

# 埼玉県におけるウイルスを原因とする食中毒関連検査状況（2016年度）

峯岸俊貴 富岡恭子 鈴木典子 貫洞里美 小川泰卓 中川佳子 内田 和江 篠原美千代 岸本剛

Inspection of Food Poisoning Related in Saitama (April 2016 - March 2017)

Toshitaka Minegishi, Kyoko Tomioka, Noriko Suzuki, Satomi Kando, Yasutaka Ogawa,  
Keiko Nakagawa, Kazue Uchida, Michiyo Shinohara, Tsuyoshi Kishimoto

## はじめに

ノロウイルス (NoV) はウイルス性食中毒の主要な病原体であり、毎年多くの事例が報告されている。当所においても毎年冬に多くの事例が発生し、その詳細な解析を実施している。今回、2016年度の当所における食中毒関連検査について解析した結果を報告する。

## 対象および方法

2016年4月から2017年3月の間に食中毒疑いとして搬入された糞便検体112事例、638検体について、病原ウイルスが確定しており、そのウイルスの検査依頼があった場合はそのウイルスの検査を、病原ウイルスが未確定の場合は、NoV GI 及び GII について検査を実施した。また一部の検体については、保健所の依頼に基づきサポウイルス (SaV)、ロタウイルス (RoV) A 群, C 群, アストロウイルス (AstV)、アデノウイルス (AdV) 40/41 型についても検査を実施した。

検査法はリアルタイム (RT) PCR法により遺伝子検出を行った<sup>1,2,3</sup>。また、NoV陽性となった事例については、各事例従業員及び患者1~2検体について、RdRp領域からN/S領域についてダイレクトシーケンス法にて遺伝子配列を決定し、RdRp領域及びN/S領域についてMEGA6 (<http://evolgen.biol.se.tmu.ac.jp/MEGA/>) を用いて系統樹解析を行った。なお、得られた配列をNorovirus Genotyping Tool (<http://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>) を使用し型別を行った。型別についてはProposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping<sup>4</sup>の推奨表記法に準じ、遺伝子群. RdRp遺伝子型-遺伝子群. VP遺伝子型のように記載した。

## 結果及び考察

### 1 遺伝子検出結果

2016年度の食中毒関連検査件数について表1に示した。NoV GI と GII の両方が検出された検体はそれぞれに集計し

表1 食中毒関連検査件数

月	検体受付 の事例数	県内事例										関連調査事例				
		事例数*	患者 検体数	検出ウイルス			従事者 検体数	検出ウイルス			事例数*	患者 検体数	検出ウイルス			
			GI	GI	その他		GI	GI	その他			GI	GI	その他		
2016年4月	8	3(1)	13	5**	1**	0	3	0	0	0	5(2)	15	0	2	0	
5月	13	3(1)	11	0	3	0	11	0	0	0	10(3)	19	2	2	1(SaV)	
6月	12	1	15***	0	0	0	3	0	0	0	11(3)	41	2	6	5(SaV)	
7月	7	2	13	0	0	0	4	0	0	0	5	25	0	0	0	
8月	6	2	15	0	0	0	2	0	0	0	4(2)	14	6	2	0	
9月	4	4	7	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	0	0	
10月	6	6(3)	34	0	20	0	26	0	3	0	0	0	0	0	0	
11月	19	9(6)	39	0	25	0	26	0	6	0	10(9)	33	0	20	0	
12月	22	7(6)	59	0	54	0	42	0	8	0	15(13)	52	5	42	0	
2017年1月	2	1(1)	8	0	8	0	23	0	3	0	1(1)	1	0	1	0	
2月	6	1(1)	5	0	5	0	10	0	3	0	5(3)	47	36	6	0	
3月	7	2(1)	3	0	0	1(RoV)	0	0	0	0	5(5)	7	0	7	0	
計	112	41(20)	222	4	115	1	162	0	23	0	71(41)	254	51	88	6	

\* ( )内陽性事例数再掲。

\*\* GI, GIIの両方が検出された検体は、それぞれに集計した。GI+GII:1検体

\*\*\* 非発症者2件を含む

GI : NoVGI

GI : NoVGII

RoV : Rotavirus A

SaV : Sapovirus

た。また、非発症者は患者に集計した。

2016年度は、県内発生事例41事例384検体、県外発生の関連調査事例（以下、関連調査事例という）71事例254検体の検査を実施した。県内発生事例384検体の内訳は、患者220検体、調理従事者162検体であり、非発症者が2検体あった。このうち10月発生の1事例と11月発生の1事例に対し行政処分が行われた。

NoVは、県内発生事例では10～12月を中心に4月、5月及び10～2月に検出され、6～9月の間はウイルスの検出はなかった。4月の事例では1検体からNoVGI及びGIIの両方が検出された。それ以外の事例からはすべてNoVGIIが検出された。一方、関連調査事例では11～12月を中心に4～6月、8月及び11～3月に検出され、7、9、10月の検出はなかった。12月に生ガキを喫食した事例があり、NoVGIが検出された検体と、GIIが検出された検体が混在していた。5、6、8、12、2月に散発的にNoVGI検出事例が6事例あったが、それ以外の事例ではNoVGIIが検出された。

SaVは県内発生事例2事例15検体、関連調査事例3事例22検体について検査を実施し、関連調査事例2事例6検体から検出された。それぞれ5月と6月に1事例ずつの発生であった。

RoVは県内発生事例2事例15検体、関連調査事例2事例17検体について検査を実施し、3月に発生した県内発生事例1事例1検体からRoVA群が検出された。

AstVは県内発生事例1事例13検体、関連調査事例2事例17検体について、Adv40/41型は関連調査事例1事例3検体についてそれぞれ検査を実施し、いずれのウイルスも検出されなかった。

## 2 NoV 遺伝子型別と系統樹解析

県内発生事例19事例48検体、関連調査事例41事例47検体についてNoV遺伝子型別を実施した。検出されたNoV遺伝子型を表2に示した。NoVGIは6種類、NoVGIIは8種類の遺伝子型が検出された。

GII.P16-GII.2が県内発生事例13事例、関連調査事例20事例から検出され、主流株となった。その他にGII.P12-

GII.3は県内発生事例3事例、関連調査事例2事例から、GII.P17-GII.17は県内発生事例1事例、関連調査事例6事例から検出と多かった。

GIはGI.P2-GI.2、GI.P3-GI.3、GI.Pb-GI.6が2事例ずつから検出された。事例数が少なく、特に流行した型は見られなかった。

4月に発生したNoVGI、GII混合感染事例では1人の患者からGI.P2-GI.2、GI.P6、GII.P16-GII.13の3種類の遺伝子型が検出されたが、他の患者からは全てGI.P2-GI.2が検出された。12月に発生した生ガキによるNoVGI、GII混合感染事例では、事例としてはGI.P3-GI.3とGII.P16-GII.2の混合感染であったが、1人の患者から複数の遺伝子型が検出されることはなかった。

NoVGIのRdRp領域の系統樹を図1aに示した。複数の事例から検出された遺伝子型はGI.P2、GI.P3及びGI.Pbであった。このうちGI.P2及びGI.Pbはそれぞれ1つのクラスターを形成した。NoVGIのN/S領域の塩基配列を用いて作成した系統樹を図1bに示したが、GI.3とGI.8が混在し、有効な系統樹が作成できなかった。これは得られた配列は294bpと短く、この領域ではGI.3とGI.8の配列が非常に類似していたためと考えられた。

NoVGIIのRdRp領域の系統樹を図2aに示した。RdRp領域がGII.P16でN/S領域が異なるウイルスが3種類検出された。今年度の主流株であったGII.2の他にGII.4（図2の■印）及びGII.13（図2の\*印）との組み換えが起こったウイルスが各1株ずつ検出された。GII.2との組み換えウイルスは全て同じクラスターを形成しており、GII.4（図2の■印）もそれに近い場所に位置した。しかし、GII.13（図2の\*印）との組み換えウイルスはそれらのクラスターとは離れた場所に位置した。NoVGIIのN/S領域の系統樹を図2bに示した。GII.4ではsydney 2012<sup>5)</sup>類似株が5例から検出されたが、このうち1株はsydney2012と若干異なる配列であり、2016年に大阪市から報告されたsydney2012の変異株<sup>6)</sup>と類似していた。sydney2012はRdRp領域がGII.Peであるが、この株のRdRp領域は、GII.P16であり、この点でもsydney2012変異株と類似していた。

2016年度に流行したGII.P16-GII.2は近年流行のなかった遺伝子型である<sup>7,8)</sup>。新しい遺伝子型や、近年流行していない遺伝子型は抗体保有率が低く、大流行を起こすことがある。GII.P16-GII.2の主流株の他に少数ではあるが、様々な遺伝子型のNoVが検出された。この中には近年ほとんど検出されていない遺伝子型であるGII.P16-GII.13が検出された。このようなウイルスが大流行をするかどうか引き続き監視していく必要がある。また、2016年度に海苔を原因食品としたNoVの食中毒事例が発生した。東京都、和歌山県、福岡県、大阪府で患者が発生し、その患者数は1000人を超えた。この事例では関連自治体で情報を共有し、患者便、従事者便、海苔、製造所のふき取りで検出されたNoVの全てで遺伝子配列が一致していることが確認され、原因特定の一助となった。一方、N/S領域の短い配列では、市中

表2 検出NoV遺伝子型[遺伝子群. RdRp遺伝子型-遺伝子群. VP1遺伝子型]

NoVGI	検出事例数	NoVGII	検出事例数
GI.P1-GI.1	1	GII.P7-GII.6	2
GI.P2-GI.2	2	GII.P12-GII.3	5
GI.P3-GI.3	2	GII.P16-GII.2	33
GI.P4-GI.4	1	GII.P16-GII.4	1
GI.P6	1	GII.P16-GII.13	1
GI.Pb-GI.6	2	GII.P17-GII.17	7
		GII.P21-GII.21	1
		GII.Pe-GII.4	4

流行株との差異が認められず、RdRpとVP1全長の塩基配列の比較が必要であった。この事例にみられるように、食品流通の広域化、複雑化が進み、食中毒の原因を特定するうえでウイルスの遺伝子解析は重要性を増しており、速やかな解析が求められている。同時に、常に市中流行株の動向を把握しておくことが必要である。

文献

1) 食安監発第 1105001 号 厚生労働省医薬食品局食品安全全部監視安全課長通知 平成 15 年 11 月 5 日  
 2) T. Oka, K. Katayama, GS. Hansman, et. al : Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction. J. Medic. Virol, 78, 1347-1353, 2006

3) 田所健一, 山口敏和, 篠原美千代 : マルチプレックス - リアルタイム PCR を用いた感染症胃腸炎ウイルスの網羅的検出法の開発. 臨床と微生物, 36, 251-256, 2009  
 4) A. Kroneman, et. al : Proposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping. Arch Virol, 10, 2059-2068, 2013  
 5) 国立感染症研究所 : ノロウイルス遺伝子型 GII.4 変異型の急速な拡大. IASR, 34, 45-48, 2013  
 6) 入谷展弘, 他 : 集団胃腸炎事例からのノロウイルス GII. P16-GII. 4 Sydney\_2012 の検出 - 大阪市. IASR, 37, 136-138, 2016  
 7) 国立感染症研究所 : ノロウイルスの流行 2010/11 ~ 2013/14 シーズン. IASR, 35, 161-163, 2014  
 8) 国立感染症研究所 : ノロウイルス感染症 2015/16 シーズン. IASR, 38, 1-3, 2017

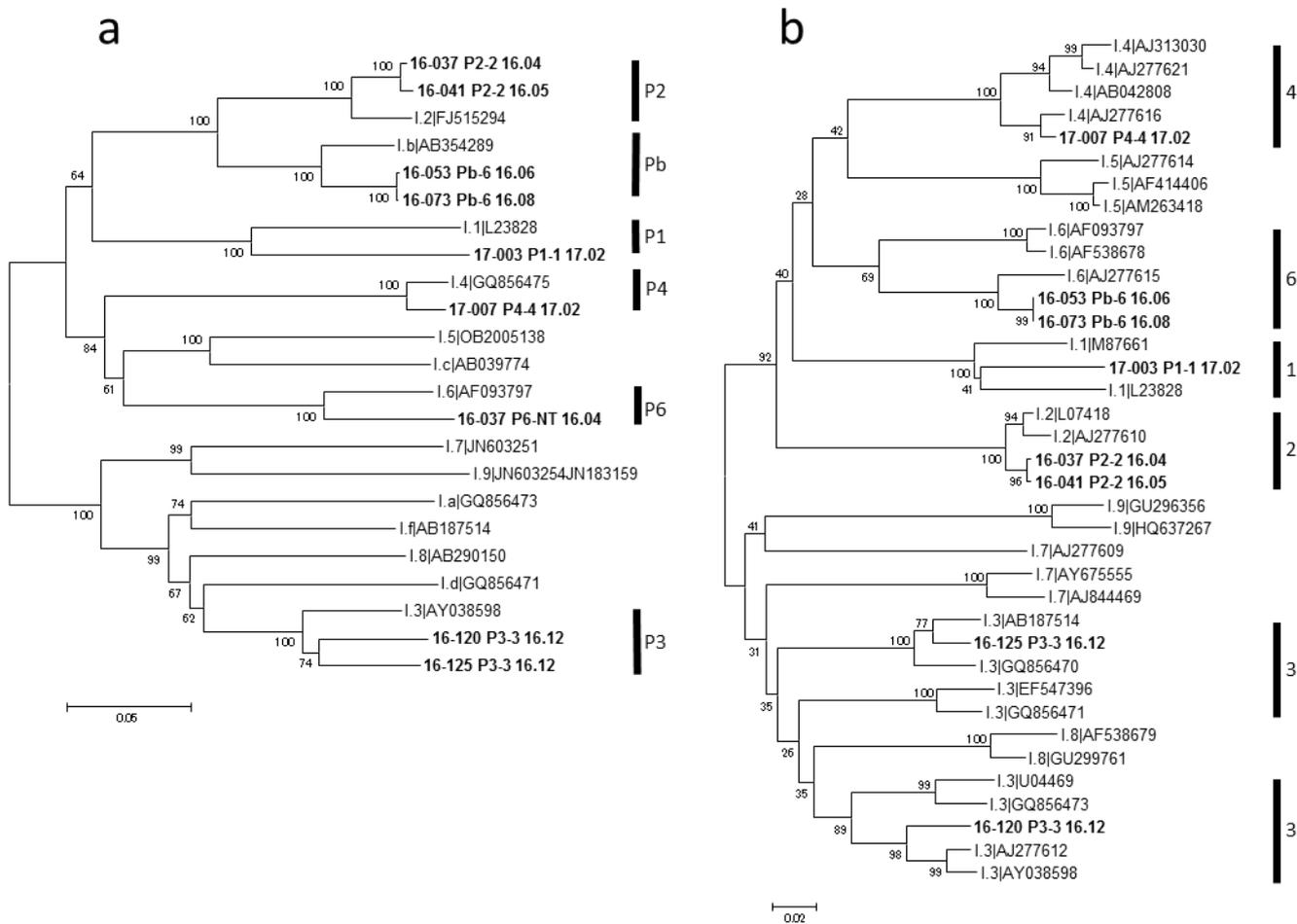


図1 NoV GI系統樹(NJ法)

(a) RdRp領域(767bp)について、(b) N/S領域(294bp)についてDDBJにてClustalW解析した。当所で解析した検体は太字とし、検体名は 事件番号 RdRp型-VP1型 発生年.月となっている。

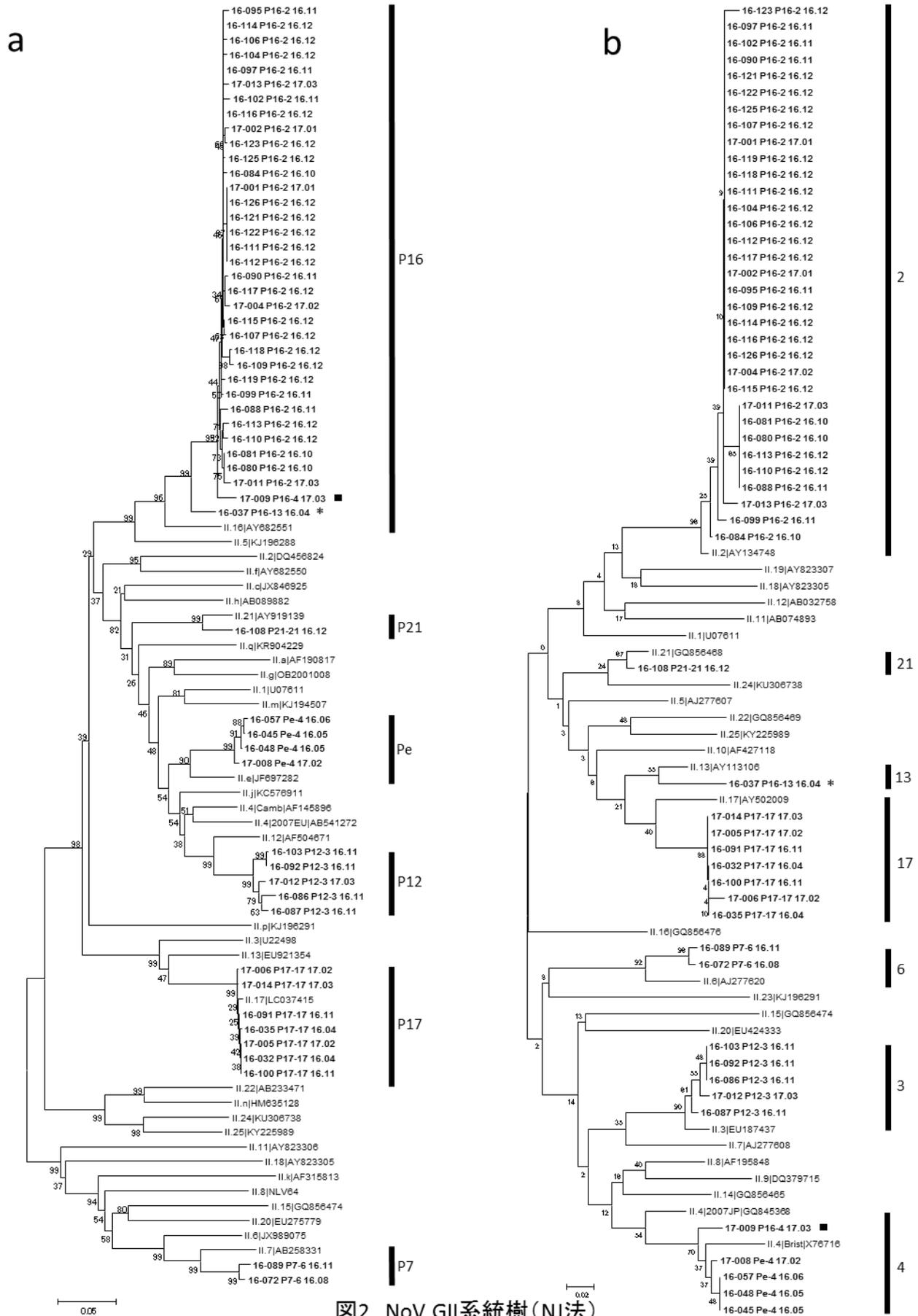


図2 NoV GII系統樹(NJ法)

(a) RdRp領域(761bp)について、(b) N/S領域(281bp)についてDBJにてClustalW解析した。当所で解析した検体は太字とし、検体名は事件番号 RdRp型-VP1型 発生年.月となっている。

- RdRp領域がGII.P16でN/S領域がGII.4の株を示す。
- \* RdRp領域がGII.P16でN/S領域がGII.13の株を示す。