

埼玉県における食中毒関連検査のウイルス検出状況（2017年度）

峯岸俊貴 富岡恭子 鈴木典子 小川泰卓 青沼えり
中川佳子 内田和江 篠原美千代 岸本剛

Report on Detection of Virus from Food Poisoning in Saitama Prefecture (April 2017 - March 2018)

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

はじめに

2016年に全国で発生した食中毒例のうちノロウイルス (NoV) が原因とされたのは、354事例、患者数11397人で事例数、患者数ともに原因別発生数1位であった。2017年は214事例、患者数8496人と大幅に減少したが、依然として食中毒全体の患者数の約半数を占めており¹⁾、食中毒の主要な病原体となっている。埼玉県においてもNoVをはじめ種々なウイルスを原因とした多くの食中毒事例が発生している。今回2017年度の当所における食中毒関連検査で検出されたウイルスについて遺伝子解析を実施した結果を報告する。

対象および方法

2017年4月から2018年3月の間に食中毒疑いとして搬入された糞便検体73事例、268検体を対象とした。原因ウイルスが確定しており、検査対象ウイルスを指定した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 遺伝子群 I (GI) 及び遺伝子群 II (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ボウイルス (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。

検査にはリアルタイム PCR 法を用いた遺伝子検出を行った^{2,3,4)}。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 VP1 の N/S 領域についてダイレクトシーケンシング法にて遺伝子配列を決定し、GI の RdRp 領域 (767bp)、GI の NS 領域 (294bp)、GII の RdRp 領域 (761bp) 及びGII の N/S 領域 (281bp) 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。得られた分子系統樹評価のため、ブートストラップは1000回実施した。また、得られた配列は 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 genotyping⁵⁾ の推奨表記法に準じ、遺伝子群、RdRp 遺伝子型 (P) - 遺伝子群、VP1 遺伝子型 (G+ローマ数字、P+英数字-G+ローマ数字、英数字) のように記載した。

結果及び考察

1 遺伝子検出結果

2017年度の食中毒関連検査件数について表1に示した。NoVGI とGIIの両方が検出された検体はそれぞれに集計した。

2017年度は、県内発生事例22事例175検体、県外発生

表1 食中毒関連検査状況

年月	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			事例数*	患者検体数	検出ウイルス					
			GI	GII	その他	従事者検体数	GI	GII	その他		GI	GII	その他	
2017年4月	4	1(1)	7	7		4				3(2)	8		6	
5月	4	1(1)	5	4		10		2		3	3			
6月	2	1(1)	11	11		15				1(1)	2		2	
7月	5	3(1)	12	7		2		1		2	2			
8月	6	1	1							5	9			
9月	5	2(1)	8	1						3	5			
10月	10	4	4			2				6(4)	13		10	
11月	6	2(1)	10	7		31		1		4	4			
12月	8	1(1)	2	2		6		4		7(4)	16		4	
2018年1月	6	2(1)	19	16		2		1		4(3)	5		4	
2月	5									6(5)	7	1**	4**	2(SaV)
3月	12	4(1)	17	5		7				7(4)	19		6	2(SaV)
計	73	22(9)	96	55	0	79	0	9	0	51(23)	93	1	36	4

* ()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 NoVGI

GII NoVGII

の関連調査事例（以下、関連調査事例という）51事例93検体の検査を実施した。県内発生事例175検体の内訳は、患者96検体、調理従事者79検体であった。このうち7月、12月、1月、3月に発生した各月1事例ずつ、計4事例に対し保健所が行政処分を行った。

NoVは、県内発生事例では8月、10月、2月以外の各月1事例で検出された。3月に1事例からNoVGIが検出され、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4月、6月、10月及び12～3月にNoVGIIが検出された。2月にNoVGI及びNoVGIIが両方検出された検体が1検体あった。

SaVは5月の県内発生事例1事例15検体、2月の関連調査事例1事例4検体（検体搬入は2月、3月）について検査を実施し、関連調査事例1事例4検体から検出された。

RoVは5月の県内発生事例1事例15検体について検査を実施し、すべて不検出だった。

AstV及びAdV40/41型はともに5月の県内発生事例1事例1検体について検査を実施し、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9事例34検体、関連調査事例21事例21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1種類、NoVGIIは6種類の遺伝子型が検出された。

2016年度はGII.P16-GII.2がNoVGII検出事例54事例中33事例から検出された⁶⁾が、2017年度は大幅に減少した。2017年度はGII.P17-GII.17が検出された事例が増加し、29事例中11事例から検出された。

NoVGIのRdRp領域の系統樹を図1aに、N/S領域の系統樹を図1bに示した。GIで遺伝子型別が決定できたのは2018年3月に発生した県内発生事例のみであり、その遺伝子型は2016年度には検出されなかったGI.P7-GI.7であった。系統樹上でもNorovirus genotyping toolでの型別と同様の結果となった。

NoVGIIのRdRp領域の系統樹を図2aに示した。2016年度に流行したGII.Pe、GII.P16及びGII.P17（図2■印）は

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.P7-GI.7	1	GII.P17-GII.17	11
		GII.P16-GII.2	7
		GII.Pe-GII.4	7
		GII.P12-GII.4	2
		GII.P22-GII.5	1
		GII.P8-GII.8	1

2017年にも検出されており、2016年及び2017年の各遺伝子型の塩基配列は類似していた。2016年度に検出されたGII.P16の多くはVP1遺伝子型GII.2であったが、GII.4及びGII.13も1事例ずつから検出された⁶⁾。2017年度に検出されたGII.P16のVP1遺伝子型は全てGII.2であった。2016年度のGII.P12のVP1遺伝子型はすべてGII.3であったが⁶⁾、2017年度はGII.4と組み変えが起こったウイルスのみが2事例（図2★印）から検出された。

NoVGIIのN/S領域の系統樹を図2bに示した。こちらもRdRp領域と同様に2017年度の主に流行した遺伝子型であるGII.2、GII.4及びGII.17は2016年度に検出された各遺伝子型の塩基配列と類似していた。GII.P12との遺伝子組み換えを起こしたGII.4（図2★印）はRdRp遺伝子型がGII.PeのGII.4と枝分かれしていたが、近い場所に位置していた。

2016年4月に食中毒事例におけるNoV遺伝子型別を行うよう通知がなされ⁷⁾、行政処分された県内事例は遺伝子型別を速やかに行うようになった。また、2017年6月にNoVが検出された事例及び7月にNoVが検出され行政処分を行った事例の2事例で環境ふきとり検体の検査を実施し、7月の事例でふきとり検体から患者と同一の遺伝子型のNoVを検出した。食中毒の判断をする際の科学的な根拠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) 厚生労働省：食中毒統計資料。
https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryuu/shokuhin/syokuchu/04.html, 2018年7月2日参照
- 2) 厚生労働省医薬食品局食品安全部監視安全課長：ノロウイルスの検出法について（食安監発第1105001号、平成15年11月5日、最終改正、平成19年5月14日食安監発第0514004号）、2003
- 3) T. Oka, K. Katayama, GS. Hansman, et. al : Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction. J. Med Virol, 78, 1347-1353, 2006
- 4) 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
- 5) Kroneman A, Vega E, Vennema H, et. al : Proposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping. Arch Virol, 10, 2059-2068, 2013
- 6) 峯岸俊貴, 富岡恭子, 鈴木典子, 他：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）, 埼玉県衛生研究所報, 51, 92-95, 2017
- 7) 厚生労働省医薬・生活衛生局, 生活衛生・食品安全部

監視安全課長：食中毒対策の推進について（生食監発
0401第1号，平成28年4月1日），2016

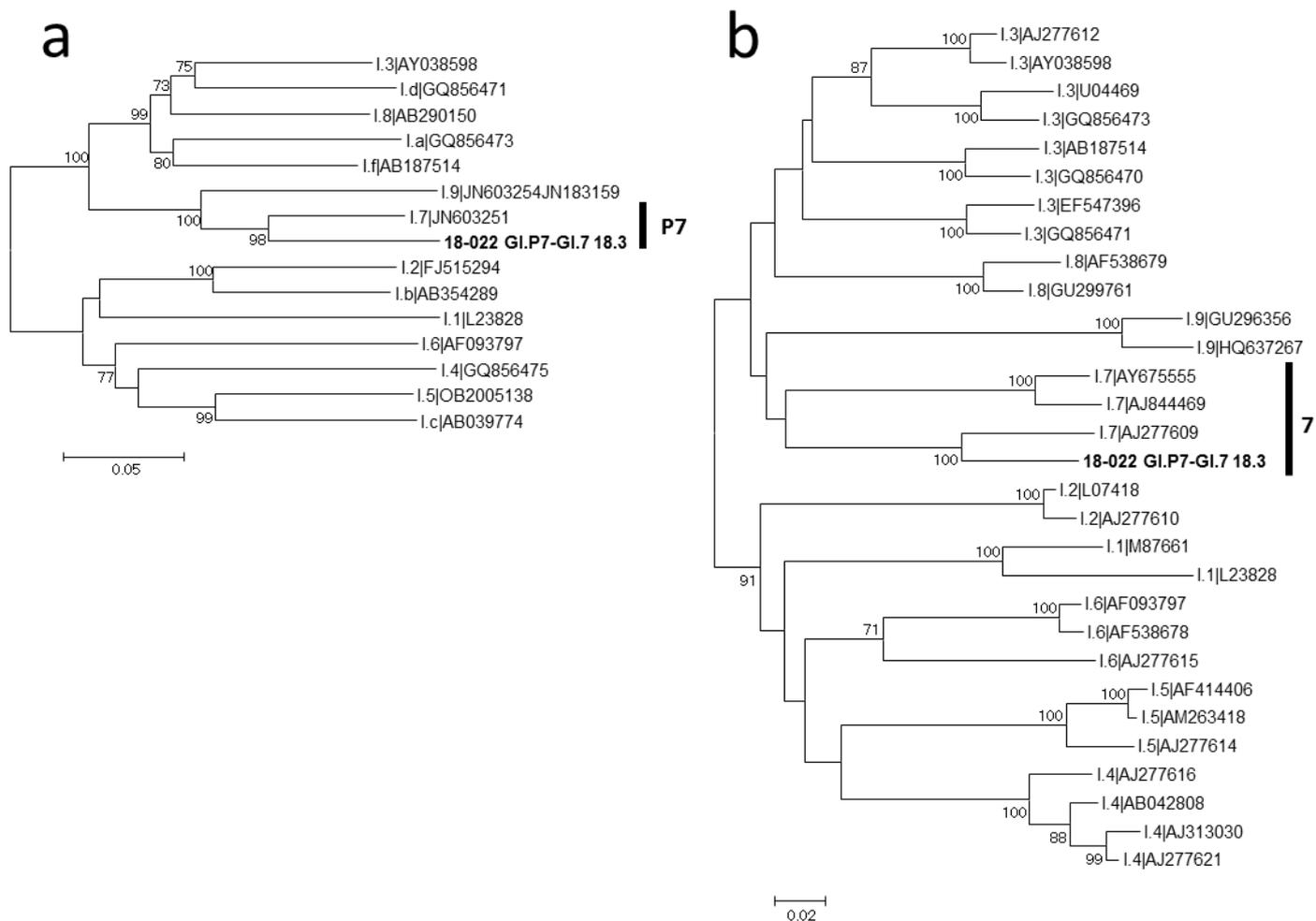


図1 NoV GI系統樹(NJ法)

a RdRp領域, b N/S領域

当所で解析した検体は太字とし，検体名は 事件番号 RdRp型(P+番号)-VP1型 発生年. 月となっている.
参照株の名称は 遺伝子型|アクセシオン番号となっている.

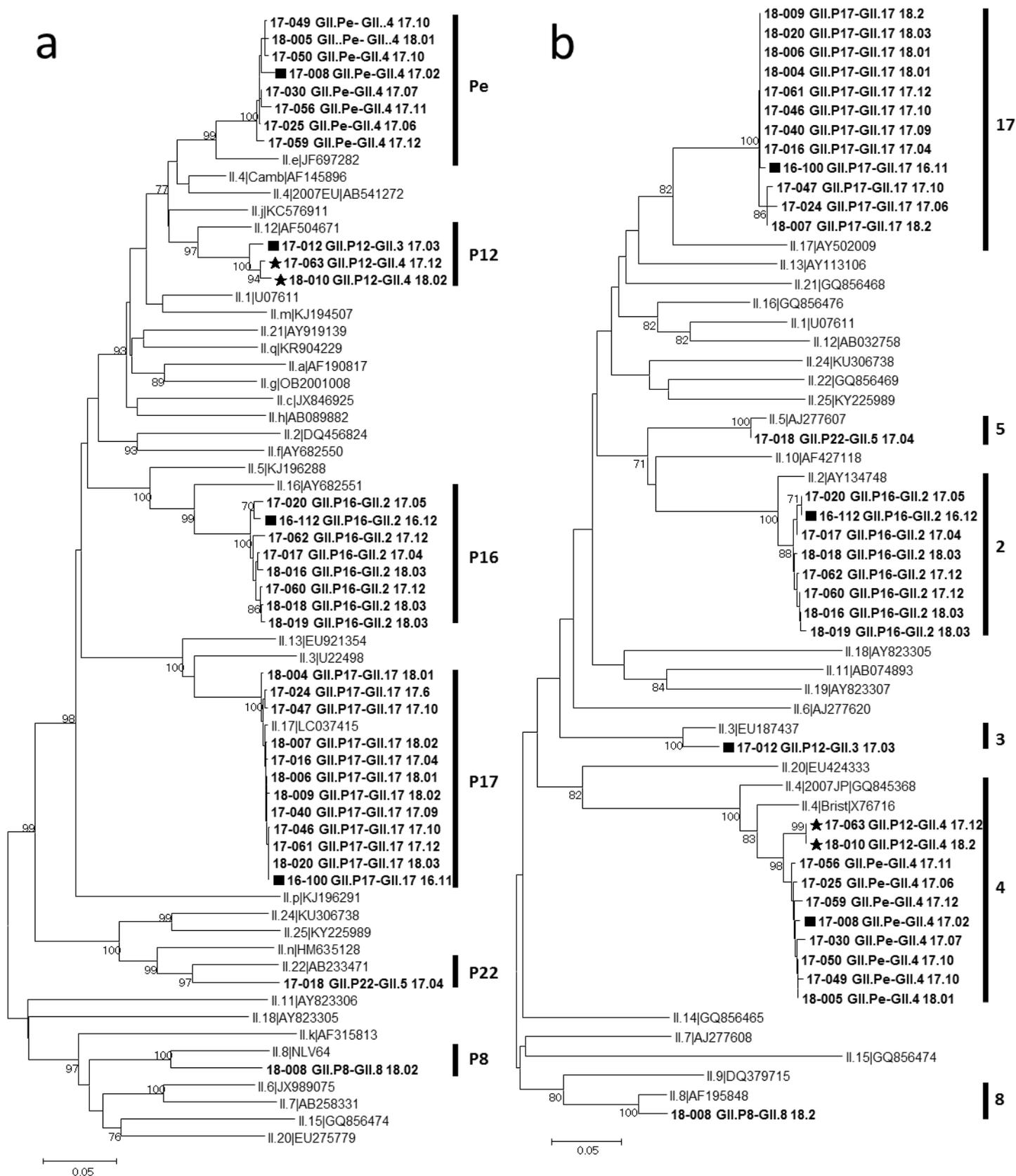


図2 NoV GII系統樹(NJ法)

a RdRp領域, b N/S領域

当所で解析した検体は太字とし, 検体名は 事件番号 RdRp型(P+番号)-VP1型 発生年. 月となっている. 参照株の名称は 遺伝子型|アクセシオン番号となっている.

★ RdRp領域がGII.P12でN/S領域がGII.4の株を示す.

■ 2016年度検出株