

[ノート]

兵庫県における胃腸炎ウイルスの検出状況と遺伝子解析

(2022/23～2024/25 シーズン)

島本 章義* 荻 美貴 押部 智宏

Prevalence and Molecular Characterization of Gastroenteritis Viruses
in Hyogo Prefecture (2022/23–2024/25 Epidemic Seasons)

Akiyoshi SHIMAMOTO*, Miki OGI and Tomohiro OSHIBE

*Infectious Disease Research Division, Hyogo Prefectural Institute of Public Health Science,
1819-14, Kanno, Kanno-cho, Kakogawa 675-0003, Japan*

Among outbreak cases, the predominant NoV genotype differed by seasons. In the 2022/23 season, GII.2[P16], which had been the dominant genotype in Hyogo Prefecture prior to the COVID-19 pandemic, was most frequently detected. In the 2023/24 season, GII.4[P16], which was first identified in Hyogo Prefecture in 2019, emerged as the predominant genotype. In the 2024/25 season, GII.17[P17] was identified as the major circulating genotype. Notably, during this season, the number of suspected foodborne outbreaks increased sharply in Hyogo Prefecture, and the majority of NoV-positive outbreaks were attributed to GII.17[P17], suggesting that the widespread circulation of this genotype contributed to the observed increase in suspected foodborne illness.

These findings highlight the importance of continued surveillance, together with molecular epidemiological investigations and genetic analyses, to monitor the dynamics of circulating strains from a public health perspective.

I はじめに

ノロウイルス（以下 NoV）は、感染性胃腸炎や食中毒の集団発生の主要な原因となり主に冬季に流行する。症状として嘔気、嘔吐、下痢等を引き起こし、乳幼児から高齢者まで幅広い年齢層で感染する。症状が消失した後にも糞便中に NoV が排出されるため、二次感染にも注意が必要である。

NoV には多数の遺伝子型が存在し、シーズンごとに流行する型が変化することが報告されている¹⁾。GII.4 等の遺伝子型は世界的に分布し、変異しながら流行を繰り返すことから、遺伝子型やその変異の動向の把握が重要である。ヒトに感染する遺伝子群は主に GI と GII であり、さらに複数の遺伝子型に分類される。RdRp 領域と

VP1 領域の境界でゲノムの組み換えが頻発することから、RdRp 領域と VP1 領域のそれぞれの遺伝子型の組み合わせで型を決定する dual typing 法による分類が推奨されている²⁾。

本稿では、2022/23～24/25 シーズンに小児散発症例及び食中毒（疑い）事例により当所に搬入された検体について、遺伝子解析を行ったので報告する。

II 材料と方法

1. 感染性胃腸炎患者の発生状況

兵庫県感染症発生動向調査における小児科定点からの週別患者報告³⁾により、感染性胃腸炎患者の発生状況を確認した。調査期間は2022年9月（第36週）～2025年8月（第35週）までとした。

兵庫県立健康科学研究所 感染症部

* 〒675-0003 兵庫県加古川市神野町神野 1819-14

2. 胃腸炎ウイルスの検出と遺伝子解析

2.1 調査対象

2.1.1 小児散発症例

2022年9月～2025年8月までに、感染症発生動向調査における病原体定点医療機関（小児科）を受診した感染性胃腸炎患者41例から採取された糞便又は腸内容物等の54検体を検査材料とした。

2.1.2 集団発生事例

2022年9月～2025年8月までに、当所に検体が搬入された食中毒事例（有症苦情事例を含む）88事例の調理従事者及び有症者の糞便等821検体を検査材料とした。

2.2 遺伝子型別

NoV, サポウイルス（以下SaV）, A群ロタウイルス（以下RVA）, アストロウイルス（以下HAstV）, 腸管アデノウイルス（以下EAdV）及びパレコウイルスA型（以下PeV-A）の遺伝子検出及び遺伝子型別は既報⁴⁾の方法に従った。NoV陽性となった検体は、Conventional PCR法でRdRp領域の一部とVP1領域の一部を含む領域を増幅し、このPCR増幅産物についてダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。遺伝子型の型別は、Norovirus Typing Tool Version 2.0（<https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>）及びBLAST（<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>）を用いて行った⁵⁾。分子系統樹解析は、RdRp領域の一部（246塩基）及びVP1領域の一部（292塩基）について、MEGA 12ソフトウェア⁶⁾を用いて最尤（ML）法により行った。

III 結果及び考察

1. 感染性胃腸炎患者の発生状況

2022/23～2024/25シーズンにおける週別定点あたり感染性胃腸炎患者報告数の推移をFig.1に示した。2022/23及び2023/24シーズンにおける感染性胃腸炎患者報告数は、第4～6週（2月上旬）と第20～22週（5月下旬）にピークがあり、年間を通じてほぼ同様の推移を示し、流行の開始時期やピーク時期、患者数の規模に大きな差異は認められなかった。一方、2024/25シーズンでは、例年より遅れて第9～11週（3月上旬）にピークがあった。患者報告数のピーク値は13.98であり、2022/23シーズンの10.09、2023/24シーズンの9.46より多くなった。

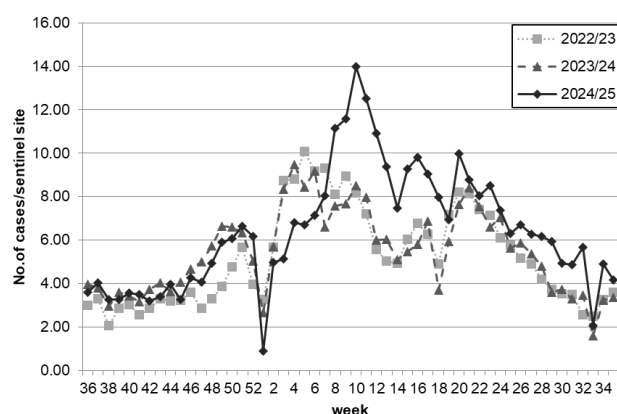


Fig.1 Weekly cases of infection gastroenteritis per sentinel in Hyogo prefecture (2022/23-2024/25 season)

Table 1 Number of gastroenteritis viruses detected from sporadic cases in children (A) and outbreak cases (B) in Hyogo prefecture (2022/23-2024/25 season)

(A) Season	No. of cases	Number of detected gastroenteritis viruses (%)					
		NoV	SaV	RVA	HAstV	EAdV	PeV-A
2022/23	15	3 (20.0)			1 (6.7)	2 (13.3)	1 (6.7)
2023/24	12	10 (83.3)					
2024/25	14	9 (64.3)		2 (14.3)			
Total	41	22 (53.7)		2 (4.9)	1 (2.4)	2 (4.9)	1 (2.4)

(B) Season	No. of cases	Number of detected gastroenteritis viruses (%)	
		NoV	SaV
2022/23	16	10 (62.5)	
2023/24	31	19 (61.3)	1 (3.3)
2024/25	41	32 (78.1)	
Total	88	61 (69.3)	1 (1.1)

2. 胃腸炎ウイルスの検出と遺伝子解析

2.1 胃腸炎ウイルスの検出状況

2.1.1 小児散発症例

小児散発症例のウイルス検出状況をTable 1 (A) に示した。41例のうち、NoVは22例 (53.7%), RVA及びEAdVはそれぞれ2例 (4.9%), HAstV及びPeV-Aはそれぞれ1例 (2.4%) 検出された。NoVは3シーズン全てで検出されたが、HAstV, EAdV及びPeV-Aは2022/23シーズンのみ、RVAは2024/25シーズンのみ検出された。

2.1.2 集団発生事例

集団発生事例のウイルス検出状況を Table 1 (B) に示した。88事例のうち41事例 (46.6%) は、2024/25シーズン由来であり、他のシーズンと比較して顕著に多かった。3シーズンを通して、NoVは61事例 (69.3%), SaV は1事例 (1.1%) から検出された。

2.2 NoVの遺伝子型別

2.2.1 小児散発症例

NoVの遺伝子型別ができた検体について、小児散発症例の検出状況をTable 2 (A) に示した。2022/23シーズ

ンは、RpRd領域の遺伝子型が異なるG II.4[P16]とG II.4[P31]の2つの遺伝子型が検出された。G II.4[P31]は、国内で2012~2022年頃まで流行し⁷⁾、兵庫県内においても2019/20シーズンはNoVが検出された6例中、遺伝子型別できた5例全てがG II.4[P31]であった⁴⁾。その後は減少に転じ、2022/23シーズンでは2例が検出されたが、2023/24シーズン以降は検出されなかった。2023/24シーズンでは、2019年に兵庫県内で初めて検出された遺伝子型であるG II.4[P16]⁸⁾が6例、G II.7[P7]が3例検出された。2024/25シーズンではG II.17[P17]が5例、G II.4[P16]が4例検出された。G II.4[P16]は3シーズン全てで検出された。

2.2.2 集団発生事例

集団発生事例のうち、NoV の遺伝子型別ができた検体について、検出状況をTable 2 (B) に示した。2022/23シーズンはG II.2[P16]が4事例で最も多く、次いでG II.4[P16]が3事例だった。G II.2[P16]は、2016/17シーズン以降、COVID-19の流行期であった2020/21シーズンを除き、毎シーズン検出されていたが^{4,8)}徐々に検出数が減少し、2024/25シーズンでは検出されなかった。

Table 2 NoV genotypes detected from sporadic cases in children (A) and outbreak cases (B)

(A)

Genotype	Number of detection			Total
	2022/23	2023/24	2024/25	
G II.4[P16]	1	6	4	11
G II.4[P31]	2			2
G II.7[P7]		3		3
G II.17[P17]			5	5
Total	3	9	9	21

(B)

Genotype	Number of detection			Total
	2022/23	2023/24	2024/25	
G I.1[P1]		3		3
G II.2[P16]	4	3		7
G II.3[P12]	1		1	2
G II.4[P16]	3	8	2	13
G II.4[P31]	1		1	2
G II.7[P7]		1	2	3
G II.8[P8]		1		1
G II.12[P16]		1		1
G II.17[P17]		2	24	26
G I & G II		1		1
Total	9	20	30	59

2023/24シーズンは、G II.4[P16]が8事例から検出され、小児散発症例と同様に集団発生事例においても最も多く検出された。2024/25シーズンはG II.17[P17]が24事例検出され、検出されたNoVのうち80.0%を占めた。次いでG II.4[P16]、G II.7[P7]がそれぞれ2事例検出された。今回の結果から、例年と比較して食中毒（疑い）の検査件数の多かった2024/25シーズンは、G II.17[P17]に属する株が集団感染事例の主要な株であったと考えられた。また、小児散発症例においても半数以上がこの株であったことから、小児においても少なからず流行していたものと考えられた。この傾向は全国的に確認されており⁹⁾、来シーズン以降も流行株の主体となる可能性が高く注視する必要がある。

2.3 NoVの系統樹解析

集団発生事例において、各シーズンで最も検出数が多かった遺伝子型であるG II.2[P16]、G II.4[P16]、G II.17[P17]について、系統樹解析を行った (Fig.2)。

G II.2[P16]については、RdRp領域及びVP1領域において2022/23、2023/24シーズンで検出した株は同一あるいはクラスター間の距離は短いことから、この期間で大きな変化はなかったと考えられた。

G II.4[P16]については、RdRp領域及びVP1領域ともに複数のクラスターに分岐しており、また、RdRp領域が同じP16型であるG II.2[P16]に属する株と比較すると、G II.4[P16]に属する株は分岐が多く、クラスター間の距離も長いことから遺伝学的に多様であることが示唆された。

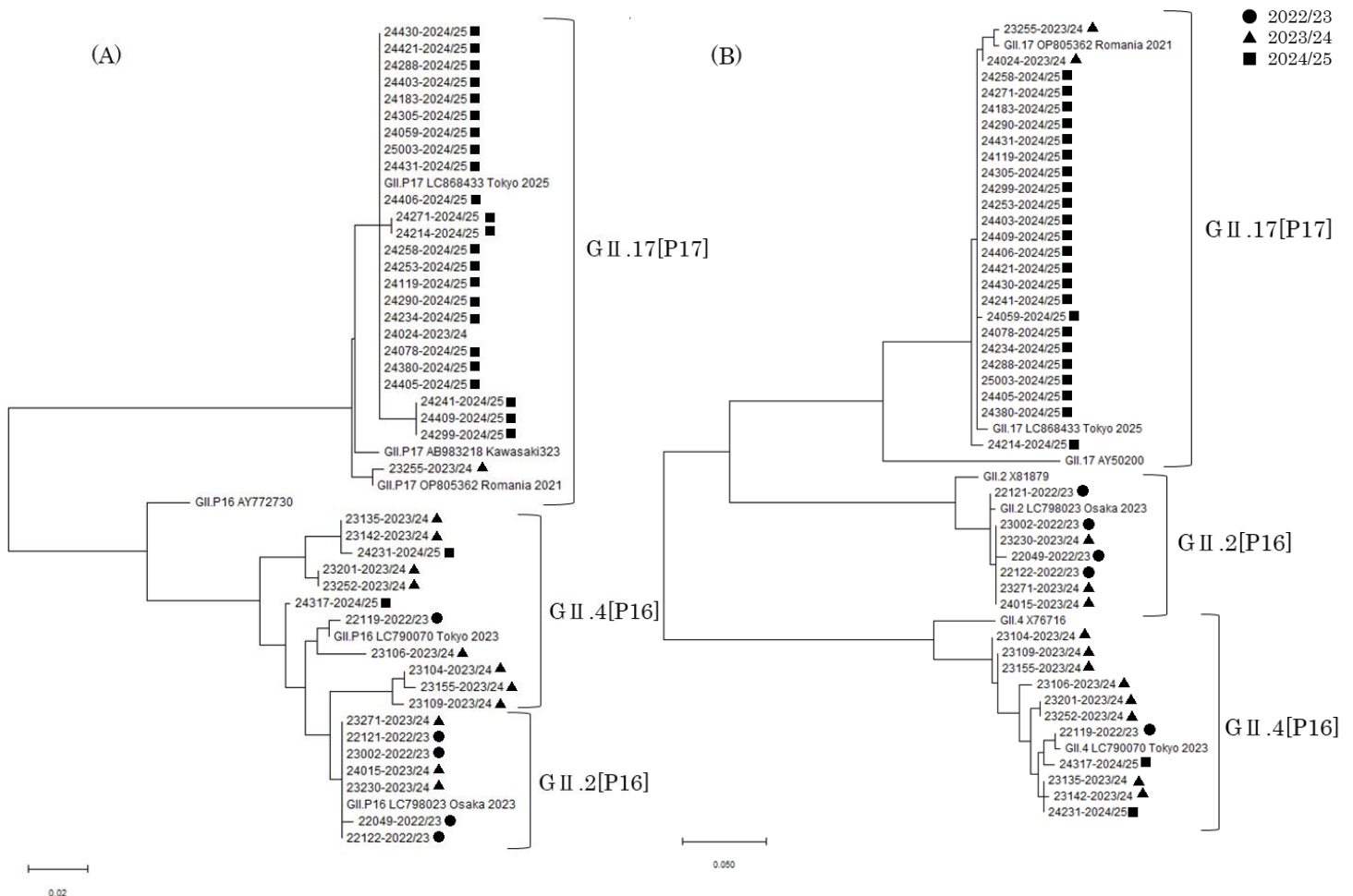


Fig.2 Phylogenetic analysis of the partial RdRp region (246nt) of norovirus G II. P16, G II. P17 strains (A) and the partial VP1 region (292nt) of norovirus G II.2, G II.4 and G II.17 strains (B)

G II.17[P17]は、2023～2024年にかけて欧州と米国でアウトブレイクを引き起こしており、2021年にルーマニアで検出されたRomania株 (Accession No, OP805362) に近縁の株が報告された¹⁰⁾。兵庫県において2023/24シーズンに検出された23255-2023/24株は、2024/25シーズンに検出された株と比較し、このRomania株と近縁だった。

2024/25シーズンに検出された株は、RdRp領域の塩基配列が一致した株が23株中18株であり、異なる株でも一致率が98.7～99.5%であった。VP1領域の塩基配列が一致した株は23株中21株であり、異なる株でも一致率は98.9～99.6%であった。また、これらの株は2025年に東京都で検出された株 (Accession No, LC868433) と近縁であり、2024/25シーズンはこの東京株に類似した株が兵庫県内で流行したと考えられた。

NoVの遺伝子型の流行はシーズンごとに変化をくり返し、新たな遺伝子型の出現や特定の遺伝子型の流行が、食中毒(疑い)事例の発生動向に影響を及ぼすことが示唆された。このため、今後とも継続的なサーベイランスの実施に加え、分子疫学調査及び遺伝子解析を通じて流行株の動向を把握することが、公衆衛生対策の観点から重要であると考えられる。

IV 結論

2022/23～2024/25シーズンにおいて、小児散発症例では、41例から採取された糞便等の54検体を検査し、NoVは22例(53.7%)、RVA及びEAdVはそれぞれ2例(4.9%)、HAstV及びPeV-Aはそれぞれ1例(2.4%)から検出された。集団発生事例では、食中毒(疑い)88事例の糞便等821検体を検査し、NoVは61事例(69.3%)、SaVは1事例(1.1%)から検出された。

集団発生事例においては、各シーズンで最も多く検出された遺伝子型はそれぞれ異なっていた。2022/23シーズンは、COVID-19の流行期以前に兵庫県内で遺伝子型の主流であったG II.2[P16]が最も多く検出された。2023/24シーズンでは、2019年に兵庫県内で初めて検出されたG II.4 [P16]が主要な遺伝子型であった。2024/25シーズンは、G II.17[P17]が流行した。このシーズンでは、兵庫県内で食中毒(疑い)件数が急増し、NoVが検出された事例の大半がG II.17[P17]であったため、この遺伝子型の流行が食中毒(疑い)事例増加の一因であると考えられた。

謝 辞

本研究を実施するにあたりご協力いただいた保健医療部生活衛生課、疾病対策課、健康福祉事務所及び検体採取にご協力いただいた関係機関の皆様方に深謝いたします。

文 献

- 1) 当广 謙太郎, 牛島 廣治: ノロウイルスの分子疫学と進化. ウイルス, **73** (1), 17-32 (2023)
- 2) Chhabra, P. de Graaf, M. Parra, G.I. : Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. *J Gen Virol*, **100** (10), 1393-1406 (2019)
- 3) 兵庫県感染症情報センター : https://web.pref.hyogo.lg.jp/iphs01/kansensho_jyoho/infectdis2.html#shuuhou
- 4) 島本章義, 荻美貴, 押部智宏, 大岡徹彦: 兵庫県における胃腸炎ウイルスの検出状況と遺伝子解析 (2019/20～2021/22 シーズン). 兵庫県立健康科学研究報告, **6**, 1-6 (2024)
- 5) 国立感染症研究所: 病原体検出マニュアルノロウイルス (第1版) (2019)
- 6) The Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software : <https://www.megasoftware.net/>
- 7) 牛飼裕美, 白井達哉, 山崎笑子, 左近直美: 大阪府の食中毒疑い事例におけるヒトノロウイルスの検出状況と遺伝子解 (2023年度). 地方独立行政法人大阪健康安全基盤研究所研究年報, **8**, 56-64 (2024)
- 8) 高井伝仕, 荻美貴, 押部智宏, 近平雅嗣, 秋山由美: 兵庫県における胃腸炎ウイルス検出状況と遺伝子解析 (2016/17～2018/19 シーズン). 兵庫県立健康科学研究報告, **2**, 25-31 (2020)
- 9) 国立健康危機管理研究機構: 月別ノロウイルス G2 遺伝子型検出報告数 <https://id-info.jihs.go.jp/surveillance/iasr/graph/virus/small-round-structured-virus/2024-25/norogm1516.gif>
- 10) Chhabra, P. Wong, S. Niendorf, S. : Increased circulation of GII.17 noroviruses, six European countries and the United States, 2023 to 2024. *Euro Surveill*, **29** (39) (2024)

(令和8年3月19日受理)