

資料

感染性胃腸炎患者からの原因ウイルス  
 検出状況 (平成28年度)

鈴木理恵子, 高橋淳子, 近藤真規子, 黒木俊郎

Surveillance of viral gastroenteritis  
 in Kanagawa Prefecture  
 (April, 2016 – March, 2017)

Rieko SUZUKI, Junko TAKAHASI,  
 Makiko KONDO, Toshiro KUROKI

我々は、感染症予測監視事業の一環として、感染性胃腸炎の原因ウイルスを把握する目的で、神奈川県域（川崎市、横浜市、横須賀市、相模原市および藤沢市を除く）の各小児科定点医療機関から得られた感染性胃腸炎患者の検体および学校、施設等で発生した集団感染性胃腸炎患者の検体から原因ウイルスの検索を行っている。ウイルスを原因とする感染性胃腸炎は、例年冬期に多くの流行がみられ、冬期前半には乳幼児から成人に至るまで幅広い年齢層でノロウイルスによる胃腸炎、冬期後半を中心に乳幼児にみられるA群ロタウイルスによる胃腸炎の

流行が良く知られている。定点医療機関からの検体では、これらのウイルスの他にアデノウイルス、サポウイルス、アストロウイルス、C群ロタウイルスも検出されている。また、冬期以外でも幼稚園や小学校および老人福祉施設でノロウイルス、A群ロタウイルス、サポウイルスおよびC群ロタウイルスによる感染性胃腸炎の集団発生報告があることから、時期・年齢に関わらず複数のウイルスの検索を行っている。

平成28年4月から平成29年3月に感染性胃腸炎と診断された患者便80検体について、ノロウイルス、サポウイルス、アストロウイルス、アデノウイルス、A群ロタウイルスおよびC群ロタウイルスの検索を行った。ウイルスの検出は、ノロウイルス、サポウイルス、アストロウイルスはRT-PCRを用い、アデノウイルス、A群ロタウイルスおよびC群ロタウイルスはこれらを同時に検出するマルチプレックスRT-PCR<sup>1)</sup>により遺伝子検出を行った。また、検出された各種ウイルスの一部について、ダイレクトシーケンシング法を用いて塩基配列を決定し、系統樹解析(NJ法)による型別を実施した。

表1に年齢別ウイルス検出状況を示した。80検体中39検体から43株の原因ウイルスが検出され、その内訳は、ノロウイルス30株(69.8%)、A群ロタウイルス7株(16.3%)、アデノウイルス5株(11.6%)、サポウイルス1株(2.3%)で、アストロウイルスおよびC群ロタウイルスは検出されなかった。ノロウイルスは13歳～22歳を除くすべての年齢層、A群ロタウイルスは6歳以下と7歳～12歳から、サポウイルスとアデノウイルスは6歳以下から検出された。また、複数ウイルスが検出された

表1 年齢別ウイルス検出状況 (平成28年4月～平成29年3月)

	検体数	陽性検体数	検出ウイルス数(%)						合計 (%)	
			ノロウイルス		サポウイルス	アストロウイルス	アデノウイルス	A群ロタウイルス		C群ロタウイルス
			G I <sup>1)</sup>	G II <sup>2)</sup>						
6歳以下	50	26 <sup>3-5)</sup>	1	18	1	0	5	5	0	30
7歳～12歳	10	8	3	3	0	0	0	2	0	8
13歳～22歳	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0
23歳～64歳	13	3	0	3	0	0	0	0	0	3
65歳以上	3	2	2	0	0	0	0	0	0	2
合計	80	39	30 (69.8)		1 (2.3)	0	5 (11.6)	7 (16.3)	0	43 (100)

1 : genogroup I  
 2 : genogroup II  
 3 : 複数ウイルス検出 1例 (ノロウイルスG I, ノロウイルスG II)  
 4 : 複数ウイルス検出 1例 (ノロウイルスG II, アデノウイルス)  
 5 : 複数ウイルス検出 2例 (ノロウイルスG II, A群ロタウイルス)

表2 月別ウイルス検出状況

年 月	検出ウイルス数							合計
	ノロウイルス		サポウイルス	アストロウイルス	アデノウイルス	A群ロタウイルス	C群ロタウイルス	
	G I <sup>1)</sup>	G II <sup>2)</sup>						
平成28年 4月	0	1	0	0	0	2	0	3
5月	0	0	0	0	0	0	0	0
6月	5	2	1	0	1	0	0	9
7月	0	0	0	0	0	0	0	0
8月	0	0	0	0	0	0	0	0
9月	0	2	0	0	0	0	0	2
10月	0	1	0	0	1	0	0	2
11月	0	8 <sup>3)</sup>	0	0	1	1 <sup>3)</sup>	0	10
12月	1 <sup>3)</sup>	6 <sup>3)</sup>	0	0	2 <sup>3)</sup>	1	0	10
平成29年 1月	0	2	0	0	0	0	0	2
2月	0	0	0	0	0	1	0	1
3月	0	2 <sup>3)</sup>	0	0	0	2 <sup>3)</sup>	0	4
小計	6	24						
合計	30		1	0	5	7	0	43

1 : genogroup I

2 : genogroup II

3 : 複数ウイルス検出例を含む

表3 ノロウイルス遺伝子型別状況

年 月	型別実施数	遺伝子型				
		GI.4	GII.2	GII.4	GII.5	GII.6
平成28年 4月	1			1		
5月						
6月	7	5			1	1
7月						
8月						
9月	2		2			
10月	1			1		
11月	8		7		1	
12月	7	1	6			
平成29年 1月	2		2			
2月						
3月	2		2			
合計	30	6	19	2	2	1

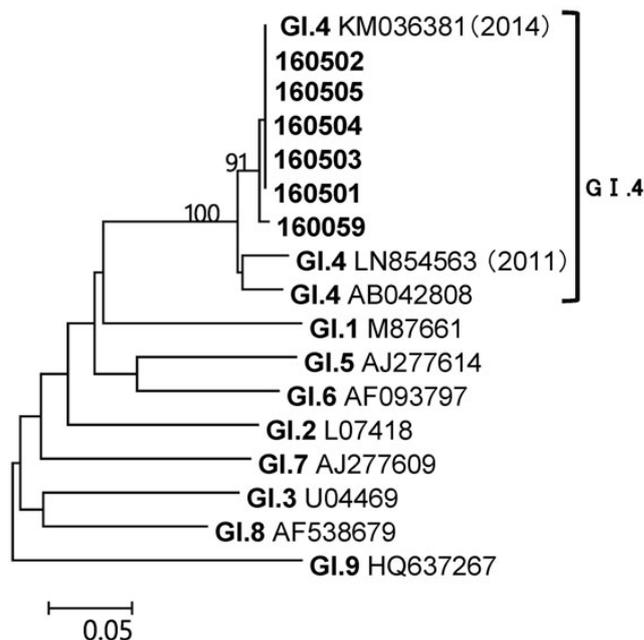


図1 ノロウイルスG I capsid領域の系統樹 (294bp)

4 検体はいずれも6歳以下からの検体で、検出ウイルスはノロウイルスgenogroup (以下、G) IとG II、ノロウイルスG IIとアデノウイルスが1例ずつと、ノロウイルスG IIとA群ロタウイルスが2例であった。G IとG IIの同時検出は、ノロウイルスに汚染された貝類等に起因する食中毒事例に多いことが知られているが、今回の患者は8か月の乳児であり、ノロウイルスに汚染された貝

類等に起因する感染とは想定しにくく、人または環境から複数のウイルスに感染したと思われる。

月別のウイルス検出状況を表2に示した。43株のウイルスの多くは秋期から冬期にかけて検出され、5月、7月、8月には検出されなかった。平成28年度に検出されたノロウイルス30株のgenogroupはG I 6株、G II 24株であり、これらのcapsid領域の遺伝子型を系統樹解

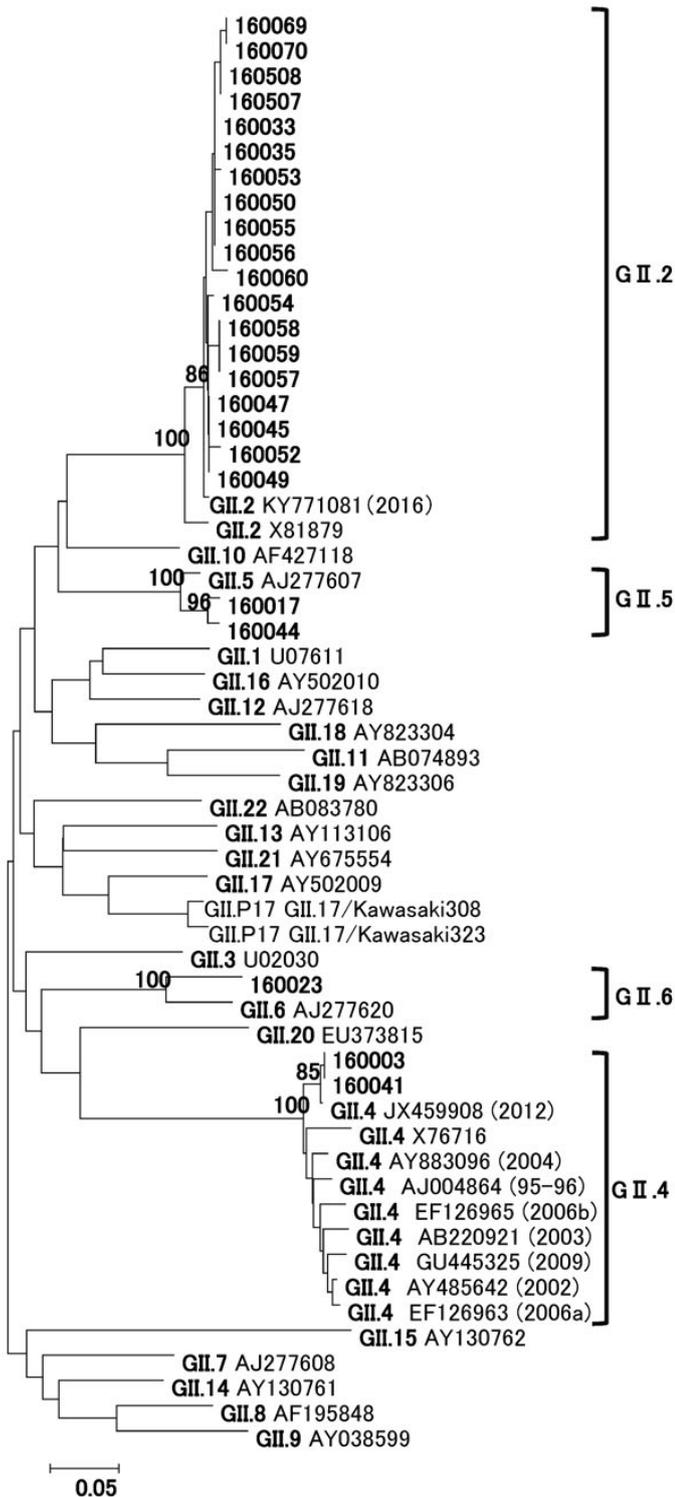


図2 ノロウイルスGII capsid領域の系統樹 (275bp)

析により決定した(図1, 2, 表3). ノロウイルスG Iの遺伝子型はG I.1からG I.9の9種類, G IIの遺伝子型はG II.1からG II.22の22種類に分類される. 遺伝子型別の結果, G Iの6株すべてがG I.4, G IIの24株の内19株がG II.2, G II.4が2株, G II.5が2株, G II.6が1株であった.

G I.4の6株は, G I.4標準株(AB042808)や2011年に報告された株(LN854563)とは系統が異なり, 2014年に報告された株(KM036381)と同じクラスターを形成していた. 近年のG Iの検出頻度は低く, 大きな流行がみられていないが, 6月にG I.4が5株検出されたことから神奈川県では小規模な流行があったと思われる.

G II.2の19株は, G II.2標準株(X81879)とは系統が異なり, 2016年に報告された株(KY771081)と同じクラスターを形成していた. G II.2は, 平成28年9月, 11月, 12月, 平成29年1月, 3月と秋期から冬期に検出され, 平成28年度の主要流行株であった.

全国のノロウイルス主要流行株は, 平成26年12月まではG II.4変異型であったが, 平成27年度はG II.17変異型, 平成28年度はG II.2変異型に入れ替わっている. G II.17変異型は, 平成26年度の流行期終盤にすでに確認<sup>2)</sup>されており, 平成27年度の本格的流行が始まる前に, 予防対策の重要性が周知されたことで大流行には至らなかった. しかし, G II.2変異型の出現は, ノロウイルス流行期に入ってから検出されたため, 予防対策等の周知が遅れ, 平成24年度のG II.4変異型の大流行時と同様の規模となったと考えられる(図3). 変異型の出現は, ノロウイルスによる感染性胃腸炎大流行の可能性が高まることから, 流行初期の遺伝子型については迅速に解析し, その情報を周知することが重要である.

アデノウイルスは, 平成28年6月, 10月, 11月に1株ずつ, 12月に2株計5株が検出され, 遺伝子型は全て41型であった.

A群ロタウイルスは, 平成28年4月, 平成29年3月に2株ずつ, 平成28年11月, 12月, 平成29年2月に1株ずつ計7株が検出され, 遺伝子型はG2P[4]型, G3P[8]型が3株ずつ, G12P[8]型が1株であった.

今回, アデノウイルス, A群ロタウイルスおよびC群ロタウイルスを同時に検出できるマルチプレックスRT-PCRを用い検出を行った. 昨年まで実施していたウイルスごとのRT-PCRとの感度を比較したところ両方法とも同等の結果が得られた. 今後も, 効率的でコストの削減が可能なマルチプレックスRT-PCRによるウイルス検索を行っていきたい.

我々は, 平成23年度以降, 検出数の多かったウイルスについて系統樹解析(NJ法)による型別を実施し, 流行

## 報告数

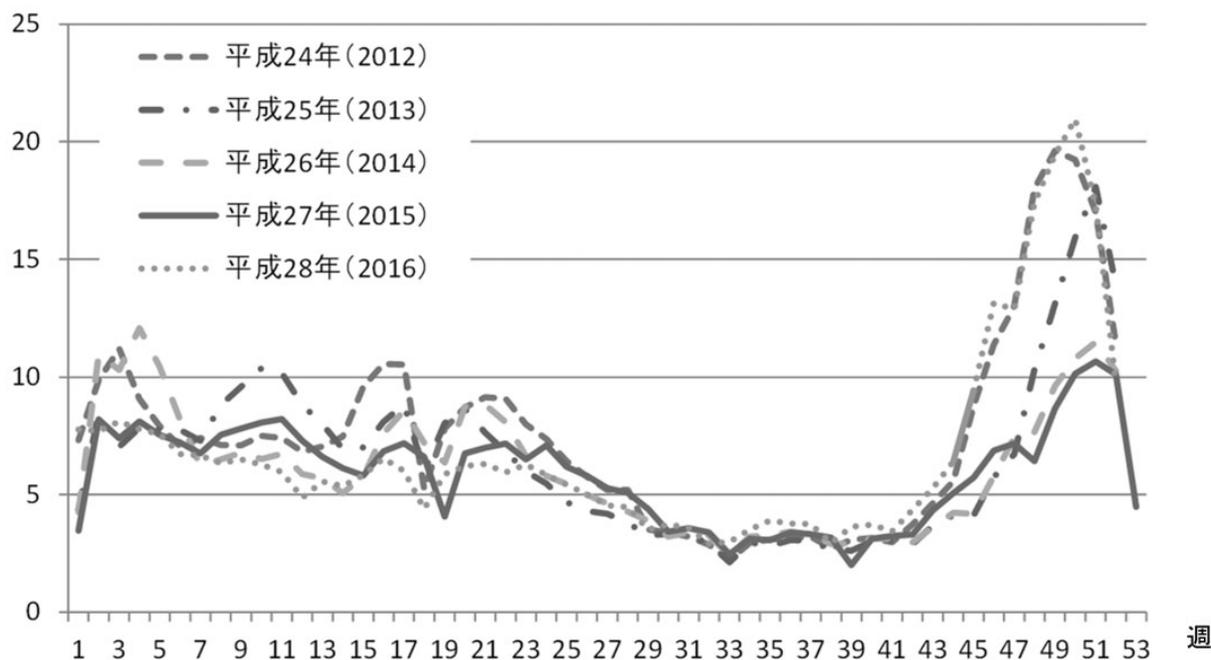


図3 感染性胃腸炎患者定点あたりの報告数（全国）

ウイルスの遺伝子学的特徴を調査している。感染経路の推定や流行の動向を把握するためには、系統樹解析による型別が有効であり、解析により新型ウイルスを探知できた場合には、予防対策を早期に講ずることが可能となる。感染症の流行を未然に防ぐために、今後も継続して遺伝子解析を実施する予定である。また、引き続き本調査を継続するにあたり、定点医療機関への検査結果の迅速な還元や病原微生物検出情報等により広く情報の提供に努めていきたい。

最後に、検体および患者情報の収集にご協力いただきました各小児科定点医療機関の先生方および本事業にご尽力いただきました県健康危機管理課の方々に深謝いたします。

## 文献

- 1) Development of RT-multiplex PCR Assay for Detection of Adenovirus and Group A and C Rotaviruses in Diarrheal fecal Specimens from Children in China, 感染症学雑誌 78(8),699-709 (2004)
- 2) 松島勇紀, 石川真理子, 清水知美, 駒根綾子, 清水英明, 松尾千秋ほか: 新規遺伝子型ノロウイルスG II.P17-G II.17の流行, 病原体検出情報(IASR), 36, 175-178 (2015)