

埼玉県における食中毒関連検査のウイルス検出状況（2019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 福島浩一

Report on Detection of Virus from Food Poisoning in Saitama (April 2019–March 2020)

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

はじめに

2019年に全国で発生した食中毒事例のうちノロウイルス (NoV) が原因とされたものは、212事例、患者数6,889人であり、2018年と比較して事例数、患者数ともに減少した¹⁾。しかし、依然として食中毒全体の患者数の約半数を占めており、食中毒の主要な病原体となっている。埼玉県においてもNoVを原因とした多くの食中毒事例が発生している。今回、2019年度の当所における食中毒関連検査のウイルス検出状況及びノロウイルスの遺伝子解析結果について報告する。

対象および方法

2019年4月から2020年3月の間に食中毒疑いとして搬入された77事例、372の糞便検体を対象とした。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、NoV 遺伝子群 I (NoVGI) 及び遺伝子群 II (NoVGII) 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)、ロタウイルス A 群 (RotaA)、ロタウイルス C 群 (RotaC) 及びアストロウイルス (AstV)

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^{2,3,4)}。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、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。また、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。型別表記はProposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping⁵⁾の推奨表記法に準じ、遺伝子群. RdRp 遺伝子型 (P) -遺伝子群. VP1遺伝子型 (G+数字. P+数字-G+数字. 数字) のように記載した。

結果及び考察

1 遺伝子検出結果

2019年度の食中毒関連検査状況を表1に示した。NoVGI とNoVGII の両方が検出された検体はそれぞれに集計した。

県内発生事例は2018年度と比べ減少し⁶⁾、27事例215検体の検査を実施した。内訳は患者127検体、調理従事者88検体であった。県外発生の関連調査事例（以下、関連調査事例という）は50事例157検体の検査を実施した。

表1 食中毒関連検査状況

年月	事例数 (合計)	県内事例					関連調査事例								
		事例数*	患者 検体数	検出ウイルス			従事者 検体数	検出ウイルス			事例数*	患者 検体数	検出ウイルス		
				GI	GII	その他		GI	GII	その他			GI	GII	その他
2019年4月	8	3	18							5 (3)	13			4	4(RotaA)
5月	10	4 (1)	8		1		14			6 (3)	21			6	
6月	6	4 (1)	14		5		9			2 (1)	2			1	
7月	6	3	25				16			3	5				
8月	7	2	4							5	34				
9月	4									4 (1)	6			1	
10月	3	2	6				2			1	5				
11月	5									5 (1)	5		1		
12月	9	4 (2)	31 [†]		23		22		5	5 (4)	10		3**	5**	
2020年1月	5									5 (3)	24		5	16	
2月	8	1	6				7			7 (6)	11 ^{††}		1**	9**	
3月	6	4 (2)	15		7		18		2	2 (2)	21			18	
計	77	27 (6)	127		0	36	0	88		0	7	0	50 (24)	157	4

GI NoV GI

GII NoV GII

RotaA ロタウイルスA群

* ()内陽性事例数再掲

** GI,GIIの両方が検出された検体はそれぞれに集計した。

† 非発症者2件を含む

†† 非発症者1件を含む

NoV は県内発生事例では5月及び6月に各1事例、12月及び3月に各2事例から検出された。全て NoVGII であった。一方、関連調査事例では11月～3月の6事例から NoVGI が検出され、4月～6月、9月及び12月～3月の17事例から NoVGII が検出された。また、12月～2月にはNoVGI 及びNoVGII の両方が検出された事例が3事例あった。12月及び2月の2事例からは同一の検体から NoVGI, NoVGII 両方が検出されたものがあつた。

NoV 以外のウイルスは、4月の関連調査事例1事例7検体について SaV, AstV 及び RotaA の検査を実施し、4検体から RotaA が検出された。また、12月の県内発生事例1事例5検体について SaV, AstV, RotaA 及び RotaC の検査を実施し、全て不検出だった。

2 NoV 遺伝子型別と系統樹解析

県内発生事例6事例18検体、関連調査事例23事例34検体の遺伝子型別ができた。県内発生事例の6事例18検体は全て NoVGII であり、関連調査事例の内訳は NoVGI が5事例9検体、NoVGII が20事例26検体であった。検出された遺伝子型を表2に示した。NoVGI は4種類、NoVGII は5種類の RdRp 領域及び N/S 領域の型の組み合わせが検出された。

なお、Chhabra らにより NoV の遺伝子型が新たに細分化され⁷⁾、2019年9月から Norovirus Genotyping Tool が更新されているため、昨年度以前の報告とは表記が異なる遺伝子型がある。

2019年度は2018年度に検出数の多かった GII. P16-GII. 2 が最も多く、29事例中11事例から検出された。次いで GII. P31-GII. 4が、29事例中7事例から検出された。2017年12月に新たに報告された組み換えウイルス GII. P12-GII. 4 Sydney_2012は⁹⁾、2019年度も埼玉県では確認されなかった。

生カキの喫食が確認された事例は4事例あり、2事例から GI. P2-GI. 2が検出された。1事例から NoVGI と NoVGII が検出されたが、NoVGI は遺伝子型別ができなかった。NoVGII の遺伝子型は GII. P16-GII. 2であった。残りの1事例からは NoV は検出されなかった。

表2 検出NoV遺伝子型

NoV GI	検出事例数	NoV GII	検出事例数
GI.P2-GI.2	2	GII.P16-GII.2	11
GI.P1-GI.1	1	GII.P31-GII.4	7
GI.P3-GI.3	1	GII.P17-GII.17	4
GI.P7-GI.7	1	GII.P12-GII.3	2
		GII.P16-GII.4	1
		(GII.4)	1

[遺伝子群. RdRp遺伝子型-遺伝子群. VP1遺伝子型]
()内は、VP1領域のみ遺伝子型別ができた株

NoVGI の RdRp 領域の系統樹を図1a に示した。GI. P2は11月、12月に1事例ずつ合計2事例から検出され、それぞれの塩基配列は類似していた。この他、2018年度には検出されなかった GI. P1と GI. P7が1事例ずつから検出された。2019

年度検出の GI. P1は2016年度に検出されたもの⁹⁾と、GI. P7は2017年度に検出されたもの¹⁰⁾と塩基配列が類似していた。

NoVGII の N/S 領域の系統樹を図1b に示した。GI. 2の2事例の塩基配列は一致した。2019年度検出の GI. 1及び GI. 7は RdRp 領域と同様に、GI. 1は2016年度に検出されたものと、GI. 7は2017年度に検出されたものと塩基配列が類似していた。

NoVGII の RdRp 領域の系統樹を図2a に示した。2019年度に検出された主要な RdRp 遺伝子型は GII. P16で、2018年度に検出された株と塩基配列は類似していた。GII. P16の VP1 遺伝子型は多くは GII. 2であったが、1株は VP1遺伝子型 GII. 4であった (図2a 20-6 P16-4 20.2)。この組み合わせは2016年に大阪市から報告された GII. P16-GII. 4 Sydney2012変異株¹¹⁾と同じ遺伝子型であり、2019年度に感染症発生動向調査で感染性胃腸炎として搬入された便検体からも1件検出された。GII. P16は VP1遺伝子型が GII. 2であるものと GII. 4であるもので異なるクラスターを形成した。また、2016年度に検出された GII. P16-GII. 13の組み合わせを持つ株 (図2a ◇17-9 P16-13 17.3) は、VP1遺伝子型が GII. 2であるものと GII. 4であるもので構成されたクラスターとは系統樹上異なる場所に位置した。

NoVGII の N/S 領域の系統樹を図2b に示した。2019年度に検出された主要な VP1遺伝子型は GII. 2及び GII. 4で、2017年度から同様の傾向が続いている。GII. 2の塩基配列は、2018年度に検出された株と類似していた。一方、GII. 4は RdRp 遺伝子型が GII. P16と GII. P31のもので異なるクラスターを形成した。GII. 4の中で1株 RdRp 領域の解析ができなかったもの (図2b 20-1 GII. 4 20.1) があるが、N/S 領域が系統樹上 RdRp 遺伝子 GII. P31のクラスターに含まれることから、この株の RdRp 遺伝子型は GII. P31である可能性が考えられた。

結語

2019年度に検出された主な NoV の遺伝子型は2018年度⁹⁾と同様であった。系統樹解析の結果においても2018年度と2019年度に検出された株の塩基配列は類似していた。このことから、埼玉県では2018年度から2019年度にかけては同様の傾向で NoV の食中毒が発生していたことが示唆された。

2019年12月に中国で発見された新型コロナウイルスの流行拡大の影響により、持ち帰り (テイクアウト) や宅配 (出前) の需要が増え、食中毒のリスクが高まるとして厚生労働省は注意喚起の通知を发出了¹²⁾。また、新しい生活様式¹³⁾が提唱され、平時から手洗いの励行や人との身体的距離の確保等の感染拡大防止のための生活を徹底することが呼びかけられている。こうした食に関する環境の変化や、国民の感染症対策への意識の向上により、食中毒の流行状況も変化する可能性がある。今後も引き続き、原因特定のために速やかな解析を行い、市中流行株の動向を把握する必要がある。

文献

- 1) 厚生労働省：食中毒統計資料
https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryuu/shokuhin/syokuchu/04.html
(2020-7-13参照)
- 2) 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
- 3) T.Oka, K.Katayama, GS.Hansman, et.al :Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction. J.Medic.Virol, 78, 1347-1353, 2006
- 4) 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
- 5) Kroneman A, Vega E, Vennema H, et al. : Proposal for a unified norovirus nomenclature and genotyping. Arch Virol, 10, 2059-2068, 2013
- 6) 小川泰卓, 峯岸俊貴, 青沼えり, 他: 埼玉県における食中毒関連検査のウイルス検出状況 (2018年度), 埼玉県衛生研究所報, 53, 92-96, 2019
- 7) Chhabra P, de Graaf M, Parra GI, et al. : Updated classification of norovirus genogroups and genotypes. J Gen Virol.100, 1393-1406, 2019
- 8) 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
- 9) 峯岸俊貴, 富岡恭子, 鈴木典子, 他: 埼玉県におけるウイルスを原因とする食中毒関連検査状況 (2016年度), 埼玉県衛生研究所報, 51, 92-95, 2017
- 10) 峯岸俊貴, 富岡恭子, 鈴木典子, 他: 埼玉県における食中毒関連検査のウイルス検出状況 (2017年度), 埼玉県衛生研究所報, 52, 106-109, 2018
- 11) 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
- 12) 薬生食監発0508第2号厚生労働省医薬・生活衛生局食品監視安全課長通知 令和2年5月8日
- 13) 厚生労働省: 新型コロナウイルスを想定した「新しい生活様式」の実践例を公表しました
https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/0000121431_newlifestyle.html (2020-7-13参照)

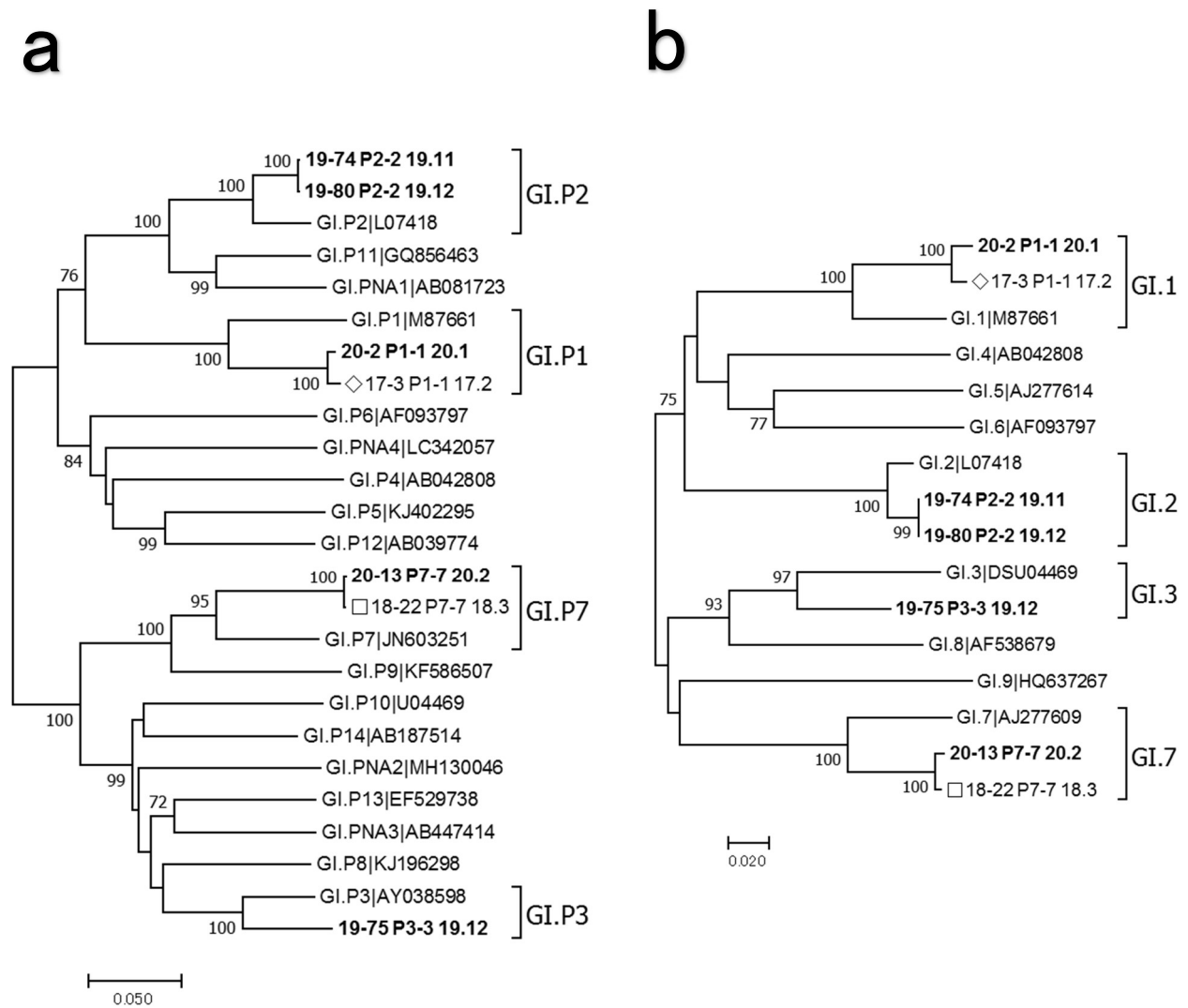


図1 NoV GI系統樹(NJ法)

a RdRp 領域(760 塩基), b N/S 領域(298 塩基)

当所で2019年度に解析した検体は太字とし, 検体名は 事件番号 RdRp 型(P+番号)-VP1 型 発生年. 月となっている. 参照株の名称は 遺伝子型 | アクセション番号となっている.

◇ 2016年度検出株 □ 2017年度検出株

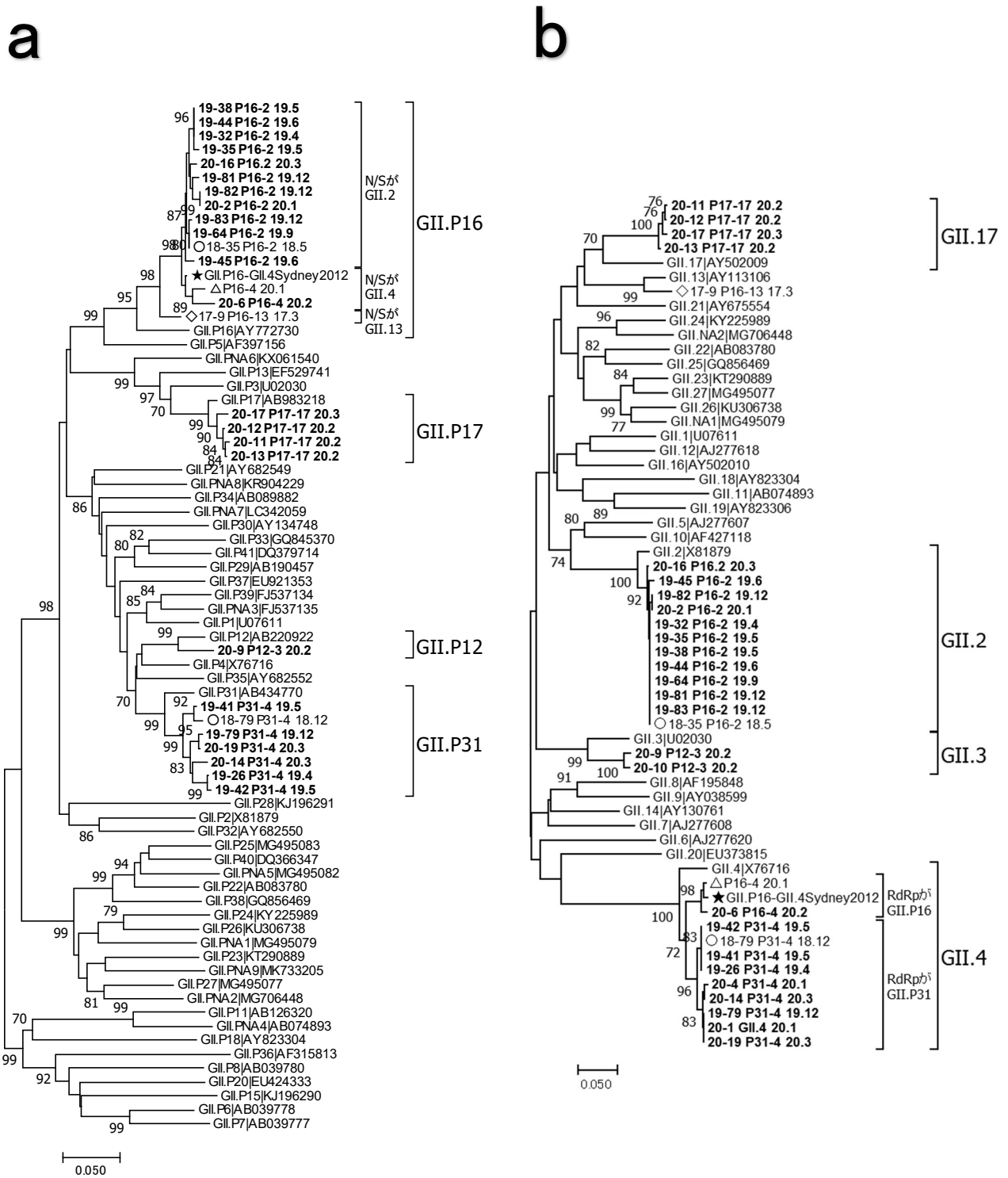


図2 NoV GII 系統樹(NJ 法)

a RdRp 領域(265 塩基), b N/S 領域(281 塩基)

当所で 2019 年度に解析した検体は太字とし, 検体名は 事件番号 RdRp 型(P+番号)-VP1 型 発生年. 月となっている. 参照株の名称は 遺伝子型 | アクセション番号となっている.

◇ 2016 年度検出株 ○ 2018 年度検出株 △ 2019 年度発生動向調査検出株

★ GII.P16-GII.4 Sydney2012 変異株(2016 年大阪市報告)LC153122