

茨城県内におけるサポウイルス発生施設におけるサポウイルスの分子疫学解析

茨城県衛生研究所

○絹川恵里奈 大久保朝香 堀江育子 永田紀子 阿部櫻子 内田好明 上野絵里

【背景と目的】

茨城県内のサポウイルスによる感染性胃腸炎集団発生事例は、多くの事例で繰り返し発生することは少ない。しかし、県内に所在する保育施設 A は、2019 年 2 事例、2022 年 2 事例、2023 年 1 事例の計 5 回のサポウイルス検出事例が発生しており、県内の他施設と比べて発生件数は極めて多かった。発生が繰り返される要因として、近隣で流行しているサポウイルスが施設内に侵入し拡散しやすい状況であることが考えられるが、施設内の不顕性感染者がウイルスを長期排泄し、集団発生の要因となっている可能性も考えられる。そこで本調査では、検出されたサポウイルスについて遺伝子型別及び分子疫学解析を行い、ウイルスの遺伝学的側面から発生が繰り返される要因を検索した。

【材料と方法】

QIAmp Viral RNA Mini Kit により RNA を抽出し、リアルタイム PCR 法によりサポウイルス遺伝子の検出を試みた。サポウイルスの遺伝子が検出された件数は、2019 年 1 回目は 4 検体、2 回目は 3 検体、2022 年 1 回目は 2 検体、2 回目は 3 検体、2023 年は 11 検体であった。リアルタイム PCR 法により遺伝子が検出された検体は、ダイレクトシークエンス法により、塩基配列を明らかにした。得られた塩基配列から遺伝子型を決定し、分子疫学的解析を実施した。

【結果】

遺伝子型に関しては、2019 年 1 回目は G II.1、2 回目は G I.1、2022 年 1 回目は G I.1、2 回目は G I.1、2023 年は G II.3 が検出された。分子疫学的解析の結果、同じ遺伝子型の事例であっても異なるクラスターに分類されており、同一クラスターに分類されなかった。

【考察】

当該施設ではサポウイルスによる集団胃腸炎発生が等に多く、その原因となるウイルスは複数の遺伝子型であることがわかった。また、同一の遺伝子型でも異なるクラスターに分類されるウイルスであることから、不顕性感染者由来ではなく、地域で流行しているウイルスが施設内にたびたび侵入し、集団発生を起こしていると考えられた。今後は施設内の感染対策について徹底する必要があると考えられる。