

「食中毒原因ウイルス等の汎用性を備えた検査法と制御を目的とした  
失活法の開発のための研究」

分担研究報告書

ノロウイルスの疫学動向の解析

研究分担者	木村 博一	群馬パース大学大学院保健科学研究科
研究協力者	高橋 知子	岩手県環境保健研究センター 保健科学部
	水越 文徳	栃木県保健環境センター 微生物部
	本谷 匠	茨城県衛生研究所 ウイルス部
	花田 三四郎	群馬パース大学 医療技術学部 臨床工学科
	倉井 大輔	杏林大学 医学部 総合医療学教室（感染症科）

**研究要旨** 本邦におけるノロウイルスの疫学動向を把握するために、過去5年間（2018～2022年）の遺伝子群・遺伝子型別 NoV 検出・報告状況に関する研究を行った。その結果、過去5年間においては、GII が GI に比し多く検出された。また、GI においては、GI.2、GI.3、GI.4 ならびに GI.7、GII においては、GII.2、GII.4、GII.6 ならびに GII.17 が多く検出・報告されていた。さらに、2020年以降、一部の遺伝子型の NoV を除き、それ以前に比し、検出報告数が激減した。これは、インフルエンザなどと同様に新型コロナウイルス感染症の出現によるものと推定された。

**A. 研究目的**

ノロウイルス (NoV) は、急性胃腸炎を引き起こす主要な下痢症ウイルスであり、新型コロナウイルスやインフルエンザと同様にパンデミックを引き起こすことが知られている。現在まで、NoV の遺伝子型は、30 以上報告されているが、主流遺伝子型はシーズンごとに異なることも示唆されている[ref]。そこで、本研究においては、直近の NoV 疫学動向研究の一環として、過去5年間に国内で検出された NoV の遺伝子群・遺伝子型別検出状況に関する研究を行った。

**B. 研究方法**

**1. 遺伝子群・遺伝子型別 NoV 検出データ**  
各年の遺伝子群・遺伝子型別の NoV 検出データは、国立感染症研究所のデータベースから取得し、集計した。

参照 WEB（前出）：

<https://www.niid.go.jp/niid/ja/norovirus-m/2082-idsc/iasr-noro/5701-iasr-noro-150529.html>

**C. 研究結果**

**1. 過去5年間に本法で検出・報告された遺伝子群・遺伝子型別 NoV 検出状況を表1に示す。**まず、GII が GI に比し多く検出された。次に、遺伝子群 GI においては、GI.2、GI.3、GI.4 ならびに GI.7 が多く検出・報告されていた。GII においては、GII.2、

GII.4、GII.6 ならびに GII.17 が多く検出・報告されていた。さらに、2020年以降、一部の遺伝子型の NoV を除き、それ以前に比し、検出報告数が減少した。

**D. 考察**

既報によれば、2006/07 シーズンに GII.4 が出現後、当該遺伝子型はパンデミックを引き起こした。また、当該遺伝子型の変異株 (variant) が数シーズンごとに出現し、約10年間 GII.4 が主に流行した。しかし、2016/17 シーズンには、GII.2 (GII.P16-GII.2 変異株) が主流型となった。さらに、2013/14 シーズン以降、新型 NoV と推定される GII.17-GII.17 が出現し、食中毒事例を中心に、当該遺伝子型が多く検出されている。

今回のデータにおける特徴として、まず、GI ならびに GII において、複数の遺伝子型が2018年と2019年に検出される一方、各遺伝子型の検出報告数には変動がみられた。

GI においては、2018年には、GI.2、GI.3、GI.4 ならびに GI.7 が多く検出されたが、2019年以降それらの遺伝子型の検出報告数が減少した。また、GII においては、2018～2019年にかけて、GII.2、GII.4 ならびに GII.17 が多く検出されたが、2020年以降、当該遺伝子群の NoV 検出報告数が大きく減少した。特に、2022年はこの傾向が顕著であった。既報によれば、新型コロナウイルス感染症の出現後、イン

フルエンザや RS ウイルス感染症をはじめとする季節性の流行傾向が強い感染症の流行動態に変化がみられている。特に、この傾向は、2020 年に顕著にみられているが、2021 年以降、RS ウイルス感染症報告数が過去 10 年間で最大級になるなど、各感染症の流行動態の変化も見られている。よって、ノロウイルス感染症においても、今後の流行動態の変化に十分な注意が必要であると思われる。

#### E. 結論

本邦における過去 5 年間（2018～2022 年）の遺伝子群・遺伝子型別 NoV 検出・報告状況に関する研究を行った。その結果、過去 5 年間においては、GII が GI に比し多く検出された。また、GI、GII とも特定の遺伝子型（GI.2、GI.3、GI.4 ならびに GI.7；GII.2、GII.4、GII.6 ならびに GII.17）が多く検出・報告された。さらに、2020 年以降、一部の遺伝子型の NoV を除き、それ以前に比し、検出報告数が激減したが、これは、インフルエンザなどと同様に新型コロナウイルス感染症の出現によるものと推定された。

#### F. 健康危険情報

なし。

#### G. 研究発表

##### 1. 論文発表

Kimura Y, Shin J, Nakai Y, Takahashi M, Ino Y, Akiyama T, Goto K, Nagata N, Yamaoka Y, Miyakawa K, Kimura H, Ryo A. Development of Parallel Reaction Monitoring Mass Spectrometry Assay for the Detection of Human Norovirus Major Capsid Protein. *Viruses*. 2022 Jun 28;14(7):1416. doi: 10.3390/v14071416.

Honjo S, Kuronuma K, Fujiya Y, Nakae M, Ukae S, Nihira H, Yamamoto M, Akane Y, Kondo K, Takahashi S, Kimura H, Tsutsumi H, Kawasaki Y, Tsugawa T. Genotypes and transmission routes of noroviruses causing sporadic acute gastroenteritis among adults and children, Japan, 2015-2019. *Infect Genet Evol*. 2022 Oct;104:105348. doi:10.1016/j.meegid.2022.105348.

##### 2. 学会発表

なし。

#### H. 知的財産権の出願・登録状況 (予定を含む。)

##### 1. 特許取得

なし。

##### 2. 実用新案登録

なし。

##### 3. その他

なし。

表1. 過去5年間に国内で検出された遺伝子群・遺伝子型別ノロウイルス

	2018年	2019年	2020年	2021年	2022年	Total (each genotype)
GI.1	2		1	1	1	5
GI.2	54	49	1	2		106
GI.3	25	2	2		3	32
GI.4	19	2	28	11		60
GI.5	5	1	5	1	1	13
GI.6	9	19		11	2	41
GI.7	40	6	1	1		48
GI.9	1		38			39
GI total (each genotype)	155	79	76	27	7	344
GII.1	5	7	1			13
GII.2	634	368	215	353	128	1698
GII.3	72	251	42	16	13	394
GII.4	478	531	267	249	326	1851
GII.5	2					2
GII.6	47	93	27	8	1	176
GII.7	6					6
GII.8	3	11	1		1	16
GII.10		4				4
GII.13	2		1			3
GII.14	1	2	2			5
GII.17	140	67	70	42	21	340
GII.22				1		1
GII total (each gnotype)	1390	1334	626	669	490	4509