

遺伝子解析によるノロウイルス下痢症の疫学的検討

ノロウイルス(Norovirus:NV)は、嘔吐、下痢を主徴とする感染性胃腸炎を引き起こし、食中毒等の集団感染症発生の原因ウイルスとして知られている。本県では平成 18 年度から高齢者福祉施設等で NV を原因とする集団感染が多発している。本県での NV の流行把握と、感染予防の基礎資料とするため平成 19 年度から平成 20 年度に検出された NV について遺伝子解析を行った。

1. 材料及び方法

平成 19 年 4 月から平成 21 年 3 月までに、山梨県内で発生したウイルス性集団胃腸炎感染 71 事例のうち NV が原因と確定した 66 事例を対象とした。NV の検出は厚生労働省の通知に基づき実施した。ウイルス RNA の逆転写の後、リアルタイム PCR で陽性になった検体の一部について、構造蛋白(Capsid)領域のプライマー(G : COG1F/G1-SKR1 G : COG2F/G2-SKR)を用いて PCR 法で増幅後、ダイナーミネーター法により塩基配列を決定した。

2. 結果と考察

検出ノロウイルスの遺伝子型は、平成 19 年度は、33 事例中 26 事例が G /4 型で大部分を占めた。平成 20 年度は、33 事例中 G /4 型は 16 事例と主流を占めたものの、G /6 型 7 事例、G /3 型 4 事例、G /13 型 3 事例など他の遺伝子型が増加した(表 1)。主流を占めた G /4 型は 42 事例中 41 事例が世界的に流行した G /4 型 2006EU b であったことから、山梨県における NV 感染症の増加は 2006EU b 株の浸潤のためと確認された。

NV 感染は、食品からの NV の検出が困難であること、ヒト - ヒト感染による集団発生の初発患者感染経路が不明であることなどから原因究明がなされない場合が多い。さらなる詳細な疫学調査や遺伝子解析などを実施し、NV の感染防止に努めていきたい。

表 1 検出ノロウイルスの遺伝子型

| 遺伝子型 | H19 | H20 | 計 |
|------|-----|-----|----|
| G /2 | | 2 | 2 |
| /3 | 1 | 4 | 5 |
| /4 | 26 | 16 | 42 |
| /6 | | 7 | 7 |
| /10 | | 1 | 1 |
| /13 | 1 | 3 | 4 |
| /16 | 1 | | 1 |
| /17 | 1 | 1 | 2 |
| NT | | 1 | 1 |
| G /2 | 1 | | 1 |
| /3 | 1 | | 1 |
| /4 | 1 | 2 | 3 |
| NT | 2 | | 2 |
| 計 | 35 | 37 | 72 |

(H19、H20 とも 33 事例いずれも重複感染を含む)