

## 茨城県で過去4シーズンに検出されたノロウイルス遺伝子型 GII.17 の分子疫学

茨城県衛生研究所 ウイルス部

○梅澤昌弘, 黒澤美穂, 後藤慶子, 土井育子, 本谷匠, 永田紀子, 小林雅枝

### 1 はじめに

2015年, 本邦(埼玉県, 長野県および川崎市)において, 食中毒事例からノロウイルス(NoV) GII.P17-GII.17 (以下 GII.P17-GII.17)の検出が初めて報告された。GII.P17-GII.17 は, 以前に検出された GII.17 や GII.4 と大きく抗原性が異なることも示唆された。最近の調査によれば, GII.P17-GII.17 は, 関東近隣のみならず, 全国規模で検出されていることも明らかになった。以下, 本県における過去4シーズン(2012年9月から2016年4月まで)の食中毒事例および感染性胃腸炎から検出された GII.17 の動向について報告する。

### 2 材料および方法

2012年9月~2016年4月末までに NoV GII が検出された遺伝子を用いて, 常法により, NoV のポリメラーゼ領域およびキャプシド領域を RT-PCR 法により増幅し, ダイレクトシーケンシング法により得られた塩基配列を基に Norovirus genotyping tool により遺伝子型を決定した。次に, キャプシド領域(282bps)の分子系統樹解析を最尤法(ML 法)によって行った。なお, これらの解析は原則として, 1事例につき1株ずつ行った。

### 3 結果および考察

キャプシド領域により GII.17 と決定された 65 株について, ポリメラーゼ領域の解析を行った結果, そのうち 60 株は GII.P17-GII.17 であった。なお, 残り 5 株については, ポリメラーゼ領域の遺伝子増幅が困難であったため, 同領域の遺伝子型は決定できなかった。調査期間中, 2013/14 シーズンまで, 本県において検出された遺伝子型の大半は GII.4 であった。しかし, 2014/15 シーズン以降, GII.P17-GII.17 が GII.4 と同様に多く検出されるようになった。また, 2012/13, 2013/14 シーズンにおいても, GII.P17-GII.17 が 1 事例ずつ検出されていた。

次に, GII.17 と GII.4 にて月別の検出状況を比較すると GII.17 の検出は, GII.4 より数ヶ月遅れて検出のピークを迎えた。さらにキャプシド領域(282bps)の塩基配列に基づく最尤法による分子系統樹(塩基置換モデル: k80 invariant)の結果, 本県で 2013/14 シーズンまで検出された 2 株の GII.P17-GII.17 は, 川崎市で 2014 年の検体から検出された Hu/GII.P17 GII.17/Kawasaki323/2014/JP (Kawasaki323 株)と 100%塩基配列が一致した。それ以降に検出された株は, Kawasaki323 株と比較して, Hu/GII.P17 GII.17/Kawasaki308/2015/JP (Kawasaki308 株) と塩基配列相同性の高い株が大半を占めた。また, 本県で検出された Kawasaki308 類似株のキャプシド領域の解析部位において, 3 株のアミノ酸置換が認められた。

本県において, GII.P17-GII.17 は 2014/15 シーズンで検出数が急速に増加し, それ以降, GII.4 に並ぶ主要流行株の一つとなった。GII.P17-GII.17 は, 今後も本県のみならず他都道府県において流行する可能性が有り, 全国の流行動向と合わせ, GII.P17-GII.17 を含む主要流行株の推移を注視していくと共に, ゲノムデータの蓄積を継続する必要がある。