



Title	堺市におけるノロウイルス遺伝子型別の解析による流行予測
Author(s)	内野, 清子; 三好, 龍也; 池田, 芳春 他
Citation	大阪公衆衛生. 2006, 77, p. 24-25
Version Type	VoR
URL	https://hdl.handle.net/11094/83479
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

堺市におけるノロウイルス遺伝子型別の解析による流行予測

実施者 堺市衛生研究所 内野 清子

共同研究者 三好 龍也、池田 芳春、吉田 永祥、
田中 智之（堺市衛生研究所）

1. 目的

ノロウイルス (NV) は秋から冬にかけての食中毒や急性胃腸炎感染症の原因ウイルスとして知られている。NV は遺伝子によって Genogroup I (GI) と Genogroup II (GII) に 2 大別され、GI はさらに遺伝子型 (genotype) 1 型 [GI/1] から 14 型 [GI/14] に、GII も同様に GII/1 から GII/17 に分類される。NV 遺伝子の型別解析やその比較検討は、地域での流行の推移の把握や流行拡大の予測に適用出来ると考えられる。

今回、過去4年間に於いて、堺市内で検出した NV 遺伝子の型別解析を行い、流行に関与した NV 遺伝子型とその蔓延状況を考察した。

2. 材料

1) 集団発生

2000年12月から2004年12月にかけて、堺市内で発生した食中毒疑5事例および集団感染症14事例の NV 集団発生の検体から RT-PCR 法で陽性であった20株の NV 遺伝子を解析に用いた。

2) 散発発生

同期間中、感染症発生動向調査の定点病院から得られた感染性胃腸炎の便検体 18 例、堺市内 A 病院小児科と B 小児医院の感染性胃腸炎の便検体で 42 例、いずれも GII 陽性の合計 60 株を併せて解析に用いた。

3. 方法

シーケンサー (ABI PRISM310) で GII 遺伝子 Capsid 領域の塩基配列を決定し、これらを片山らの方法に基づいて系統解析を行い、遺伝子型を決定した。また、発生地点と NV 遺伝子型別を堺市の地図上に記入し地域流行をみた。

4. 結果及び考察

- 1) 集団発生では、過去4年間の発生事例をみると、食中毒5事例に比し集団感染14事例と感染症事例の方が多く、集団感染事例が増加する傾向にあった。
- 2) 過去4年間の堺市内の NV 集団発生はすべて GII であった。地理的には、市内中央部から南部地域にかけての事例が多く、北部に比べ NV 侵淫度が高いことが推定された。一地域に限定した特定の遺伝子型の検出はなかった。
- 3) 過去4年間の検出 NV 遺伝子型は、集団発生では6つの遺伝子型が関与し、その内訳は GII/4 が最も多く40%、次いで GII/2 が20%、GII/5 が15%であった。散発発生では6つの遺伝子型が関与し GII/4 が最も多く56%、次いで GII/6 が23%、GII/3 が10%であった。散発発生で検出された遺伝子型は集団発生でも検出された。また、GII/4 はここ4年間毎年検出されており流行の主流であったことが推測された (図1)。

以上、分子疫学調査の結果から、NVの多様な遺伝子型を解析・評価することは、NV感染の感染経路や地域での流行予測に十分有用と考えられた。さらに近隣の発生状況や本邦での遺伝子解析の情報収集は、本邦の流行シーズンでの型別予測にもなり得る。NVは遺伝子型別によって症状の軽重がみられるという報告もあり、感染症対策の一環として、今後も同様な解析を継続することが重要である。

5. 謝辞

本研究は、大阪府公衆衛生協会助成金の補助のもと、得られたデータを解析し、第52回ウイルス学会（2004年11月22日）にて、「ノロウイルス遺伝子の型別解析からみたウイルス侵淫状況の把握」と題して発表することができました。貴協会のご配慮に深謝申し上げます。

図1. 検出 NV 遺伝子型推移

