

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」

総合研究分担報告（令和 4～6 年度）

ノロウイルスの疫学動向の解析（2018/25シーズン）

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	国立感染症研究所ウイルス第三部
	本谷 匠	茨城県衛生研究所 ウイルス部
	永田 紀子	茨城県衛生研究所 企画情報部
	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）
	田中 良太	杏林大学 医学部 呼吸器・甲状腺外科学
	五十嵐 映子	福井県健康福祉部健康医療局医薬食品・衛生課

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、2018～2025 年 3 月までの遺伝子群・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、2020～2022 年まで、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。しかし、2023 年以降、再び GII. 4 をはじめとする遺伝子型の NoV 検出が多くなりつつある。また、2024 年度においては、過去にほとんど検出されなかった GII. 7 が多く検出されている。さらに、2025 年初頭より、GII. 4 ならびに GII. 17 の両遺伝子型が多く検出されるようになった。本邦において、新型コロナウイルス感染症が感染症法上、5 類移行に伴い、インフルエンザを含め、種々のウイルス感染症の動向が変化しているが、NoV 感染症の動向も他の感染症と同様に変化している可能性が示唆された。

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、約 40 種類報告されているが、主流行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 7 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

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://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/graphdata/040/index.html>

C. 研究結果

1. 過去 7 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。その結果、過去 7 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、2020～2022 年まで、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。しかし、2023 年以降、再び GII. 4 をはじめとする遺伝子型の NoV 検出が多くなりつつある。また、2024 年度においては、過去にほとんど検出されなかった GII. 7 が多く検出されている。さらに、2025 年初頭より、GII. 4 ならびに GII. 17 の両遺伝子型が多く検出されるようになった。

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、感染性胃腸炎の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。しかし、2023 年以降、再び GII. 4 をはじめとする遺伝子型の NoV 検出が多くなりつつある。また、2024 から 2025 年前半まで、過去にほとんど検出されなかった GII. 7 が多く検出されていた。さらに、2025 年初頭より、GII. 4 ならびに GII. 17 の両遺伝子型が多く検出されるようになり、2 月以降、これらの遺伝子型が原因と思われる食中毒事例が多発している。本邦において、新型コロナウイルス感染症が感染症法上、5 類移行に伴い、他の感染症と同様、NoV 感染症の動向も変化している可能性がある。よって今後の動向に注意が必要である。

E. 結論

本邦における過去 5 年間（2018～2025 年 3 月）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。2024 年以降、過去にほとんど検出されなかった GII. 7 が多く検出されている。さらに、2025 年初頭より、GII. 4 ならびに GII. 17 の両遺伝子型が多く検出されるようになった。

本邦において、新型コロナウイルス感染症が感染症法上、5 類移行に伴い、インフルエンザを含め、種々のウイルス感染症の動向が変化しているが、NoV 感染症の動向も他の感染症と同様に変化している可能性があることが示唆された。

F. 健康危険情報

該当なし

G. 研究発表

1. 論文発表

- 1) 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, 14(7):1416.
- 2) 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, 104:105348.
- 3) Takahashi T, Kimura R, Shirai T, Sada M, Sugai T, Murakami K, Harada K, Ito K, Matsushima M, Mizukoshi F, Okayama K, Hayashi Y, Kondo M, Kageyama T, Suzuki Y, Ishii H, Ryo A, Katayama K, Fujita K, Kimura H. Molecular Evolutionary Analyses of the RNA-Dependent RNA Polymerase (*RdRp*) Region and *VP1* Gene

in Human Norovirus Genotypes GII.P6-GII.6 and GII.P7-GII.6. *Viruses*. 2023, 15(7): 1497.

- 4) Mizukoshi F, Kimura R, Shirai T, Hirata-Saito A, Hiraishi E, Murakami K, Doan YH, Tsukagoshi H, Saruki N, Tsugawa T, Kidera K, Suzuki Y, Sakon N, Katayama K, Kageyama T, Ryo A, Kimura H. , Molecular Evolutionary Analyses of the RNA-Dependent RNA Polymerase (RdRp) Region and VP1 Gene in Sapovirus GI.1 and GI.2. *Microorganisms*, 2025, 13(2):322.

2. 学会発表

なし

H. 知的財産権の出願・登録

1. 特許取得：なし
2. 実用新案登録：なし
3. その他：なし

表1. 各年に検出されたNoVの遺伝子型（2018～2025年3月まで）

遺伝子型\年代	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025
GI. 1	2	－	1	1	1	－	18	9
GI. 2	54	49	1	2	－	10	1	－
GI. 3	25	2	2	－	3	6	8	3
GI. 4	19	2	28	11	－	－	5	－
GI. 5	5	1	5	1	1	－	0	－
GI. 6	9	19	－	11	2	3	8	－
GI. 7	40	6	1	1	－	2	0	－
GI. 9	1	－	－	－	－	－	－	－
GII. 1	5	7	1	－	－	－	－	－
GII. 2	634	368	215	379	134	254	53	1
GII. 3	72	251	42	16	16	67	93	3
GII. 4	478	531	267	265	336	513	426	38
GII. 5	2	－	－	－	－	－	－	－
GII. 6	47	93	27	9	2	38	19	10
GII. 7	6	－	－	－	－	40	275	12
GII. 8	3	11	1	－	1	－	0	－
GII. 10	－	4	－	－	－	－	－	－
GII. 13	2	－	1	－	－	1	－	－
GII. 14	1	2	2	－	－	－	－	－
GII. 17	140	67	70	44	21	21	35	142