

平成 29 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

東京都内におけるノロウイルスを原因とした食中毒疑い事例等での
遺伝子型解析(2016/17 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 | 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 | 新開 敬行 | 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

2016/17 シーズンの東京都におけるノロウイルス(NoV)を原因とした食中毒疑い等の集団発生事例 210 例において、検出された遺伝子型を解析した。その結果、GII.2 が 65.7% (138/210) の事例から検出され最多となり、次いで GII.17 が 11.9%(25/210)、GII.4 が 9.0%(19/210)から検出された。NoV の検出はシーズン当初の 11 月から急激に増加し 12 月に検出がピークとなった。2017 年 2 月には、学校給食で提供された「刻みのり」を原因とした大規模な食中毒が東京都内で 4 事例発生したが、その遺伝子型は GII.P17_GII.17 であり事例間および刻みのりと患者間でその配列は一致した。本事例においては、遺伝子解析による相同性の確認が解決の一助となったと考えられた。

A. 研究目的

ノロウイルス(NoV)は代表的な胃腸炎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、2016/17 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

2016/17 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 210 事例の患者糞便等から抽出した RNA を材料とした。

2. 方法

VP1 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により遺伝子型を分類した。GII.2については *RdRp* 領域の解析も実施した。

(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

遺伝子型別検出状況を見ると、GII.2 が 65.7% (138/210) の事例から検出されシーズンを通して最多となった。*RdRp* 領域の解析により検出された GII.2 は全て GII.P16_GII.2 (GII.2 変異株) であることが明らかとなった。GII.2 は保育園等の小児集団での事例から多く検出されたが、2016年12月に発生したパーティー参加者76名が発症した食中毒事例や2017年1月に特別養護老人ホーム2か所で発生した食中毒事例等の成人からも検出された。

一方、前シーズンおよび前々シーズンでは最多検出型となっていた GII.17 は、2016/17 シーズンには検出割合が 11.9%(25/210)にまで減少したが、2017年2月に東京都内で発生した学校給食で提供された「刻みのり」を原因とした食中毒4事例においては GII.17 が検出された。

このほかに、GII.4 が 9.0%(19/210)、GII.6 が 4.3%(9/210)から検出された。GI は3事例、GI と GII の両方が検出された事例は4事例であった。

D. 考察

東京都において 2016/17 シーズンでは

GII.2 が主要流行遺伝子型となったが、病原微生物検出情報(国立感染症研究所)によると、2016/17 シーズンでは GII.2 は最多検出数となっており、全国的な傾向であったと考えられる。検出された GII.2 は全て GII.2 変異株であったが、ドイツや中国等からも GII.2 変異株によるアウトブレイクが報告されており、新たな変異株が世界各国で流行していたと考えられる。過去において、新規遺伝子や変異型の出現は大規模な NoV 流行を引き起こしていることから遺伝子型については今後とも注視すべきである。

2017年2月に発生した「刻みのり」食中毒(4事例合計での喫食者は4,209名、患者は1,193名)は意外な食材を原因としていたことや、規模の大きさなどから社会的関心も高い事例となった。GII.17 が流行していない状況下で4事例ともに GII.17 が原因ウイルスであり、その塩基配列が事例間ならびに刻みのりと患者の間でも一致したことも感染源を特定する有力な根拠の一つとなった。また、本事例に関しては、同一刻みのりの関与した事例が複数の自治体においても発生していたことが確認されたが、遺伝子型の一致が関連を探知する根拠の一つとなった。厚生労働省通知「食中毒対策の推進について」(平成28年4月1日付け生食監発0401第1号)にもあるように、NoV 食中毒において遺伝子型等の分子疫学情報の充実は原因究明や予防をより一層推進する上で必要である。今後は、単一事例内の感染源の特定だけにとどまらず、「広域に散在」している可能性がある複数事例の感染源究明に向け、分子疫学的情報を活用し事例間の関連性の有

無を迅速に察知できるようなシステム構築が必要と思われる。そのような観点においても、今後、遺伝子解析が NoV 食中毒予防に果たす役割について様々な角度から検証を試みたい。

E. 結論

2016/17 シーズンにおいて、東京都での NoV の検出はシーズン当初の 11 月から急激に増加し 12 月に検出がピークとなった。最も多く検出された NoV の遺伝子型は GII.2 であった (65.7%)。これに対し、GII.17 は検出例が減少した(11.9%)。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ばかりでなく、食中毒事例間の関連性や原因食品を究明する上でも重要な情報であると考えられた。

F. 研究発表

1. 論文発表

- 1) 宗村 佳子, 木本 佳那, 小田 真悠子, 永野 美由紀, 奥津 雄太, 森 功次,

秋場 哲哉, 貞升 健志 : 拭き取り検体からのノロウイルス遺伝子検出状況. 食品衛生学雑誌, 58(4), 201-204(2017)

- 2) 宗村 佳子, 木本 佳那, 小田 真悠子, 奥津 雄太, 加藤 玲, 鈴木 康規, 齊木 大, 平井 昭彦, 秋場 哲哉, 新開 敬行, 貞升 健志 : 学校給食で提供された刻みのりによるノロウイルス食中毒. 食品衛生学雑誌, 58(6), 260-267(2017)

2. 学会発表

- 1) 宗村佳子:ノロウイルス食中毒一刻み海苔を原因とした大規模な即中毒事例を踏まえー. 第 113 回食品衛生学会学術講演会, 東京, 2017 年 11 月 10 日

G. 知的財産権の出願・登録状況

1. 実特許取得 : なし
2. 用新案登録 : なし
3. その他 : なし

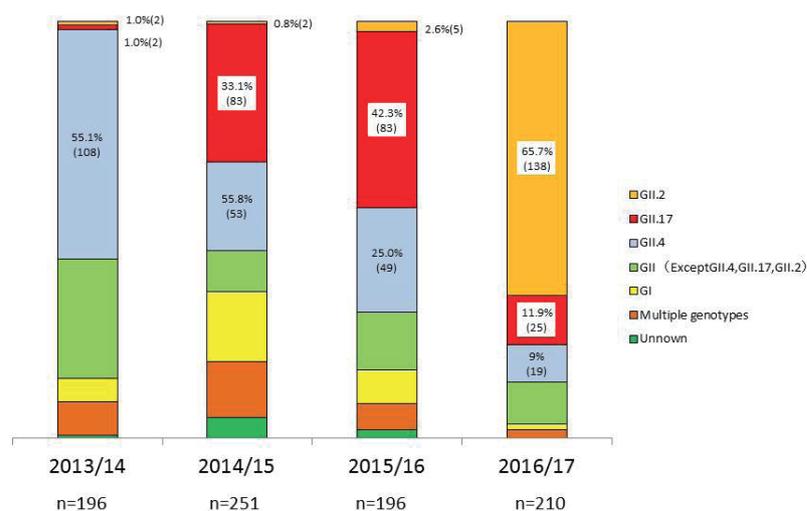


図 検出されたNoV遺伝子型の割合 (2013/14～2016/17シーズン、東京都)