

平成 28 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)
「ウイルスを原因とする食品媒介性疾患の制御に関する研究」
研究協力報告

東京都におけるノロウイルスを原因とした集団発生例での
遺伝子型の解析 (2013/14～15/16 シーズン)

研究協力者	宗村 佳子	東京都健康安全研究センター
研究協力者	森 功次	東京都健康安全研究センター
研究協力者	永野 美由紀	東京都健康安全研究センター
研究協力者	木本 佳那	東京都健康安全研究センター
研究協力者	小田 真悠子	東京都健康安全研究センター
研究協力者	奥津 雄太	東京都健康安全研究センター
研究協力者	秋場 哲哉	東京都健康安全研究センター
研究分担者	野田 衛	国立医薬品食品衛生研究所

研究要旨

ノロウイルス食中毒予防の基礎資料とするために、2013/14～15/16 シーズンの東京都における集団発生例から検出されたノロウイルスの遺伝子型を解析した。その結果、2013/14 シーズンにおいては GII.4 が 55.1% (108/196) の事例から検出され最多であったが、2014/15 及び 2015/16 シーズンにおいては GII.17 がそれぞれ 33.1% (83/251)、42.6% (83/195) から検出され、最多遺伝子型となった。検出された GII.17 のうち、85 例について全長解析を行なったところ、全て GII.P17-GII.17 であり、85 例中 82 例は系統樹上、Hu/GII.P17-GII.17/Kawasaki308/2015/JP (Kawasaki308 株) と同一のクラスターに属していた。

A. 研究目的

ノロウイルス(NoV)は代表的な胃腸炎感染症原因ウイルスであり、NoV の遺伝子型の把握は、長期的な疫学解析において有用である。今回、NoV 食中毒予防の基礎資料とするために、2013/14～15/16 の過去 3 シーズンに東京都内で検出され

た NoV について、その遺伝子型を解析したので報告する。

B. 研究方法

1. 材料

2013/14～15/16 シーズンに食中毒あるいは施設内感染が疑われ、胃腸炎ウイ

ルス検査の依頼があったもののうち、NoV が陽性となった 672 事例 959 検体（患者糞便等）から抽出した RNA を材料とした。

2. 方法

N/S 領域の塩基配列をダイレクトシーケンスにより決定し、Norovirus Genotyping Tool Version 1.0 により遺伝子型を分類した。また、GII.17 が検出された検体うち 85 例については全長の塩基配列を調べた。

（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. 結果

NoV 陽性事例は 2013/14 シーズンは 196、2014/15 シーズンは 251、2015/16 シーズンは 195 事例であった（図 1）。遺伝子型別検出状況を見ると、GII.4 は 2013/14 シーズンには 55.1%（108/196）と半数以上を占めていたが、2014/15、2015/16 シーズンではそれぞれ 21.1%（53/251）、25.1%（49/195）と検出割合が減少した。これに対し、GII.17 は 2013/14 シーズンにはわずか 2 例（1.0%）の検出であったが、次の 2014/15 シーズンには 33.1%（83/251）、さらに 2015/16 シーズンでは 42.6%（83/195）から検出され、この 2 シーズンにおいては最多遺伝子型となった。GII.17 検出例のうち全長解析を行った 85 例は全て GII.P17-GII.17 であり、VP1 の全長による系統樹解析の結果、3 例が

Hu/GII.P17-GII.17/Kawasaki323/2014/JP(Kawasaki323 株)と同一のクラスターに属していたが、82 例は Hu/GII.P17-GII.17/Kawasaki308/2015/JP (Kawasaki308 株) と同一のクラスターに属していた。Kawasaki323 株と同一のクラスターに属していた検体は 2013/14 シーズンに検出された 2 例と 2015 年 8 月に検出された 1 例であった。GII.17 の検出状況を月別に辿ると、2014/15 は、シーズン当初にはわずか 1 例のみしか検出されていなかったが、2015 年 1 月以降に検出例が急増していた。2015/16 シーズンにおいても同様に、9 月から 12 月までは 9 例しか検出されていなかったが、2016 年 1 月以降に検出例が増加し、シーズンを通して 83 例が検出された。GII.17 は、2 シーズン続けて、検出数のピークが 1 月以降と他の遺伝子型と比較して遅いが、シーズンを通して積算すると検出数が最多となった。

D. 考察

2015 年以降、NoV の新規遺伝子型 GII.P17-GII.17 の流行が世界的な話題となり、国内および海外諸国で本遺伝子型の流行が広く報告されている。今回、東京都における過去 3 シーズンの GII.17 の流行状況について解析を試みたが、今回の結果から、東京都においても同様に GII.P17-GII.17 が 2014/15 シーズン以降流行していたことが確認された。Kawasaki308 は、Kawasaki323 よりも時系列進化の観点から新しい株とされ、GII.17 は、Kawasaki323 から、Kawasaki308 の亜株に進化したこと、

2014/15 から 2015/16 の 2 シーズンにおいて、流行を維持していたと考えられた。2016/17 シーズンにおいても引き続き検出状況を注意深く見守る必要がある。GII.17 の検出が他の遺伝子型 (GII.4) に比し、やや遅れて増加し始める点についてはまだ十分な考察ができていない。今後、様々な角度から検証を試み NoV の流行状況の解明に役立てたい。

E. 結論

2013/14 シーズンにおいて、東京都で最も多く検出された NoV の遺伝子型は GI.4 であった (55.1%) が、14/15 及び 15/16 シーズンにおいては GI.17 がそれぞれ 33.1% (83/251)、42.6% (83/195) から検出され、最多遺伝子型となった。検出された GI.17 のうち、85 例について全長解析を行なった結果、全て GI.P17-GI.17 であり、大多数は Kawasaki308 株と同一のクラスターに

属していた。

F. 研究発表

1. 論文発表

- 1) 宗村佳子:東京都におけるノロウイルス検出状況(2015)、食品衛生学雑誌,57(6):194-96(2016)
- 2) 宗村佳子,木本佳那,小田真悠子,奥津雄太,秋場哲哉,貞升健志、IASR,38(1):5-6(2017)

2. 学会発表

- 1) 宗村佳子:東京都におけるノロウイルス検出状況(2015).第 111 回食品衛生学会学術講演会シンポジウム

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

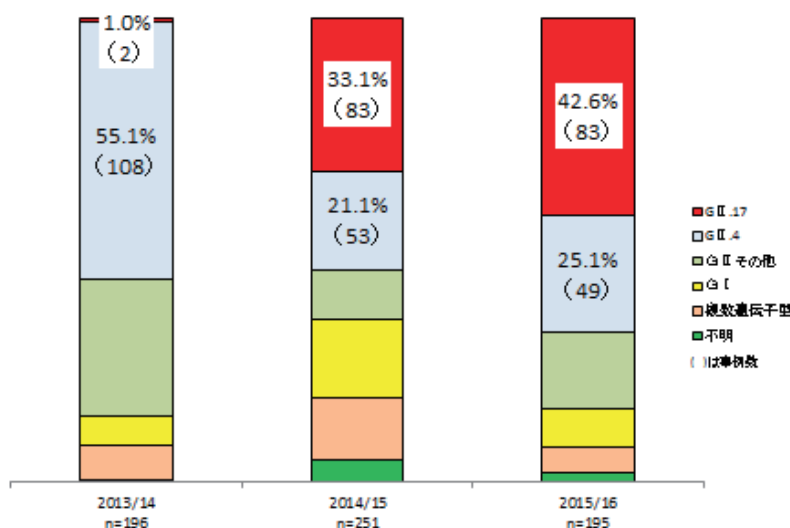


図1 検出されたNoV遺伝子型の割合 (2013/14～15/16シーズン、東京都)