

資料

岐阜県における食中毒事例のノロウイルス検出状況と遺伝子解析

(2015/16シーズン～2023/24シーズン)

水野卓也, 松本 清, 竹ノ内遙, 佐合ゆかり, 亀山芳彦

要旨

2015年9月から2024年8月までに岐阜県において対応した食中毒疑い254事例についてノロウイルス検査を実施した。その結果、123事例(48%)からノロウイルスが検出された。ノロウイルス検出事例は新型コロナウイルス感染症流行時に減少し、5類感染症移行後には増加に転じたことから、社会的接触機会の増加とノロウイルス感染リスクの上昇について相関関係が示唆される結果となった。検出された遺伝子型は、GII.4 Sydney, GII.2, GII.17が多く、GII.4 Sydneyは全期間を通じて主要な遺伝子型であった。GII.2およびGII.17は変異株の出現とともに検出数の増加が認められた。有症者と従業員からノロウイルスが検出された43事例のうち、牡蠣喫食が確認された2事例を除き、摂食者と従業員で遺伝子型が一致した。これは、従業員を介した食中毒が疑われる事例において、遺伝子群が一致している場合には、遺伝子型も一致する可能性が極めて高いことを示唆している。

キーワード：食中毒、ノロウイルス、遺伝子型、変異株、新型コロナウイルス

1 はじめに

ノロウイルスは遺伝学的に10つの遺伝子群(GI～GX)に分かれる¹⁾。このうち、ヒトに感染する主要なノロウイルスは主に2つの遺伝子群(GI, GII)であり、GIは9種類、GIIは27種類の遺伝子型に分類されている¹⁾。ノロウイルスはヒトに対して嘔吐、下痢などの急性胃腸炎症状を引き起こすことが知られており、感染症および食中毒の主要な原因ウイルスの一つである。

ノロウイルスによる急性胃腸炎は年間を通じて発生しているが、特に冬季に流行が集中している。また、流行状況はシーズン(9月から翌年8月までを1シーズン)によって異なり、特に遺伝子変異によって生じた変異株の出現が、大規模な流行の要因となる。

本報告では、岐阜県(岐阜市を除く)が2015/16シーズンから2023/24シーズンまでの9年間実施した食中毒等集団感染事例に関する調査結果をもとに、ノロウイルスの検出状況を整理し、各シーズンにおける遺伝子型の特徴について報告する。

2 材料と方法

2.1 対象事例

岐阜県(岐阜市を除く)において、2015年9月から2024年8月までの期間に食中毒疑い事例として調査を行った事例のうち、ヒト便検体(摂食者または従業員)に対してノロウイルス検査の依頼があった254事例

2,430名(摂食者1,256名、従業員1,174名)を対象とした。

2.2 ノロウイルス検査

2.2.1 前処理

滅菌PBS(-)に便検体を加えて10%乳剤を作製し、混和後、12,000 rpm、10分、4°Cで遠心し、上清を回収した。

2.2.2 RNA抽出

2.2.1で回収した上清をQIAamp Viral RNA Mini Kit(QIAGEN)を用いて、ウイルスRNA精製プロトコールに従ってRNA抽出を行った。

2.2.3 ノロウイルス遺伝子検出

One Step PrimeScript™ RT-PCR Kit(Perfect Real Time)(TaKaRa bio)を用いて、ノロウイルスの検査法について²⁾(2020年11月まで)または病原体検出マニュアル(ノロウイルス)³⁾(2020年12月以降)記載の方法に従ってノロウイルス遺伝子検出を行った。

2.3 ノロウイルス遺伝子型別

2.3.1 Capsid N/S領域の塩基配列決定

ノロウイルス遺伝子が検出された検体は、QIAGEN OneStep RT-PCR Kit(Qiagen)を用いてGIはCOG1F/G1-SKRプライマー、GIIはCOG2F/G2-SKRプライマーでRT-PCR後、TaKaRa Ex Taq® Hot Start Version(TaKaRa bio)を用いて、GIはG2-SKF/G1-SKR、

GIIはG2-SKF/G2-SKRで2ndPCRを行った。増幅産物はゲル電気泳動を行い、対象増幅産物が確認された検体は、ダイレクトシーケンス法にて塩基配列の決定を行った。

2.3.2 遺伝子型決定

Norovirus Genotyping Tool (<https://mpf.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>)を用いて行った。

3 結 果

3.1 ノロウイルス検査

254事例におけるノロウイルス検査結果を表1および図1に示す。ノロウイルス遺伝子が検出されたのは、123事例(48%)であった。123事例のうち、46事例(37%)が摂食者および従業員の両方からノロウイルスが検出された。ノロウイルスが検出された事例数は1シーズンあたり平均13.7事例であった。特に、2019/20シーズンから2022/23シーズンにかけては、他シーズンと比較して検出事例が少ない傾向が認められた。検出事例を月別にみると、シーズンによる変動があるものの、11月から翌年4月にかけて検出数が多く、冬季に流行が認められた。一方、夏季は流行がないものの、数事例からノロウイルスが検出された。検出されたノロウイルスはGIIのみ検出された事例が最も多く105事例(85%)、GIのみが検出された事例が10事例(8%)、GIおよびGIIの両方が検出された事例が8事例(7%)

であった。

3.2 ノロウイルス遺伝子型

2015/16シーズンに検出されたGIの1事例(遺伝子型別未実施)を除く122事例について、ノロウイルス遺伝子型別の結果を表2に示す。719名のノロウイルス遺伝子型別を実施した結果、28名(3.9%)はPCR増幅産物が得られず、遺伝子型の決定には至らなかつた。最も多く検出されたGII遺伝子型はGII.4 Sydneyであり、56事例から検出された。次いでGII.2が27事例、GII.17が22事例であった。これら主要なGII遺伝子型は、一時的な流行を示すものの、複数シーズンにわたり継続的に検出された。一方、GI遺伝子型はGI.2が7事例、GI.6が7事例と多く検出された。これらの遺伝子型は流行シーズンに集中して検出されており、その他シーズンでの検出は少なかつた。

同一事例において摂食者から複数の遺伝子型が検出されたのは10事例であり、そのうち7事例は牡蠣などの二枚貝の喫食歴が確認された。

従業員および摂食者からノロウイルス遺伝子が検出され、両者の遺伝子型が決定できた43事例のうち、41事例において遺伝子型が一致した。一方、一致しなかつた2事例は、いずれも牡蠣などの二枚貝の喫食歴が確認された事例であった。

4 考 察

厚生労働省の食中毒統計⁴⁾によると、病因物質別にみた食中毒事件数において、ノロウイルスは例年上位を占めており、平成26年から令和5年までの10年間において年間平均221件(範囲:63~481件)が報告されている。岐阜県においても同期間に発生した254事例のうち123事例(48%)からノロウイルスが検出されており、食中毒事例の主要な病因物質であることを確認した。2019/20シーズンから2022/23シーズ

表1 ノロウイルス検査状況

検査対象	検査事例数	ノロウイルス遺伝子検査結果		
		検査結果	検出パターン	事例数
摂食者+従業員	124	-		57
		+	摂食者+従業員	46
			摂食者のみ	19
			従業員のみ	2
摂食者のみ	105	-		52
		+		53
従業員のみ	25	-		22
		+		3
計	254			

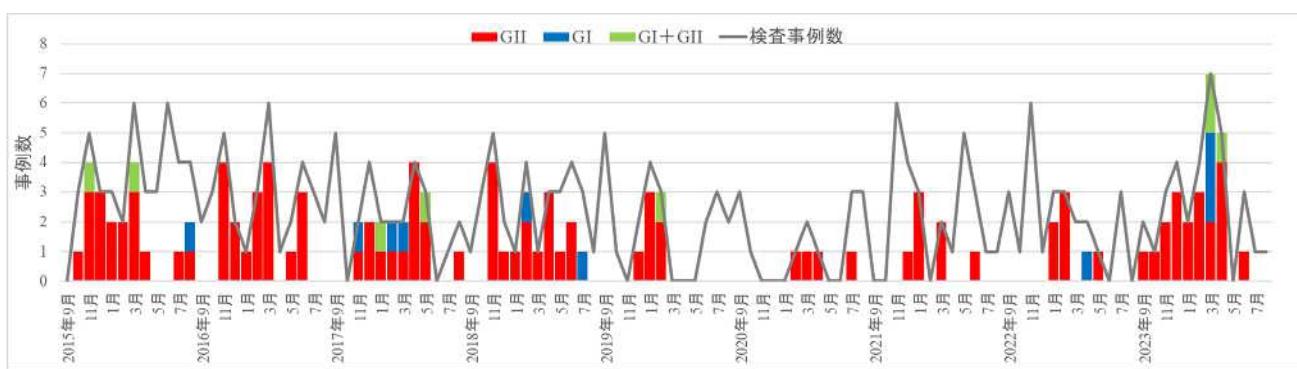


図1 ノロウイルス月別検出状況

表2 ノロウイルス遺伝子型検出状況

遺伝子群	遺伝子型	シーズン									計
		2015/16	2016/17	2017/18	2018/19	2019/20	2020/21	2021/22	2022/23	2023/24	
GI	GI.1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	2
	GI.2	1	0	4	2	0	0	0	0	0	7
	GI.4	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
	GI.6	0	0	1	0	0	0	0	1	5	7
	GIUT*	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
GII	GII.2	0	8	7	2	1	2	2	1	4	27
	GII.3	2	1	0	3	1	1	1	0	1	10
	GII.4 Sydney	11	4	4	8	4	0	2	4	19	56
	GII.6	0	2	0	1	0	0	1	1	1	6
	GII.7	0	2	0	0	0	0	0	0	6	8
	GII.13	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	GII.17	6	3	5	1	1	1	2	1	2	22
計		21	20	21	17	8	4	8	8	41	148

*UT:untypable

同一の事例において複数の遺伝子型が検出された場合、それぞれの遺伝子型を個別に計上した。

ンにかけて、全国的にノロウイルスの食中毒発生件数が減少しており、岐阜県においても同様の傾向が認められた。その背景には、新型コロナウイルス感染症の流行に伴う緊急事態宣言の発出や、外出・外食機会の減少が影響していると考えられる。一方で、新型コロナウイルス感染症が2023年5月に5類感染症へと移行した後の2023/24シーズンにおいては、ノロウイルスによる食中毒事件数が大幅に増加した。岐阜県では、同シーズンの事件数が過去9シーズンの中で最多となっており、社会的接触機会の増加と感染リスクの上昇について相関関係が示唆される結果となった。

ノロウイルスは低温、乾燥した環境に強いウイルスであるため、冬季に感染が広がりやすいことが知られている。全国的にみても、ノロウイルス食中毒は冬季から春季に多く発生が多く、本報告でも同様の傾向にあった。ノロウイルス食中毒件数が春季まで多い背景として、3月から4月にかけては会食機会が増加する時期であることが一因であると考えられる。

ノロウイルスの遺伝子型はGIが9種類、GIIが27種類あるが¹⁾、検出されるノロウイルスの遺伝子型には主要な型や流行の変遷が認められる。これは、GII.4のように感染力が高い型が存在すること⁵⁾、遺伝子変異によりヒトの免疫応答から回避されること⁶⁾が関与していると考えられている。本報告では、GII.4 Sydney、GII.2、GII.17が多く検出されており、これらは小児の感染性胃腸炎から検出されたノロウイルスの遺伝子型とも一致している⁷⁾。特に、2015/16シーズンのGII.17、2016/17から2017/18シーズンのGII.2はそれぞれの時期に変異株の出現が報告されており^{8,9)}、検出数増加の要因だと考えられる。一方、2023/24シーズンに検出

数が多かったGII.4 Sydneyについて、新たな変異株の流行は確認されていない。ノロウイルスに対して遺伝子型特異的な集団免疫は、2~3年は同一の遺伝子型による流行を抑制できると考えられている⁶⁾。2019/20シーズン以降、ノロウイルスの感染機会が減少したことにより、集団免疫が低下し、これが感染拡大の一因になった可能性がある。

ノロウイルス食中毒の判断には感染症との鑑別が不可欠である。特に、摂食者および従業員の両方からノロウイルスが検出された場合には、判断根拠の一つとして摂食者と従業員の遺伝子型が一致していることを確認することが、必要であると提言されている¹⁰⁾。しかし、遺伝子型別は通常の食中毒検査と並行して実施は難しい。本報告においては、牡蠣喫食が確認された2事例を除き、摂食者と従業員（複数名からノロウイルスが検出された場合は少なくとも1名以上）で遺伝子型が一致した。これは、従業員を介した食中毒が疑われる事例において、遺伝子群が一致している場合には、遺伝子型も一致する可能性が極めて高いことを示唆している。

近年、ノロウイルスではRNA-dependent RNA polymerase (RdRp)領域とVP1領域の間でゲノムの組換えが認められている。また、これら領域の組み合わせの変化が流行動態に影響していることが示唆されている³⁾。このような背景から、RdRp領域とVP1領域の両方の遺伝子型を決定するDual typing法が全国的に導入されつつある。岐阜県においても、一部の検体に対して、Dual typing法を実施しており、今後も変異ウイルスの出現に注視し、ノロウイルスの流行状況を継続的に監視していく必要がある。

謝 辞

ノロウイルス遺伝子検出結果を提供いたいたいた、岐阜県西濃保健所、東濃保健所、および飛騨保健所の生活衛生課試験検査係の職員に感謝いたします。

文 献

- 1) Chhabra, P., de Graaf, M., Parra, G.I., Chan, M.C., Green, K., Martella, V., et al: Updated classification of norovirus genogroups and genotypes, *J. Gen. Virol.*, 100, <https://doi.org/10.1099/jgv.0.001318>, 2019.
- 2) 厚生労働省医薬品食品局食品安全部監視安全課：ノロウイルスの検査法について。食安監発第1105001号、平成15年11月5日（最終改正：食安監発第0514004号、平成19年5月14日）
- 3) 国立感染症研究所：病原体検出マニュアル、感染性胃腸炎（ノロウイルス 2019年6月版）
- 4) 厚生労働省. 食中毒統計資料.
- 5) 白土（堀越）東子, 武田直和 : 2. ノロウイルスと血液型抗原, ウイルス, 3, 181-190, 2007.
- 6) 左近直美, 駒野 淳: ノロウイルスの流行と遺伝子型, 日食微誌, 33, 97-106, 2016.
- 7) 国立健康危機管理研究機構: ノロウイルス等検出状況

況，病原微生物検出情報（IASR）

（<https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/graphdata/050/index.html>）（令和7年10月21日現在）

- 8) Matsushima, Y., Ishikawa, M., Shimizu, T., Komane, A., Kasuo, S., Shinohara, M., et al: Genetic analyses of GII.17 norovirus strains in diarrheal disease outbreaks from December 2014 to March 2015 in Japan reveal a novel polymerase sequence and amino acid substitutions in the capsid region, *Euro Surveill.*, 20, pii=21173, 2015.
- 9) 松島勇紀, 石原真理子, 清水智美, 駒野綾子, 清水英明, 松尾千秋 他：茨城県と川崎市における2016/17シーズンに検出されたヒトノロウイルスGII.P16-GII.2 の分子疫学, 病原微生物検出情報, 38, 19-20, 2017.
- 10) 薬事・食品衛生審議会食品衛生分科会食中毒部会：ノロウイルス食中毒対策について（提言），平成19年10月12日. (<https://www.mhlw.go.jp/stf/seisaku-choseki/000010212-5a.pdf>)（令和7年10月21日現在）

Detection and Genetic Analysis of Norovirus in Suspected Foodborne Outbreaks in Gifu Prefecture (2015/16-2023/24 Seasons)

Takuya MIZUNO, Kiyoshi MATSUMOTO, Haruka TAKENOUCHI, Yukari SAGO, Yoshihiko KAMEYAMA

Gifu Prefectural Research Institute for Health and Environmental Sciences:
1-1, Naka-fudogaoka, Kakamigahara, Gifu 504-0838, Japan