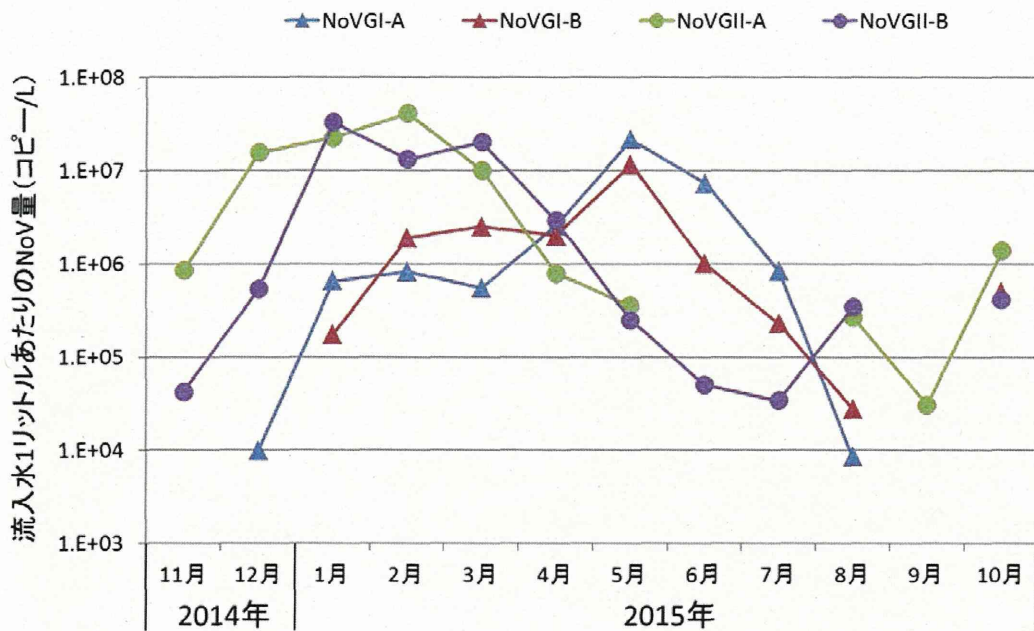


図 流入水からの NoV 遺伝子検出結果

表 市販カキからの NoV 検出結果

検体	消費期限日	産地	海域番号	Real-time PCR (単位はコピー/g)		遺伝子型	
				GI	GII	GI	GII
1 加熱調理用1	2月14日	A県	10	0	23788	-	GII.3
				0	4423	GI.4	GII.17
				31	3943	GI.4	GII.17
2 加熱調理用2	2月13日	A県	10	0	10660	-	GII.17
				1320	18655	GI.2	GII.17
				0	60861	-	GII.17
3 生食用1	2月4日	A県	10	0	7874	GI.1	GII.17
				0	10461	-	GII.17
				2414	37569	GI.1	GII.17
4 生食用2	2月11日	A県	30	0	8558	-	GII.17
				143	0	GI.3	-
				0	3770	-	GII.17
5 生食用3	2月11日	A県	30	0	12386	-	GII.17
				698	0	GI.3	GII.3
				0	17115	-	GII.17
6 生食用4	2月9日	A県	30	0	4421	-	GII.17
				0	8605	-	GII.17
				0	3238	-	GII.17

平成 27 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」

研究分担報告

## 熊本県における市販カキからのノロウイルスの検出及び ノロウイルスによる集団・散発事例の分子疫学解析

研究協力者	吉岡 健太	熊本県保健環境科学研究所
研究協力者	西村 浩一	熊本県保健環境科学研究所
研究分担者	野田 衛	国立医薬品食品衛生研究所

### 研究要旨

熊本県内で市販されている生カキのノロウイルス (NoV) の検査を行った。2015 年 2 月に採取された生食用及び加熱調理用生カキ 6 ロットのうち、すべてのロットから NoV 遺伝子が検出され、中腸腺 1g あたりの NoV 遺伝子量は、最小 894 コピー、最大 3,997 コピーであった。生カキから検出された主な遺伝子型は、カキを採取した時期にヒト間で流行していた遺伝子型と同じであったことから、カキの NoV 蓄積とヒトでの NoV 流行状況に関連性があることが示された。生食用カキからも NoV 遺伝子が検出されており、NoV に起因した生食用カキによる食中毒をどのようにして防止するかが今後の課題であると考えられた。

次に、2014/15 シーズンに熊本県内で検出された感染性胃腸炎由来 NoV (散発事例：12 事例、集団事例：6 事例) の遺伝子解析を行ったところ、遺伝子型は GI. 3、GII. 4、GII. 17 であった。系統樹解析の結果、GII. 4 株は 2006b 亜型及び 2012 亜型であり、GII. 17 株は Kawasaki308 株と近縁であったことから、同シーズンに全国的に流行した遺伝子型が熊本県でも流行していたことが分かった。

### A. 研究目的

カキを原因とするノロウイルス (NoV) 食中毒防止対策に資するため、熊本県内で市販されている生カキの NoV 汚染状況調査を行った。

また、NoV は冬季を中心に流行する感染性胃腸炎の主要な原因ウイルスであり、

流行期に入ると感染の機会が増加し、特に食品取扱い者が感染すると、食品を介しての下痢症の集団発生 (食中毒) の原因となり得る。そこで、NoV の流行状況を把握し、流行予測や予防対策に寄与することを目的に、熊本県内で発生した下痢症の散発事例及び集団事例の調査及び分

子疫学解析を行った。

## B. 研究方法

### 1. 材料

#### 1) カキ

2015年2月に採取された生食用カキ4ロット12検体、加熱調理用生カキ2ロット6検体を検査材料とした。

#### 2) 便

2014/15シーズン(2014年9月から2015年8月)の間に、熊本県内で発生した感染性胃腸炎散発48事例、集団19事例(170検体)を検査材料とした。

### 2. 方法

#### 1) カキのNoV検査

1 検体あたり 1.5g 以上の中腸腺をPBS(-)で10%乳剤とし、 $\alpha$ -アミラーゼを10mlあたり25mg添加した。36°Cで1時間静置後、10,000rpm、20分間、4°Cで遠心分離し、上清を回収した。遠心上清10mlにポリエチレングリコール6,000を1.2g、NaClを0.58g加え、完全に溶解させた。10,000rpm、30分、4°Cで遠心分離し、沈渣に0.5%Zwittergent加PBS(-)を加え、再浮遊させたものからQIAamp Viral RNA Mini Kit(QIAGEN)を用いてウイルスRNAを抽出(抽出過程でDNaseIを用いた非加熱処理)し、PrimeScript(TaKaRa)を用いてcDNAを合成した。その後、厚生労働省通知(平成19年5月14日付け食安監発第0514004号)に準じ、Real-time PCR法によりNoV遺伝子の定量(実測値 $\geq$ 10を陽性と判定)を行った。また、Nested RT-PCR法によりCap領域を増幅し、ダイレクトシーケンス法で遺伝子型を決定した。なお、遺伝子型はNorovirus

Typingtool

(<http://www.rivm.nl/mpf/norovirus/typingtool>)及びKronemanら(J Clin Virol 51(2):121-125, 2011)の分類方法で行った。

#### 2) 便のNoV検査

便0.1gをPBS(-)で10%乳剤とし、10,000rpm、10分、4°Cで遠心分離後、遠心上清からウイルスRNAを抽出し、DNase処理(加熱処理)、cDNA合成を行い、Real-time PCR法でNoVのスクリーニングを行った。NoV陽性検体についてNested RT-PCR法によりCap領域を増幅し、ダイレクトシーケンス法で遺伝子型を決定した。系統樹はMEGAを用い、NJ法で作成した(集団事例は一部の検体について実施)。また、GII.17と遺伝子型別された株は、RdRp領域(国立感染症研究所の木村先生らが開発した方法)についても塩基配列を決定し、系統樹解析を行った。

(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. 市販生カキの検査結果

生食用カキ4ロット12検体中2ロット2検体及び加熱調理用生カキ2ロット6検体中2ロット4検体からNoVGIIが検出された(表1)。中腸腺1gあたりのNoV遺伝子量は、最小894コピー、最大3,997コピーであった。また、Real-time PCR法で陰性、Nested RT-PCR法で陽性となったケースや、Nested RT-PCR法で陽性となったが塩基配列を決定できなかったケー

スがあり、最終的に塩基配列が決定できた株の遺伝子型はGII.17が8検体、GI.3、GI.7、GII.3、GII.13、GII.21が各1検体であった。

なお、GII.17株のCap領域について系統樹解析を行った結果、2015年9月にIASRで報告のあったKawasaki323株（2014年3月に川崎市で採取され検出された株）に近縁である株やKawasaki308株（2015年2月に川崎市で採取され検出された株）と完全に一致した株が検出された（図1）。

## 2. 便からのNoV検査結果

散発48事例中12事例からNoV遺伝子が検出された。遺伝子型の内訳は、GI.3が5事例、GII.4が6事例、GII.17が1事例であった。また、集団19事例（170検体）中6事例（64検体）からNoVが検出され、各事例一部の検体について遺伝子解析を行ったところ、GI.3、GII.4、GII.17が各2事例ずつであった（図2）。

## 3. 便から検出されたNoVの系統樹解析

Cap領域塩基配列が決定できた株について系統樹解析を行ったところ、GII.4株は2006b亜型、2012亜型に分けられ、GII.17株はKawasaki308株と極めて近縁であった（図3、4、5）。今回検出された株間の塩基配列の相同性は、GI.3が99.3~100%、GII.4(2006b)が96.5~100%、GII.4(2012)が99.7~100%、GII.17が100%であり、それぞれの参照株との塩基配列の相同性は、Desert 1990株（GI.3）とは90.7~91.1%、Den Haag 2006b株（GII.4）とは99.4~99.7%、Sydney 2012株（GII.4）とは99.7~100%、Kawasaki308株（GII.17）とは100%であった。

また、GII.17株については、Kawasaki308株がキメラウイルスであることから、RdRp領域の系統樹解析を併せて行った（図6）。その結果、GII.17株はすべてKawasaki308株と近縁であり、塩基配列の相同性は株間で99.7~100%であり、Kawasaki308株とは99.7~99.8%であった。

## D. 考察

2015年2月に採取された市販生カキからNoVの検索を行ったところ、様々な遺伝子型が検出された。用途別にみると加熱調理用生カキの方が生食用カキよりもNoV遺伝子が検出される割合が大きく、また、中腸腺1gあたりのNoV遺伝子量が多かった。これらのことから、環境中のNoV調査は生食用カキよりも加熱調理用生カキの方が適していることが示された。また、検出されたNoVの主な遺伝子型はGII.17であり、これは同時期に全国で流行していた遺伝子型と一致し（図7）、カキのNoV蓄積とヒトでのNoV流行状況に関連性があることが示された。生食用カキからもNoV遺伝子が検出されたため、NoVに起因する生食用カキによる食中毒をどのようにして防止するかが今後の課題であると考えられた。

Real-time PCR法及びNested RT-PCR法の2種類の方法を用いて検査したところ、Real-time PCR法で陰性と判定された検体（実測値<10）のうち、Nested RT-PCR法で陽性と判定されるケースがあり、より感度の高い検査法を開発する必要性が示唆された。また、Nested RT-PCR法で陽性となった検体のうち、塩基配列が決定



できなかったケースがあった。カキの中腸腺には複数の遺伝子型が含まれる場合があり、今後、複数の遺伝子型が混在する検体から、より簡便で正確な塩基配列を決定する方法を検討する必要があると考えられた。

2014/15 シーズンの間に、熊本県内で発生した感染性胃腸炎の散発事例及び集団事例から検出された NoV の遺伝子解析を行ったところ、GI. 3、GII. 4、GII. 17 の 3 種類の遺伝子型が検出された。これは、同シーズンにおいて全国で検出割合の大きかった NoV の遺伝子型と一致した。このことから、熊本県内で流行していた NoV は、全国で流行していた遺伝子型とほとんど一致しており、特に GII. 17 株については、全国的に流行していた株が熊本県でも流行していたと考えられた。

NoV は冬季に流行する感染性胃腸炎の主要な原因ウイルスとして注目されており、近年、流行における特定の遺伝子型の優位性や新型 NoV の出現等が確認されていることから、今後も継続して NoV の流行状況の把握及び分子疫学解析を行っていくことが重要である。

## E. 結論

2015 年 2 月に採取された市販生カキから NoV の検索を行ったところ、生食用及び加熱調理用生カキから NoV 遺伝子が検出され、主な遺伝子型は GII. 17 であり、同時期にヒト間で流行していた遺伝子型と一致した。生食用カキからも NoV 遺伝子が検出されたことから、NoV に起因した生食用カキによる食中毒をどのようにして防止するかが今後の課題である。

2014/15 シーズンの間に、熊本県内で発生した感染性胃腸炎散発事例及び集団事例から検出された NoV の遺伝子解析を行ったところ、3 種類の遺伝子型が検出され、同シーズンに全国的に流行した遺伝子型が熊本県でも流行していた。

## 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 カキからのNoV検出状況

ロット	用途	養殖地 (県-海域)	採取年月	番号	Noro GI			Noro GII		
					Real-time PCR*	Semi- nested PCR	遺伝子型	Real-time PCR*	Semi- nested PCR	遺伝子型
1	生食用	A-30	2015/2	①-1					+	GII.17
				①-2		+	GI.7		+	GII.21
				①-3				894	+	
2	生食用	D-2	2015/2	②-1					+	GII.17
				②-2					+	GII.17
				②-3					+	GII.17
3	生食用	D-2	2015/2	③-1					+	
				③-2					+	GII.13
				③-3					+	GII.17
4	生食用	B-1	2015/2	④-1				958	+	
				④-2					+	GII.17
				④-3					+	
5	加熱調理用	A-10	2015/2	⑤-1						
				⑤-2					+	GII.3
				⑤-3				1155	+	
6	加熱調理用	A-10	2015/2	⑥-1				1358	+	
				⑥-2		+	GI.3	3997	+	GII.17
				⑥-3				2041	+	GII.17

\* 中腸腺1gあたりのコピー数

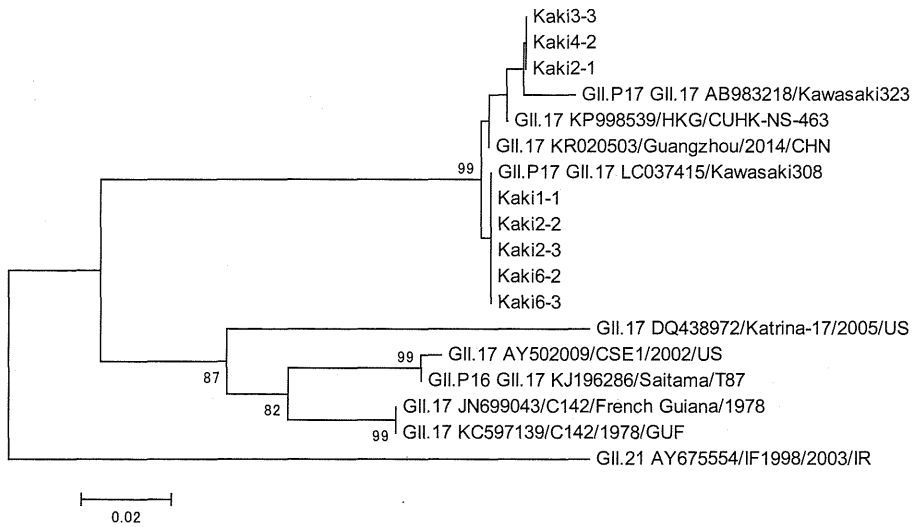


図1 NoV GII.17 のCap領域における系統樹(カキ)

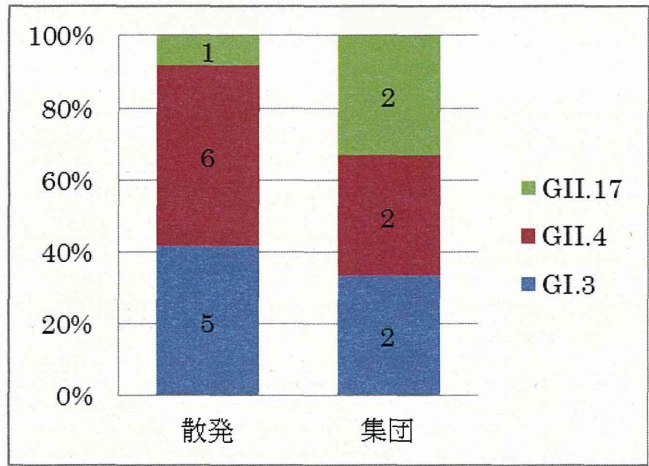


図2 2014/15 シーズンにおける熊本県散発・集団事例のNoV 検出状況

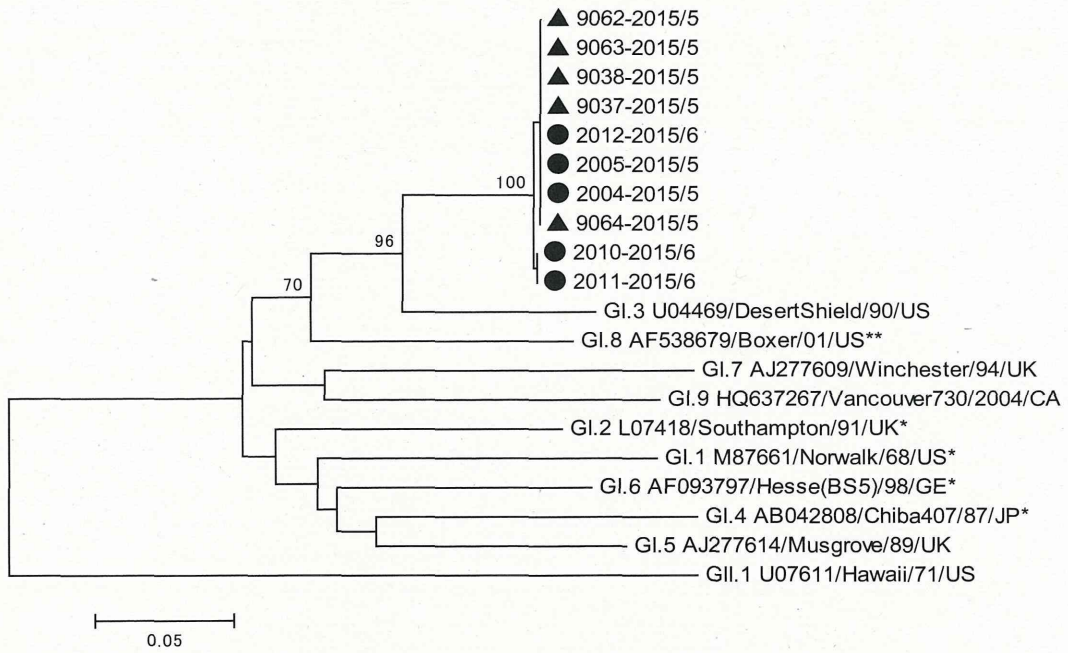


図3 NoV GI のCap 領域における系統樹  
 (● : 散発事例、▲ 集団事例)

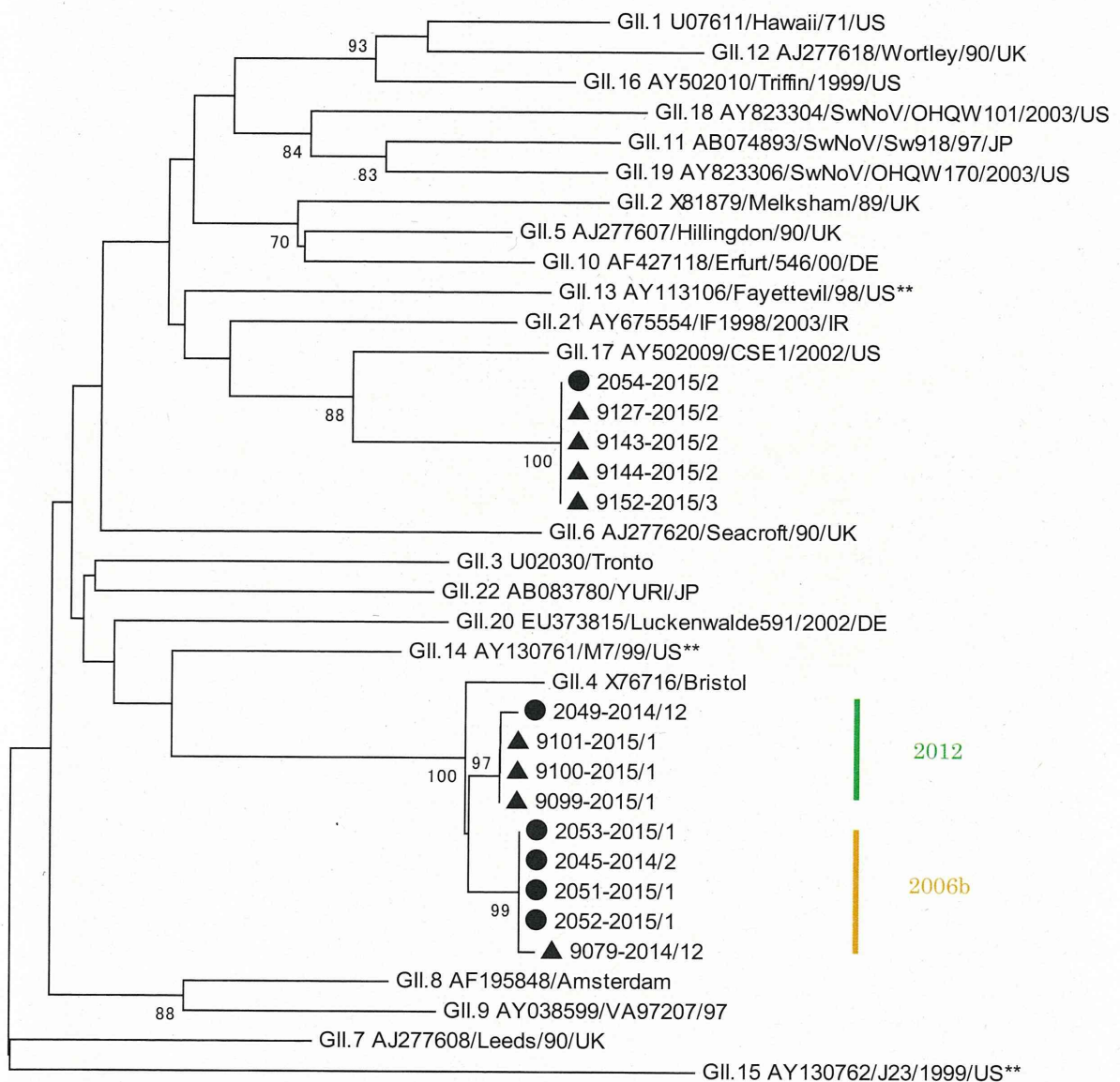


図4 NoV GII の Cap 領域における系統樹  
 (● : 散发事例、▲ 集団事例)

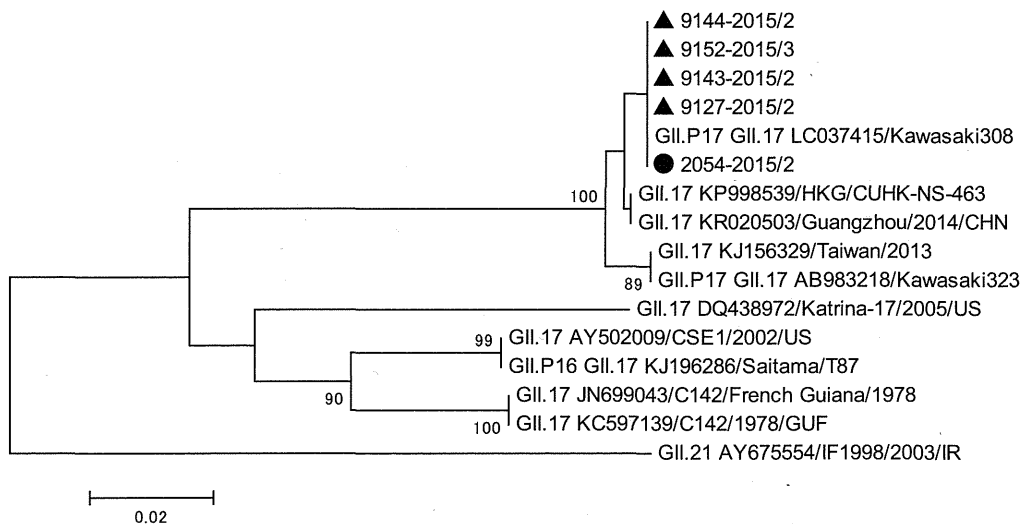


図5 NoV GII.17 の Cap 領域における系統樹

(● : 散発事例、▲集団事例)

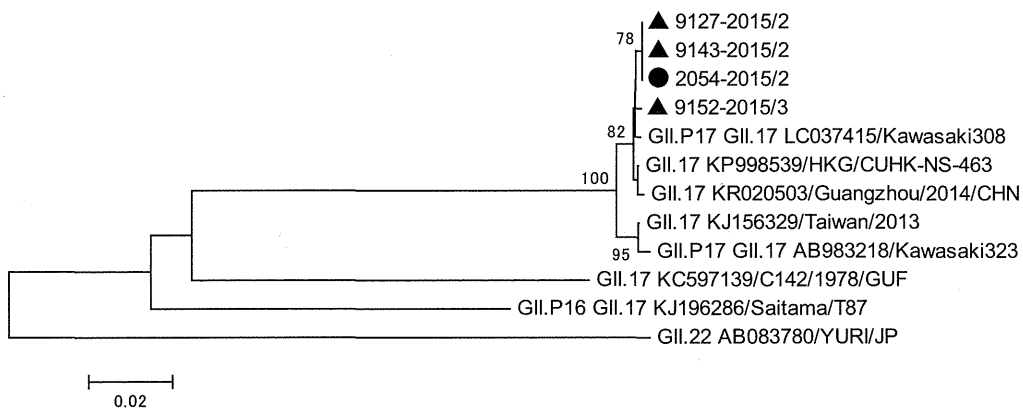


図6 NoV GII.17 の RdRp 領域における系統樹

(● : 散発事例、▲集団事例)



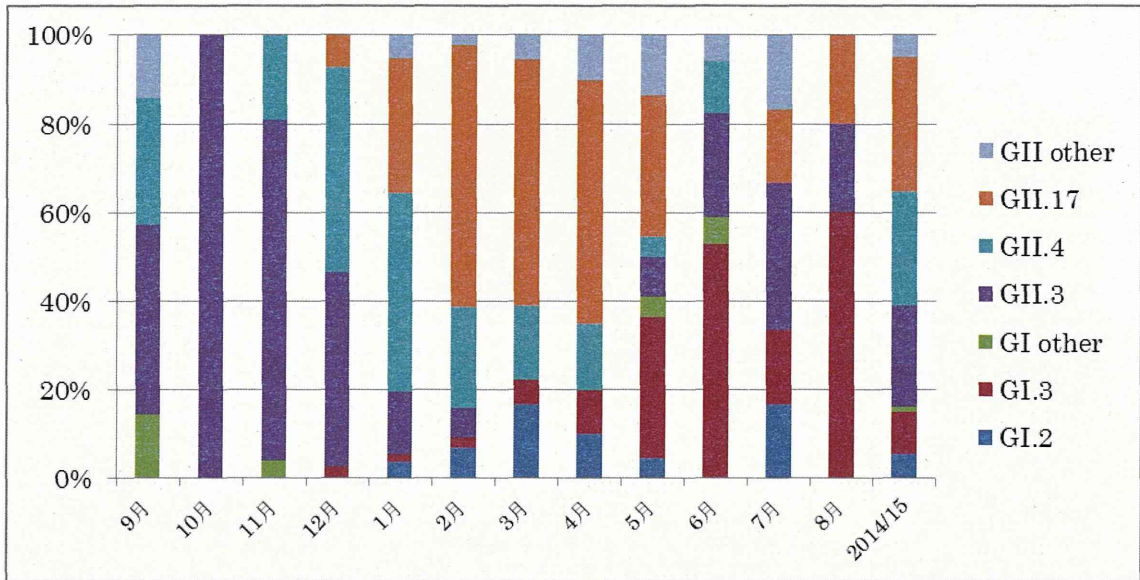


図7 2014/15 シーズンにおける全国集団事例の NoV 検出状況 (NESID より)

研究成果の刊行に関する一覧