

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」

分担報告書

ノロウイルスの疫学動向の解析（2024/25 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
	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

直近の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、2024～2025 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、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. 3, GII. 4, GII. 6, GII. 7 ならびに GII. 17 が多く検出・報告された。特に、2024 年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。また、小児の感染性胃腸炎の流行時期が遅く（2 月以降）、GII. 4 と GII. 17 の両遺伝子型が多く検出されるようになり、これらの遺伝子型による感染性胃腸炎や食中毒事例が多発していたことが推定される。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、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。

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、2024～2025 年 3 月

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）：
[37](https://id-</p></div><div data-bbox=)

info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/graphdata/040/index.html

C. 研究結果

調査期間中、GIにおいては、GI.2, GI.3, GI.4ならびにGI.7が多く検出された。また、GIIにおいては、GII.2, GII.3, GII.4, GII.6, GII.7ならびにGII.17が多く検出・報告された。特に、2024年には、過去にほとんど検出されなかったGII.7が多く検出された。また、2024/25シーズンは、小児の感染性胃腸炎の流行時期がずれ込み（2月以降）、GII.4とGII.17の両遺伝子型が多く検出され、これらの遺伝子型による感染性胃腸炎や食中毒事例が多発していたことが推定される。本邦においては、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。

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。本年度の研究結果の特徴として、GIIにおいては、GII.2, GII.3, GII.4, GII.6, GII.7ならびにGII.17が多

く検出・報告された。特に、2024年は過去にほとんど検出されなかったGII.7が多く検出された。また、2024/25シーズンは、小児の感染性胃腸炎の流行時期がずれ込み（2月以降）、GII.4とGII.17の両遺伝子型が多く検出され、これらの遺伝子型による感染性胃腸炎や食中毒事例が多発していたことが推測される。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、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ことが示唆されており、これらと同様にNoV感染症の動向も変化している可能性がある。よって引き続き今後のNoV感染症の流行動向にも注意が必要である。

E. 結論

GIにおいては、GI.2, GI.3, GI.4ならびにGI.7が多く検出された。GIIにおいては、GII.2, GII.3, GII.4, GII.6, GII.7ならびにGII.17が多く検出・報告された。特に、2024年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。また、小児の感染性胃腸炎の流行時期が遅く（2月以降）、GII.4とGII.17の両遺伝子型が多く検出されるようになり、これらの遺伝子型による感染性胃腸炎や食中毒事例が多発していたことが推定される。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、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。よって、今後のNoV感染症の動向には注意が必要である。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

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・登録状況

1. 特許取得：なし

2. 実用新案登録：なし

3. その他：なし