

埼玉県における食中毒関連検査のウイルス検出状況（2011-2020 年度）

青沼えり 篠原美千代 鈴木典子 江原勇登
小川泰卓* 大崎哲 宮下広大 内田和江

Report on Detection of Virus from Food Poisoning in Saitama (April 2011 - March 2021)

Eri Aonuma, Michiyo Shinohara, Noriko Suzuki, Hayato Ehara,
Yasutaka Ogawa, Satoshi Daisaki, Kodai Miyashita, Kazue Uchida

はじめに

埼玉県衛生研究所における2011年度から2020年度までの10年間の食中毒関連検査のウイルス検出状況についてまとめた。また、食中毒の原因ウイルスとして代表的なノロウイルスについて当所で検出された株の遺伝子型別と系統樹解析を実施し、全国の状況との関連を見たので、その結果を報告する。

対象および方法

2011年4月から2021年3月の間に食中毒疑いとして搬入された計915事例、4,795検体の糞便及び5検体の吐物を対象とした。各年度における事例数、検体数については表1のとおりである。病原ウイルスが確定しており、検査対象ウイルスを指定した検査依頼があった場合はそのウイルスの検査を、病原ウイルスが未確定の場合は、ノロウイルス（NoV）遺伝子群 I（NoVG I）及び遺伝子群 II（NoVG II）について検査を実施した。また一部の検体は、保健所の依頼に基づきサポウイルス（SaV）、A 群ロタウイルス（RotaA）、C 群ロタウイルス（RotaC）、アストロウイルス（AstV）及びアデノウイルス40/41型（AdV40/41）についても検査を実施した。

検査にはリアルタイム PCR 法を用いた遺伝子検出を行った¹⁻³⁾。また、NoV が検出された事例については従業員及び患者1~2検体について、RdRp 領域及び VP1 の N/S 領域の塩

基配列をダイレクトシーケンス法にて決定し、得られた配列は Norovirus Genotyping Tool (<http://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>) を使用し型別を行った。さらに、RdRp 領域及び N/S 領域について MEGA7 を用いて系統樹解析を行った。型別表記は Chhabra らの推奨表記法⁴⁾に準じ、遺伝子群.VP1遺伝子型[RdRp 遺伝子型] (G+数字.数字[P+数字]) のように記載した。

なお、NoV の遺伝子型解析結果は、感染性胃腸炎の流行時期と合わせて、前年9月から翌年8月までを一区切りとするシーズンごとに集計した。

結果及び考察

1 遺伝子検出結果

2011年度から2020年度に搬入された検体数は、2011年度から2016年度にかけては各年度500件前後を推移していたが、2017年度以降減少し、2020年度は119件であった。遺伝子検出結果を NoV については表2、表3及び図1に、その他のウイルスについては表4及び表5に示した。表2の検出ウイルス GI, GII 欄は1事例から GI, GII の両方のウイルスが検出された事例を計上し、表3の検出ウイルス GI, GII 欄は、1検体から GI, GII の両方のウイルスが検出された検体を計上した。図1の折れ線グラフは2011年から2020年の食中毒統計資料⁵⁾のノロウイルスによる全国の食中毒患者数の推移を示した。

表1 2011年4月から2021年3月までの食中毒関連検査数

受付年度	2011年度	2012年度	2013年度	2014年度	2015年度	2016年度	2017年度	2018年度	2019年度	2020年度	計
事例数(合計)	97	115	106	121	102	112	73	91	77	21	915
患者検体数(合計)	541	480	634	730	527	645	274	478	372	119	4,800
県内事例											
事例数	37	48	51	56	42	42	22	47	27	8	380
患者検体数	368	337	486	585	382	392	181	333	215	100	3,379
関連調査事例											
事例数	60	67	55	65	60	70	51	44	50	13	535
患者検体数	173	143	148	145	145	253	93	145	157	19	1,421

* 現 狭山保健所

表2 ノロウイルス遺伝子検出結果(事例数)

受付年度	2011年度	2012年度	2013年度	2014年度	2015年度	2016年度	2017年度	2018年度	2019年度	2020年度	計	
NoV検査事例数	97	115	106	121	102	112	73	91	77	21	915	
NoV陽性事例数	44	62	65	67	55	61	31	40	29	5	459	
検出ウイルス	GIのみ	2	1	1	5	12	6	1	6	3	2	39
	GI, GII*	8	5	3	4	4	2	1	1	3	0	31
	GIIのみ	34	56	61	58	39	53	29	33	23	3	389

*1事例から両方の遺伝子群が検出された事例数を計上した。

表3 ノロウイルス遺伝子検出結果(検体数)

受付年度	2011年度	2012年度	2013年度	2014年度	2015年度	2016年度	2017年度	2018年度	2019年度	2020年度	計
NoV検査検体数	539	480	599	730	527	641	274	471	372	119	4,752
NoV陽性検体数	180	218	288	326	210	282	105	196	111	22	1,938
検出ウイルス	GIのみ	9	3	2	19	38	5	18	8	3	160
	GI, GII*	6	6	4	4	9	1	2	2	0	35
	GIIのみ	165	209	282	303	163	226	99	101	19	1,743

*1検体から両方の遺伝子群が検出された検体数を計上した。

(1) NoV の遺伝子検査結果

各年度で検査数に差はあるが、例年10月ごろから検体数が増え始め、12月から1月にかけて検査数、陽性数ともにピークを迎え、4月ごろに減少するという傾向がみられ、陽性数の推移は全国の食中毒患者の推移とおおむね一致していた。2020年冬季は、検体数、陽性数ともに非常に少なく NoV の流行状況をとらえることができなかったが、全国の NoV による食中毒患者数も例年と比較して少なかった。

GI, GII 両方が検出された事例が10年間で31事例あったが、そのうちの14事例でカキの喫食があった。

(2) NoV 以外のウイルスの遺伝子検査結果

SaV は、2012年度は1事例(8月)、2013年度に3事例(4月に2事例、3月に1事例)、2016年度に2事例(5月、6月)、2017年度に1事例(2月)、2018年度に2事例(3月)の計9事例から検出された。検出年度も検出月も散発的であった。

RotaA は、2011年度に1事例(6月)、2015年度に1事例(4月)、2016年度に1事例(3月)、2018年度に1事例(5月)、2019年度に1事例(4月)の計5事例から検出された。RotaA

のみ検査した事例と、RotaA 及び RotaC 両方の検査をした事例があったが、検出されたウイルスは RotaA のみであった。全ての事例が3月から6月にかけて検出されており、全国の感染性胃腸炎におけるロタウイルスの検出シーズンと一致していた⁶⁾。

AstV は2015年度に1事例(7月)検出された。

Adv40/41は検査数自体が少ないものの、この10年間で一度も検出されなかった。

SaV, RotaA, Ast, Adv40/41は埼玉県感染症発生動向調査における小児の感染性胃腸炎検体からも検出されていたが⁷⁻¹⁵⁾、その検出頻度も食中毒検査同様に散発的であり、埼玉県でのこれらのウイルスの流行はとらえることができなかった。

食中毒統計によると、全国の NoV 以外のウイルスによる食中毒件数は、2012年、2013年に年間16件、23件と2桁台で発生していたが、それ以降は年間数件程度しか探知されておらず、NoV のような流行はみられなかった。埼玉県でも、2011年に RotaV, 2013年に SaV による食中毒が発生したが、それ以降発生しておらず¹⁶⁾、同様の状況であった。

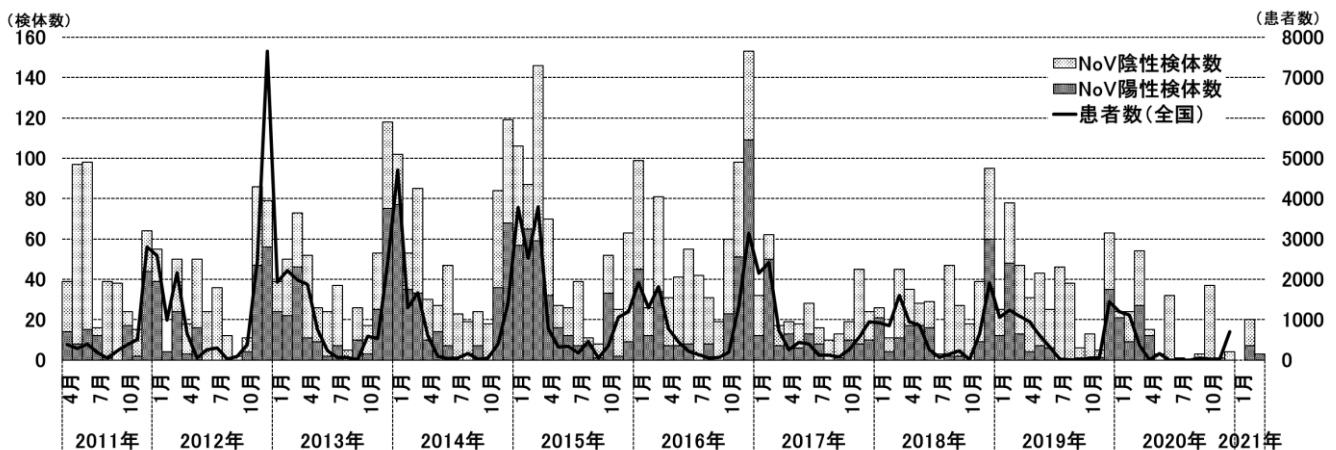


図1 NoV月別検査・陽性検体数(参考:全国のNoVによる食中毒患者数)

表4 サボウイルス、ロタウイルス、アストロウイルス及びアデノウイルスの遺伝子検出結果(事例数) ()は陽性数(再掲)

検査項目	2011年度	2012年度	2013年度	2014年度	2015年度	2016年度	2017年度	2018年度	2019年度	2020年度	計
SaV	2	2 (1)	6 (3)	1	5	6 (2)	2 (1)	5 (2)	2	3	34 (9)
Rota*	4 (1)	2	3	1	4 (1)	5 (1)	1	3 (1)	2 (1)	2	27 (5)
AstV	2	2	3		2 (1)	4	1		2	1	17 (1)
AdV40/41	2	1			1	1	1				6 (0)

*検出されたウイルスはRotaAのみ。

表5 サボウイルス、ロタウイルス、アストロウイルス及びアデノウイルスの遺伝子検出結果(検体数) ()は陽性数(再掲)

検査項目	2011年度	2012年度	2013年度	2014年度	2015年度	2016年度	2017年度	2018年度	2019年度	2020年度	計
SaV	14	10 (1)	99 (50)	2	20	52 (6)	19 (4)	26 (14)	12	28	282 (75)
Rota*	25 (5)	16	14	2	19 (3)	47 (5)	15	7 (1)	12 (4)	26	183 (18)
AstV	4	16	14		9 (1)	38	1		12	19	113 (1)
AdV40/41	4	7			5	3	1				20 (0)

*検出されたウイルスはRotaAのみ。

2 NoV 遺伝子型別

対象期間のNoV 陽性事例数459事例のうち、413事例の遺伝子型別ができた。シーズン別のVP1遺伝子型別解析結果を表6, 7, 図2, 3に示した。図2, 3中の「10/11一部」は2011年4月～8月, 「20/21一部」は2020年9月～2021年3月を指す。なお, 1事例から複数の遺伝子型が検出されたものは, それぞれに計上した。

(1) NoVG I の遺伝子型別結果

表6 NoVG Iシーズン別VP1遺伝子型別結果(事例数)

VP1 遺伝子型	10/11一部	11/12	12/13	13/14	14/15	15/16	16/17	17/18	18/19	19/20	20/21一部	計
GI.1	1				1		1			1		4
GI.2					3	3		1	4	2	1	14
GI.3	1	2	2	2	8	3	2	1		1		22
GI.4	1				1		1			1		4
GI.5					1							1
GI.6	1		1	1	1	2			1			7
GI.7	2	1	2			2		1		1		9
GI.8					1							1
GI.9	1	1	1			1						4
GI.NT		2	2		1			1		1		7

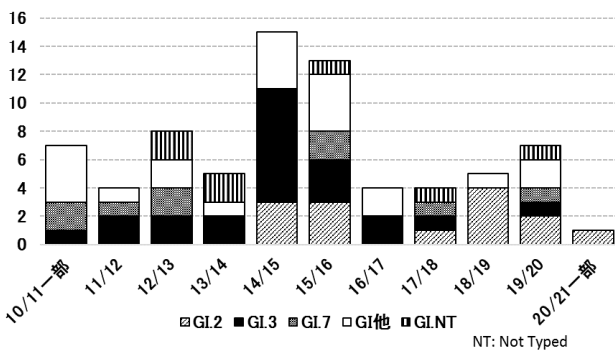


図2 NoVG Iシーズン別VP1遺伝子型別結果(事例数)

NoVG I の VP 1 遺伝子型別ができたのは70事例中63事例で, VP1遺伝子型及び RdRp 遺伝子型の両方が型別できたのは32事例だった。VP1遺伝子型は, 多いものから GI. 3が22事例, GI. 2が14事例, GI. 7が9事例であった。また, GI. 3の RdRp 遺伝子型は, GI. 3[P3]が最も多く8事例, GI. 2では GI. 2[P2]が11事例, GI. 7では GI. 7[P7]が5事例検出された。全国の2013/14シーズンから2017/18シーズンの感染症発生動向調査におけるNoV 集団発生の遺伝子型別の報告¹⁷⁾

によると, GI. 3及び GI. 2が他の遺伝子型と比較して多く検出されており, 埼玉県は全国の状況と同様であった。埼玉県では, この間全国の報告にない GI. 8が1事例から検出された。この事例では, 複数の陽性者から NoVG I が3種類, NoVG II が3種類検出され, GI. 8の塩基配列は2007年に名古屋で検出された株と相同性が最も高かった。

(2) NoVG II の遺伝子型別結果

表7 NoVG IIシーズン別VP1遺伝子型別結果(事例数)

VP1 遺伝子型	10/11一部	11/12	12/13	13/14	14/15	15/16	16/17	17/18	18/19	19/20	20/21一部	計
GII.2	2	1	5	1	1	35	10	9	7			72
GII.3					5	1	5	1	4	2		18
GII.4	7	22	53	33	24	12	4	7	14	6	1	183
GII.5			1				1					2
GII.6			1	2	1	1			1			7
GII.7	1	1										2
GII.8								1	1			2
GII.12	1	2		1								4
GII.13	1				1	2						4
GII.14	1	4										5
GII.16			1									1
GII.17			2		29	24	7	13	1	4		80
GII.21	1				1	2	1					5
GII.NT	1	3	8	19	9		1	3				45

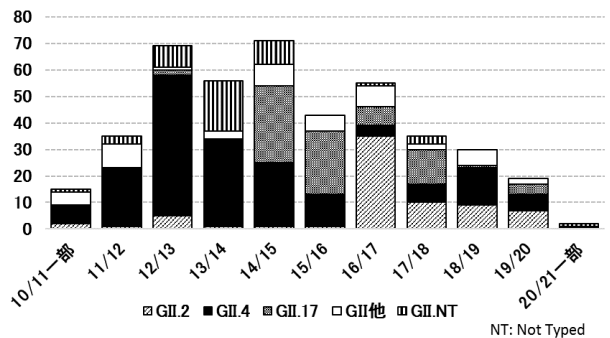


図3 NoVG IIシーズン別VP1遺伝子型別結果(事例数)

NoVG II の 遺伝子型別ができたのは420事例中375事例で, VP1遺伝子型及び RdRp 遺伝子型の両方が型別できたのは261事例だった。NoVG II の VP1遺伝子型は, 多いものから GII. 4が183事例, GII. 17が80事例, GII. 2が72事例であった。

2010/11シーズン一部から2013/14シーズンまでは GII. 4が流行の主流となっていたが, 2014/15シーズンと2015/16シーズンには GII. 17が全体の半数以上を占めた。

さらに2016/17シーズンには検出ウイルスの6割以上が GII. 2に置き換わったが、2017/18シーズン以降は GII. 2, GII. 4, GII. 17が混在して検出された。

国内では2003/04シーズン以降から GII. 4の流行が起こり様々な GII. 4 variant を形成しながら長く流行が続いていたが、2014年に川崎市で発見された GII. 17により主流の遺伝子型が置き換わり、2016/17シーズンは GII. 2による流行が発生した¹⁸⁻²⁰。埼玉県の検出状況は、国内での流行株の変化と同様の変遷を示していた。

3 NoV の系統樹解析

NoVGII のなかでも検出数が多かった GII. 2, GII. 4及び GII. 17の3種類の VP1遺伝子型が検出された事例について、各事例から1~2検体を選び、それぞれ RdRp 領域及び N/S 領域の系統樹を作成した。それぞれの系統樹には Chhabra らによるリファレンス株⁴の他、GII. 2では Mizukoshi らが解析で用いた株²¹を、GII. 4は各亜型の標準株²²を、GII. 17では Matsushima ら及び Singh らが解析に用いた株^{23, 24}を加えた。なお、系統樹作成に当たっては、解析領域内で同一の塩基配列だった株は一つにまとめ、それぞれの検出年と個数を図中に示した。一つにまとめたことにより系統樹上に表記されていない株については、RdRp 領域でのクラスター分類と VP1領域でのクラスター分類間で矛盾がないことを確認している。

(1) GII. 2の RdRp 領域及び N/S 領域の系統樹

GII. 2の RdRp 領域の系統樹を図4に、N/S 領域の系統樹を図5に示した。VP1遺伝子型が GII. 2であった72株のうち RdRp 遺伝子型が解析できた株は71株で、P16が68株、P2が2株、P31が1株であった。RdRp 領域の系統樹では、P16の中で、2016/17シーズン以降の株で構成されているクラスター、2012/13~2015/16シーズンに検出された株で構成されたクラスター、2011/12シーズン以前のクラスターの3つを形成した。2016/17シーズンに大流行を起こした GII. 2[P16]の RdRp 領域には、2016/17シーズン以前の GII. 2[P16]と比較して4つのアミノ酸置換があり、これが大流行を引き起こしたと考えられている²⁰。2011/12シーズン以前のクラスターには、本県で2013年に検出された GII. 16[P16]と2016年に検出された GII. 13[P16]がもつ RdRp 領域が含まれた。GII. 2[P2]は埼玉県では2015年を最後に検出されておらず、2016/17シーズンの流行を機に GII. 2[P16]に置き換わったと考えられた。また、GII. 2[P31]が1株検出されたが、DDBJ の塩基配列検索サービス (<http://ddbj.nig.ac.jp/arsa/>) には、GII. 2[P31] (旧表記法では GII. Pe-GII. 2) は本株と、2015年にオーストラリアで発見された株の2件しか登録されていなかった。

N/S 領域は、RdRp 遺伝子型の違いによってクラスターが分かれた。P16をもつ GII. 2の N/S 領域は、2016/17シーズン以前のものと同様のものと以降のもの異なるクラスターを形成した。

(2) GII. 4の RdRp 領域及び N/S 領域の系統樹

GII. 4の RdRp 領域の系統樹を図6に、N/S 領域の系統樹

を図7に示した。VP1遺伝子型が GII. 4であった183株のうち RdRp 遺伝子型が解析できた株は100株で、P31が66株、P4が27株、P16が5株、P12が2株であった。

埼玉県では2011年度当初は GII. 4 Den Haag 2006b [P4] と GII. 4 New Orleans 2009 [P4] が主流であったが、2012年10月に初めて GII. 4 Sydney 2012が検出されて以降、2014年11月に GII. 4 Den Haag 2006b が2事例検出された以外は、RdRp 領域については大部分が P31に置き換わり、N/S 領域については GII. 4 Sydney 2012に置き換わった。P4は他の VP1遺伝子型では検出されなかったが、P31は GII. 2でも検出された。P31は GII. 4のもつ RdRp 領域と GII. 2のものである系統樹上異なる場所に位置していた。

GII. 4[P16]は国内では2016年に川崎市、大阪市で検出された^{26, 27}。このウイルスのもつ RdRp は2016/17シーズン以降流行を起こしている GII. 2[P16]の RdRp と近縁であると報告されており²⁸、本件で検出された GII. 4[P16]と GII. 2[P16]の RdRp 領域も同じクラスターに含まれた (図4)。P16は GII. 16及び GII. 13でも検出されたが、GII. 4のもつ RdRp 領域と、GII. 16及び GII. 13のものとは系統樹上異なる場所に位置していた。

GII. 4[P12]は2018年に東京都で集団食中毒事例の発生報告があった²⁹。また、P12は GII. 3でも検出された。しかし、GII. 4[P12]と GII. 3[P12]の RdRp 領域の系統樹上での位置関係は、検体数が少ないため判断できなかった。

(3) GII. 17の RdRp 領域及び N/S 領域の系統樹

GII. 17の RdRp 領域及び N/S 領域の系統樹を図8に示した。GII. 17全80株のうち RdRp 遺伝子型が解析できた59株はすべて P17であり、他の VP1遺伝子型で P17を持つ株はなかった。RdRp 領域では、2014年に検出された kawasaki308 (アクセッション番号: LC037415) を含むクラスター1と、2015年に検出された Kawasaki323 (AB983218) を含むクラスターに分かれた。2002年に検出された SaitamaT78 (KJ196286) と同一クラスターに含まれた株はなかった。クラスター1に含まれる株のほうがクラスター2に含まれる株よりも多かった。このことは、他の自治体からも同様の報告がされている^{18, 23, 29, 30}。しかし、N/S 領域の系統樹では、クラスター1とクラスター2が明確に区別できなかった。これは、N/S 領域が最も保存性の高い領域であるためではないかと考えられる。超可変領域である P2ドメインを含む VP1領域全体で解析するとより明白になると考えられる。

結語

埼玉県で2011年度から2020年度に食中毒関連検査で検出されたウイルスの動向は、全国的な流行状況と同様の推移を示していた。NoV においては、新規の変異型ウイルスによる全国的な大流行を反映しており、NoV 以外のウイルスにおいては、局所的な流行はとらえられず、散発的に検出されたにとどまった。

2020年度は、埼玉県だけでなく全国的にみても食中毒事

例が例年と比較して大幅に減少した。食中毒原因微生物による食中毒の発生が抑えられているということは、その感受性者が蓄積しているとも言え換えることができる。特に埼玉県における近年のNoV検出状況は、様々な遺伝子型のウイルスが混在しており、いつ新たな変異株による大流行がおこってもおかしくない状況である。

今後も引き続き、市中流行株の動向を把握する必要がある。

文献

- 1) 食安監発第1105001号 厚生労働省医薬食品局食品安全部監視安全課長通知 平成15年11月5日
- 2) Oka T, Katayama K, Hansman GS, et al.: Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction. *J. Medic. Virol*, 78, 1347-1353, 2006
- 3) 田所健一, 山口敏和, 篠原美千代: マルチプレックス-リアルタイムPCRを用いた感染症胃腸炎ウイルスの網羅的検出法の開発. *臨床と微生物*, 36, 251-256, 2009
- 4) Chhabra P, de Graaf M, Parra GI, et al.: Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. *J Gen Virol*, 100, 1393-1406, 2019
- 5) 厚生労働省: 食中毒統計資料, https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryou/shokuhin/syokuchu/04.html (参照2021-7-4)
- 6) 国立感染症研究所: <特集> ロタウイルス 2004年9月~2019年8月, 病原微生物検出情報, 40(12), 201-204, 2019
- 7) 鈴木典子, 篠原美千代, 江原勇登, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2019年度), 埼玉県衛生研究所報, 54, 78-83, 2020
- 8) 鈴木典子, 篠原美千代, 富岡恭子, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2018年度), 埼玉県衛生研究所報, 53, 81-86, 2019
- 9) 鈴木典子, 内田和江, 富岡恭子, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2017年度), 埼玉県衛生研究所報, 52, 95-100, 2018
- 10) 鈴木典子, 内田和江, 富岡恭子, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2016年度), 埼玉県衛生研究所報, 51, 80-85, 2017
- 11) 鈴木典子, 内田和江, 富岡恭子, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2015年度), 埼玉県衛生研究所報, 50, 105-107, 2016
- 12) 鈴木典子, 内田和江, 棚倉雄一郎, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2014年度), 埼玉県衛生研究所報, 49, 64-68, 2015
- 13) 富岡恭子, 内田和江, 棚倉雄一郎, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2013年度), 埼玉県衛生研究所報, 48, 59-63, 2014
- 14) 内田和江, 島田慎一, 富岡恭子, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2012年度), 埼玉県衛生研究所報, 47, 78-81, 2013
- 15) 篠原美千代, 内田和江, 島田慎一, 他: 感染症発生動向調査におけるウイルス検出状況 (2011年度), 埼玉県衛生研究所報, 46, 76-78, 2012
- 16) 埼玉県: 埼玉県保健統計年報, <https://www.pref.saitama.lg.jp/a0701/hokentoukei.html> (参照2021-9-8)
- 17) 国立感染症研究所: <資料> ノロウイルス集団発生の報告, シーズン別病原体検出状況 (2013/14~2017/18シーズン), 病原微生物検出情報, 40(1), 16, 2019
- 18) 松島勇紀, 石川真理子, 清水智美, 他: <特集関連情報> 世界的流行が懸念される新型ヒトノロウイルス GII.P17-GII.17の分子進化, 病原微生物検出情報, 38(1), 6-8, 2017
- 19) Motoya T, Nagasawa K, Matsushima Y, et al.: Molecular Evolution of the VP1 Gene in Human Norovirus GII.4 Variants in 1974-2015, *Front Microbiol*, 8, doi: 10.3389/fmicb.2017.02399, 2017
- 20) Nagasawa K, Matsushima Y, Motoya T, et al.: Phylogeny and Immunoreactivity of Norovirus GII.P16-GII.2, Japan, Winter 2016-17, *Emerg Infect Dis*, 24(1), 144-148, 2018
- 21) Mizukoshi F, Nagasawa K, Doan YH, et al.: Molecular Evolution of the RNA-Dependent RNA Polymerase and Capsid Genes of Human Norovirus Genotype GII.2 Japan during 2004-2015, *Front Microbiol*, 8, doi: 10.3389/fmicb.2017.00705, 2017
- 22) 国立感染症研究所: ノーウォークウイルス (ノロウイルス) の遺伝子型 (2015年改訂版), <https://www.niid.go.jp/niid/ja/id/778-disease-based/na/norovirus/idsc/iasr-news/5913-pr4274.html> (参照2021-7-4)
- 23) Matsushima Y, Mizukoshi F, Sakon N, et al.: Evolutionary Analysis of the VP1 and RNA-Dependent RNA Polymerase Regions of Human Norovirus GII.P17-GII.17 in 2013-2017, *Front Microbiol*, 10, doi: 10.3389/fmicb.2019.02189, 2019
- 24) Singh BK, Anna K, Lisa H, et al.: Structural Evolution of the Emerging 2014-2015 GII.17 Noroviruses, *J Virol*, 90(5), 2710-2715, 2016
- 25) 世田谷区世田谷保健所生活保健課, 他: 都内で発生したノロウイルス GII.P12-GII.4 Sydney_2012による食中毒事例について, 病原微生物検出情報, 39(8), 146-147, 2018
- 26) Matsushima Y, Shimizu T, Ishikawa M, et al.: Complete Genome Sequence of a Recombinant GII.P16-GII.4

- Norovirus Detected in Kawasaki City, Japan, in 2016, *Genome Announc*, 4, doi: 10.1128/genomeA.01099-16, 2016
- 27) 入谷展弘, 上林大起, 改田厚, 他: 集団胃腸炎事例からのノロウイルス GII.P16-GII.4 Sydney_2012の検出—大阪市, 病原微生物検出情報, 37(7), 136-137, 2016
- 28) Christopher R, Sunando R, Julianne RB, et al.: The emerging GII.P16-GII.4 Sydney 2012 norovirus lineage is circulating worldwide, arose by late-2014 and contains polymerase changes that may increase virus transmission, *PLoS One*, 12(6), doi: 10.1371/journal.pone.0179572, 2017
- 29) 古川英臣, 松藤貴久, 財津修一, 他: <特集関連情報>福岡市におけるノロウイルス (NoV) GII.17の検出状況, 病原微生物検出情報, 38(1), 4-5, 2017
- 30) 宗村佳子, 木本佳那, 小田真悠子, 他: <特集関連情報>東京都におけるノロウイルス GII.17流行の分子疫学, 病原微生物検出情報, 38(1), 5-6, 2017

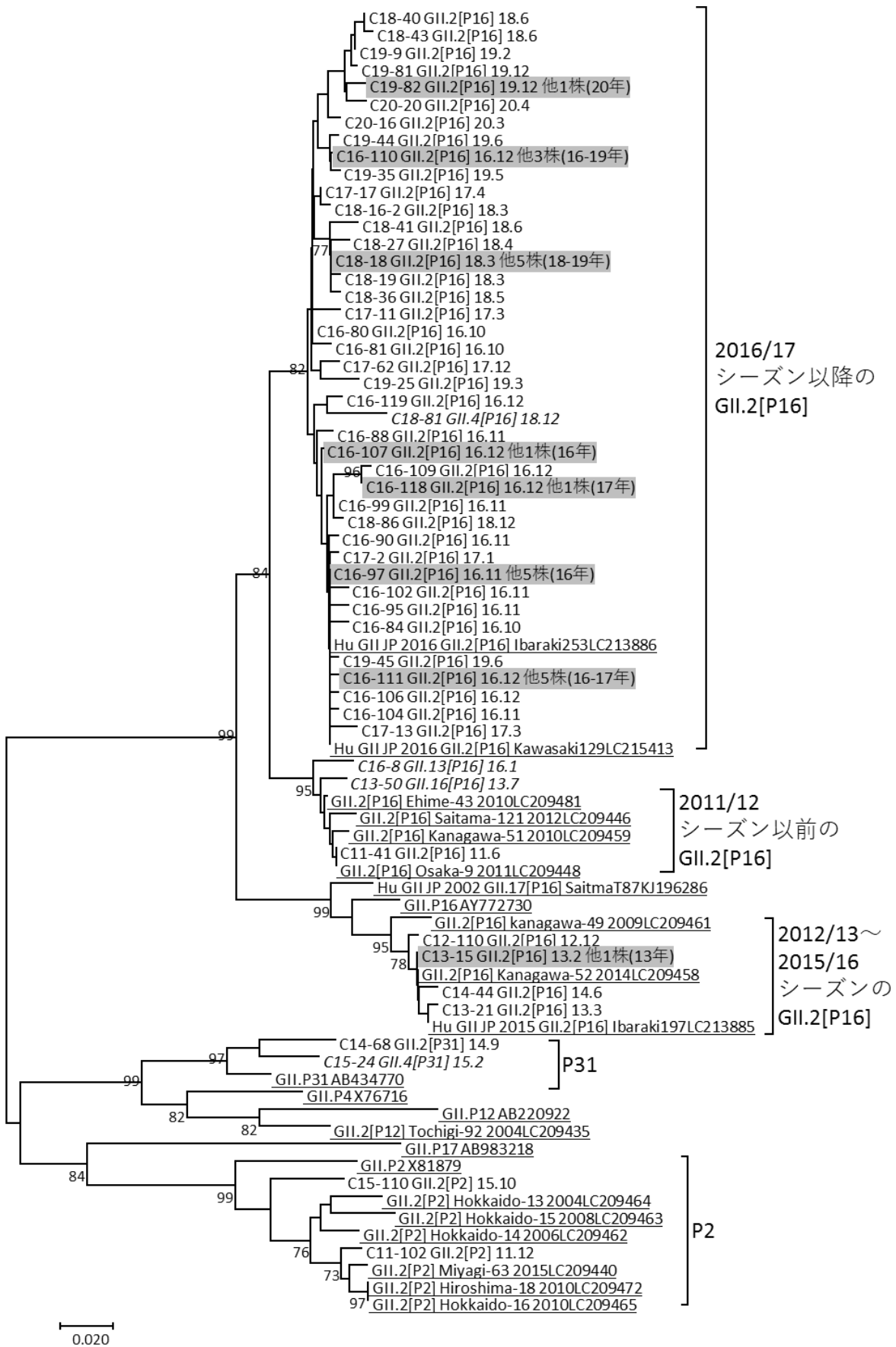


図4 NoV GII.2 RdRp 領域系統樹 760 塩基 (NJ 法)

検体名は C 受付年-事件番号 VP1 型[RdRp 型] 発生年. 月となっている. 斜体は別の VP1 遺伝子型の株である.

参照株(下線)の名称は 遺伝子型 アクセション番号となっている.

同じ配列で複数検出されたものは網掛けで示しており, 一番初めに検出された事件番号 他〇株 (他の株の検出年)となっている.

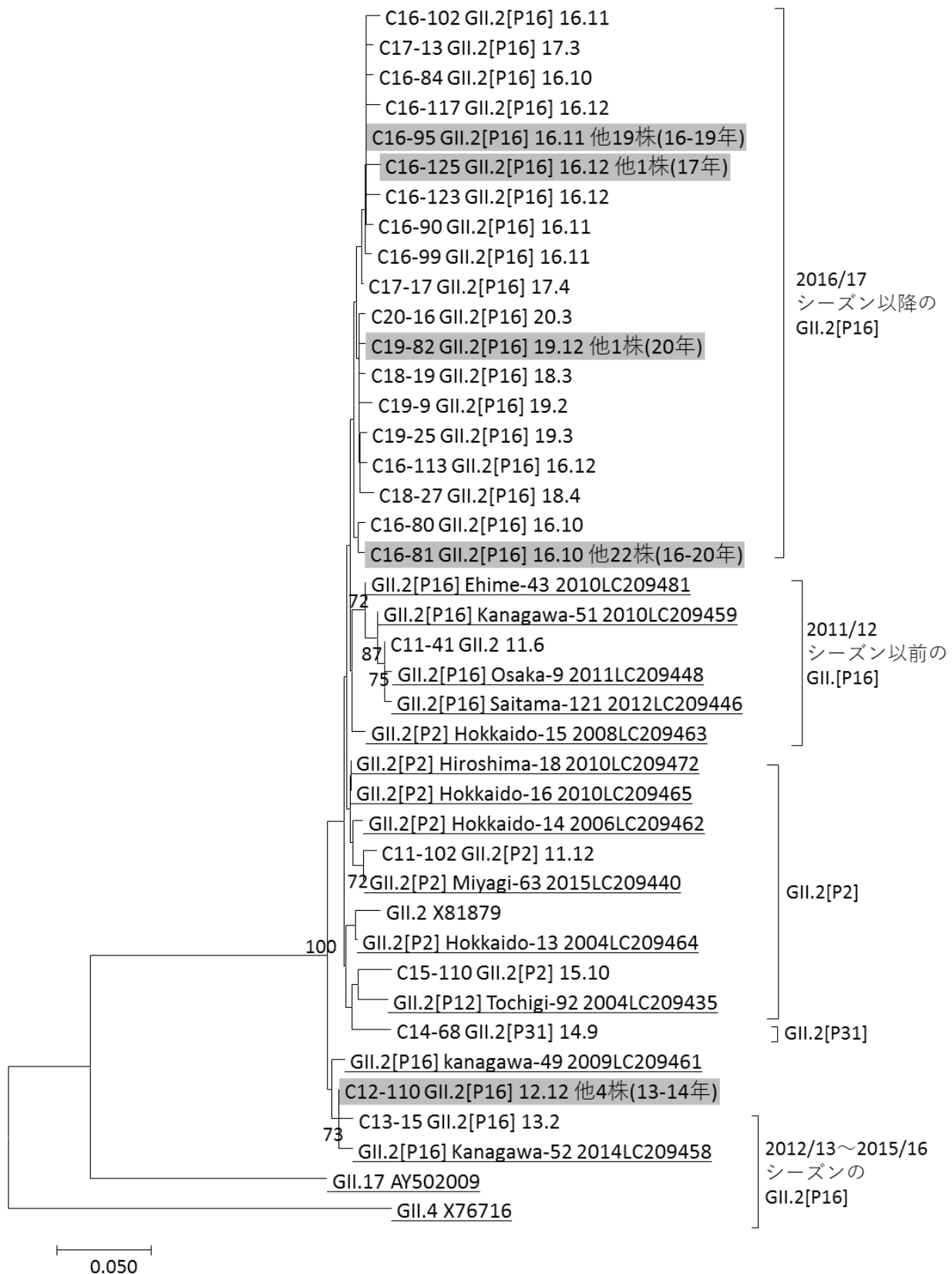


図5 NoV GII.2 N/S 領域系統樹 289 塩基(NJ 法)

検体名は C 受付年-事件番号 VP1 型[RdRp 型] 発生年. 月となっている。

参照株(下線)の名称は 遺伝子型 アクセション番号となっている。

同じ配列で複数検出されたものは網掛けで示しており、一番初めに検出された事件番号 他〇株 (他の株の検出年)となっている。

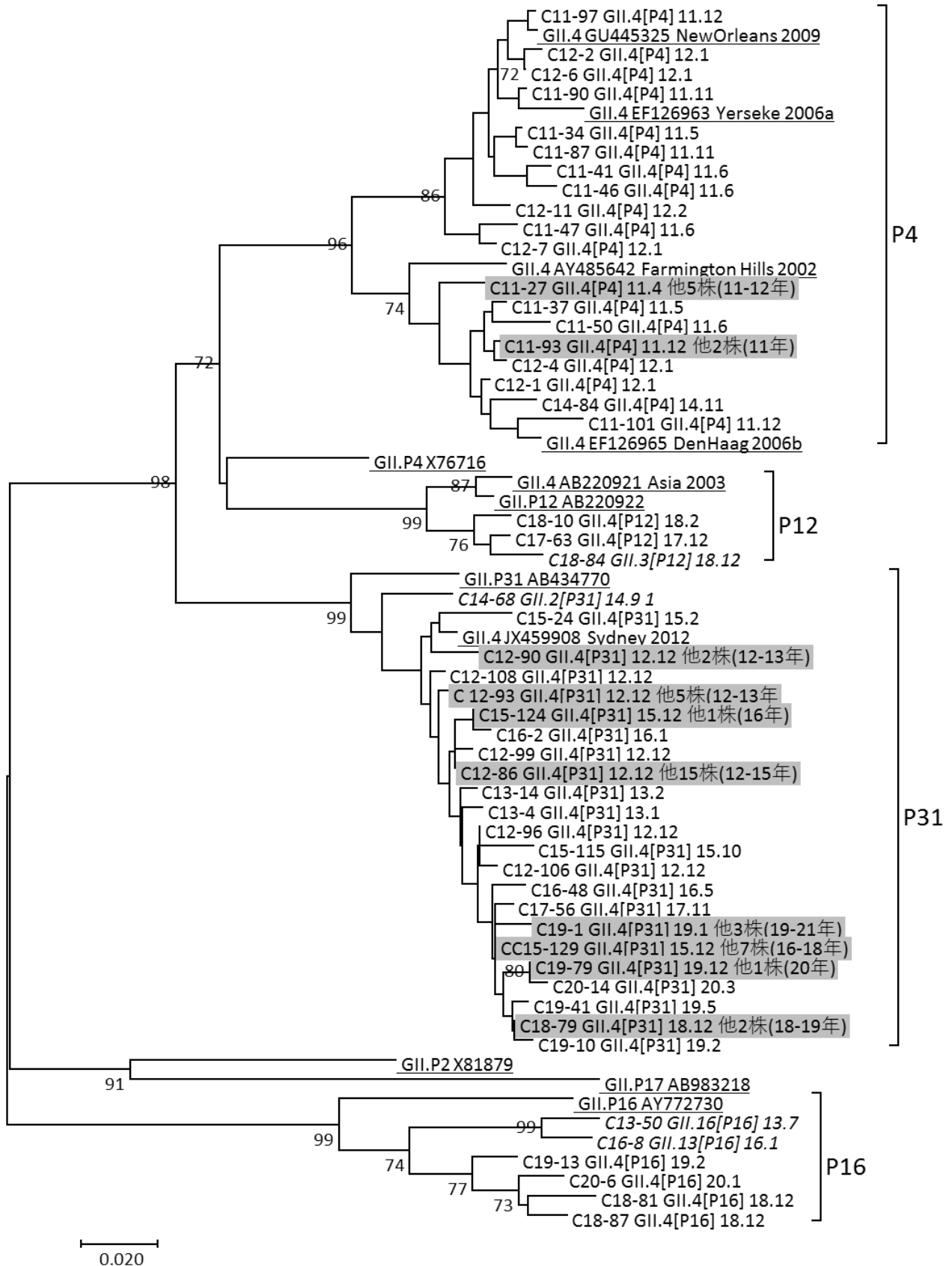


図6 NoV GII.4 RdRp 領域系統樹 760 塩基(NJ 法)

検体名は C 受付年-事件番号 VP1 型[RdRp 型] 発生年. 月となっている。斜体は別の VP1 遺伝子型の株である。

参照株(下線)の名称は 遺伝子型 アクセション番号となっている。

同じ配列で複数検出されたものは網掛けで示しており、一番初めに検出された事件番号 他〇株 (他の株の検出年)となっている。

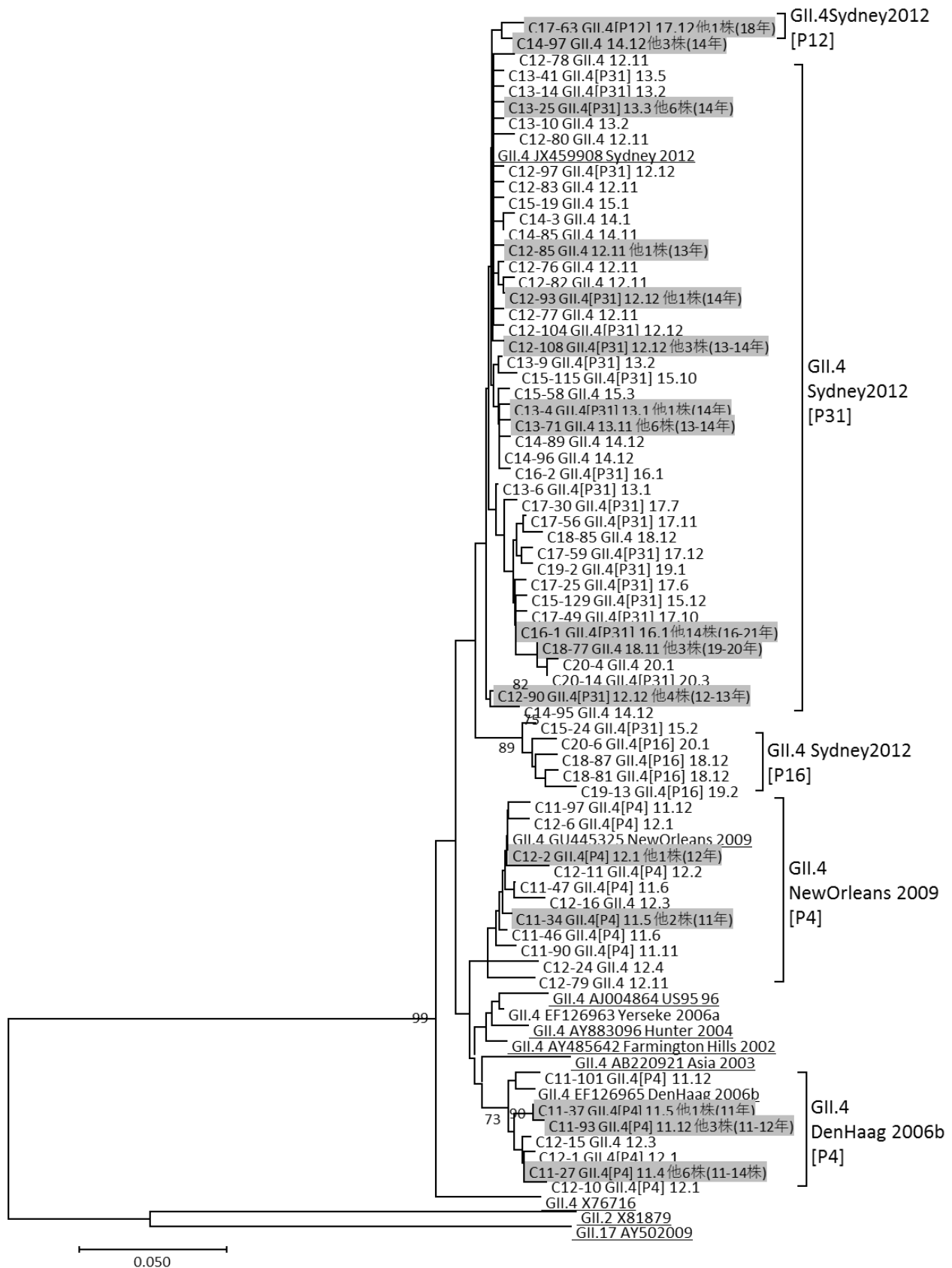


図7 NoV GII.4 N/S 領域系統樹 289 塩基 (NJ 法)

検体名は C 受付年-事件番号 VP1 型[RdRp 型] 発生年. 月となっている。

参照株(下線)の名称は 遺伝子型 アクセション番号となっている。

同じ配列で複数検出されたものは網掛けで示しており、一番初めに検出された事件番号 他〇株 (他の株の検出年)となっている。

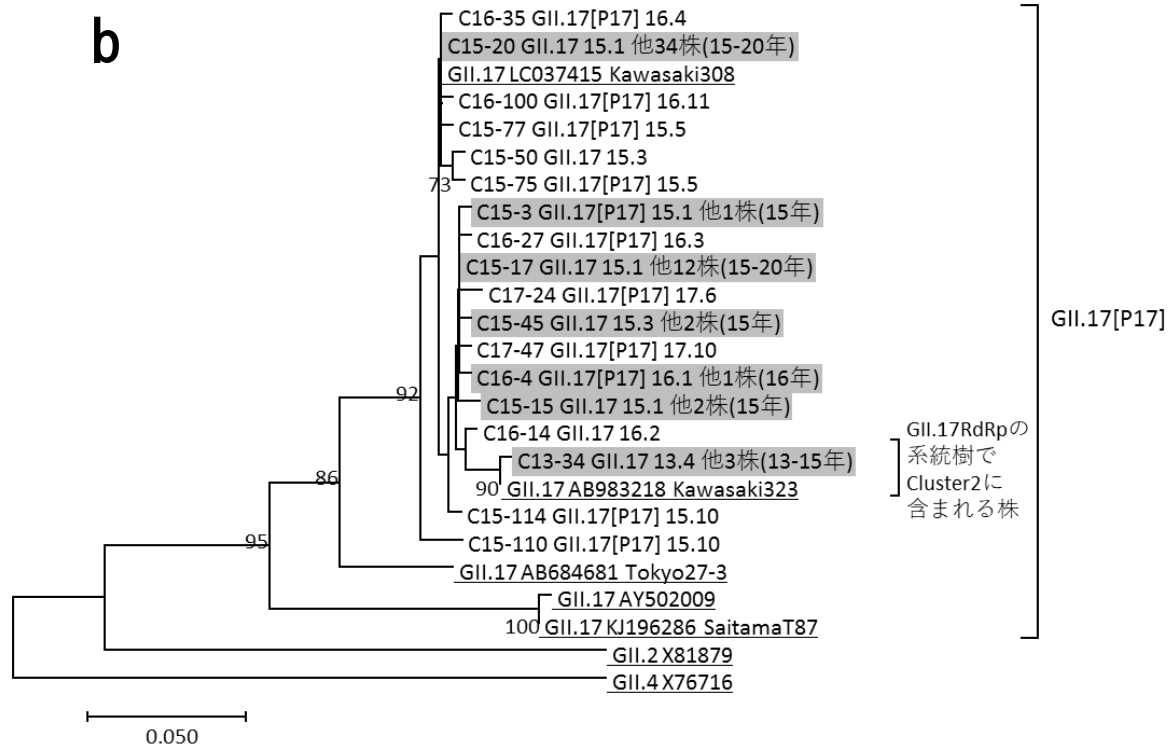
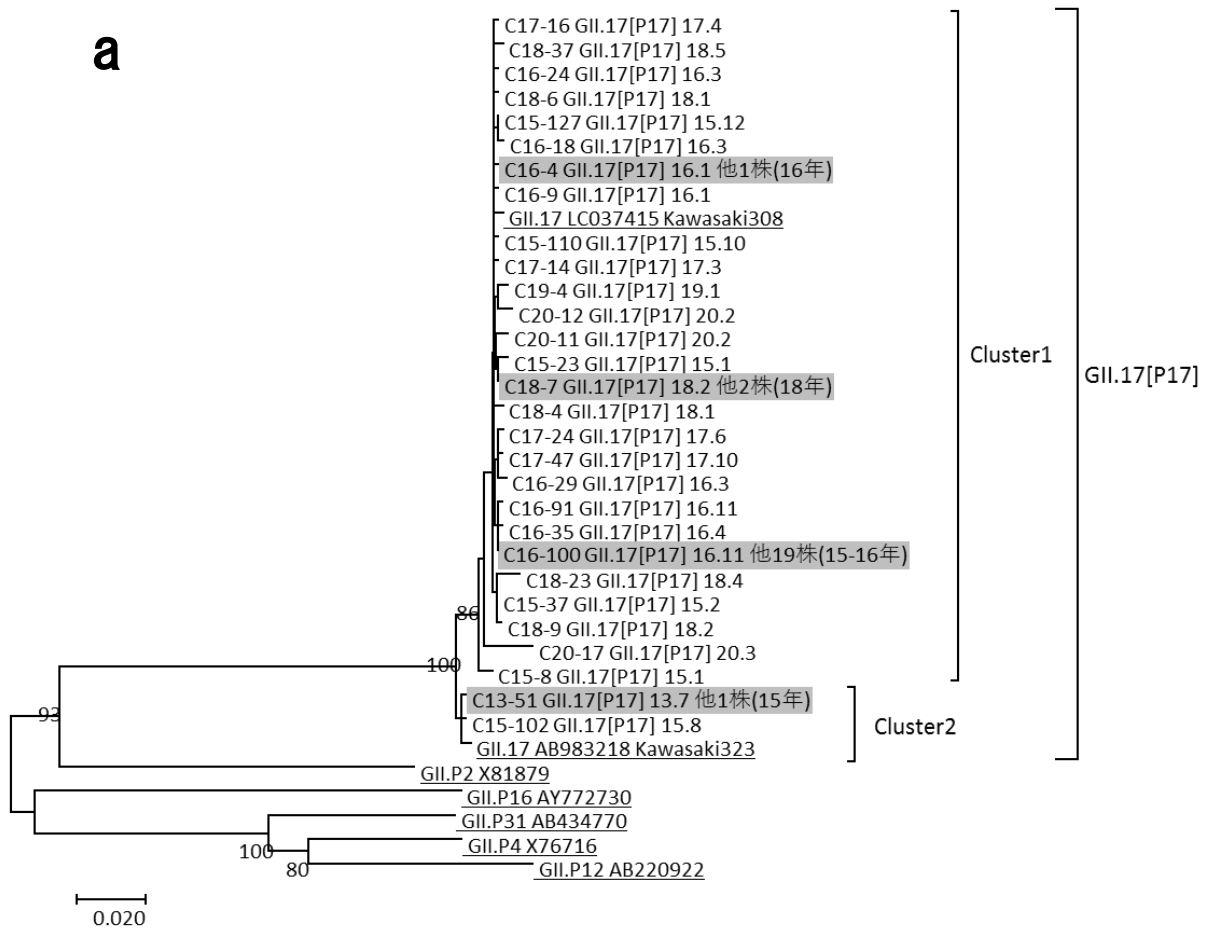


図8 NoV GII.17 系統樹(NJ法)

a RdRp 領域(760 塩基), b N/S 領域(298 塩基)

検体名は C 受付年-事件番号 VP1 型[RdRp 型] 発生年. 月となっている.

参照株(下線)の名称は 遺伝子型 アクセシオン番号となっている.

同じ配列で複数検出されたものは網掛けで示しており, 一番初めに検出された事件番号 他○株 (他の株の検出年)となっている.