

2012-13年シーズンにおける県内のサポウイルスの流行状況について

【保健衛生室】

佐倉 千尋、加藤 喜幸、浅野 康子

1はじめに

サポウイルスはウイルス性胃腸炎の原因ウイルスの一つでノロウイルスと同じカリシウイルス科に属する。7.5kb～7.6kbのプラス一本鎖RNAウイルスでありカプシド領域の塩基配列により、GI～GVの5つの遺伝子群に分類され、さらにGI及びGIIはそれぞれ複数の遺伝子型に分かれる¹⁾。豚由来のGIII以外のGI、GII、GIV、GVが人に感染し、GI及びGIVが大半を占めていることがわかっている。

サポウイルスによる胃腸炎は主に冬から春にかけて発生し12～48時間の潜伏期をおいて下痢、嘔吐、発熱を主症状とした胃腸炎を起こす。ノロウイルスと同様、加熱不十分な二枚貝の喫食等により感染し類似の症状を示すため、喫食調査及び症状から鑑別することは難しいが、一般的にサポウイルス感染症の方が症状は軽度である^{2),3)}。ウイルスは患者の腸管内で増殖し糞便、吐物中に排出され手指を介して感染が広がる。便中の排出は発症日からおおよそ2週間程度であり、無症状者の便にも高濃度のウイルスが検出されるなど不顕性感染も存在する³⁾。

2012年12月に県内で初めてサポウイルスの集団感染症、2013年3月に同様に県内で初めてサポウイルスの食中毒が発生し、同時期の感染症発生動向調査においても複数の便から検出を得たことから、同ウイルスの遺伝子解析を行ったので報告する。

2方法

2.1 調査対象

2.1.1 感染症発生動向調査事業

2012年5月～2013年3月に鳥取県感染症発生動向調査事業小児科定点のうち病原体定点である医療機関から感染性胃腸炎と診断された便検体につ

いて調査した。

2.1.2 集団感染症事例

2012年12月15日～19日に西部地区の福祉施設で発生した感染性胃腸炎集団事例において、嘔吐、下痢を主とする胃腸炎症状を呈した16名のうち、12月19日採取の患者便5検体を調査した。

2.1.3 食中毒事例

2013年3月10日～11日に東部地区の飲食店で発生した食中毒事例において、食品5検体、拭き取り10検体、従事者便3検体及び嘔吐、下痢の症状を呈した15名のうち患者便10検体（12日採取7検体、15日採取3検体）を調査した。

2.2 サポウイルス検出法

便検体からウイルスRNAを抽出しDNase処理及び逆転写後、ポリメラーゼ領域とカプシド領域の接合点を標的とするプライマーを用いたリアルタイムPCRを行った。

2.3 遺伝子解析

遺伝子型を決定し今回検出されたウイルス相互及び過去の国内外において検出されたウイルスとの相同性を解析するため、カプシド領域を標的とするNested-PCR後、增幅されたPCR産物の電気泳動を行い、420bpのPCR産物を確認し、ダイレクトシークエンス法にて364bpの遺伝子配列を解読後、NCBI(National Center for Biotechnology)のBLAST検索及び遺伝子解析ソフトウェア(MEGA5.1)を用いた近隣結合法による系統樹解析を行い遺伝子解析を行った。

3結果

感染性胃腸炎は例年ノロウイルスとロタウイルスが主な要因となり12月と4～5月をピークとする

二峰性の流行を示す。

2013年1月頃からサポウイルスの検出が増え始め、過去5年間の同時期と比較し最も多い検出数となっている（図1、2）。

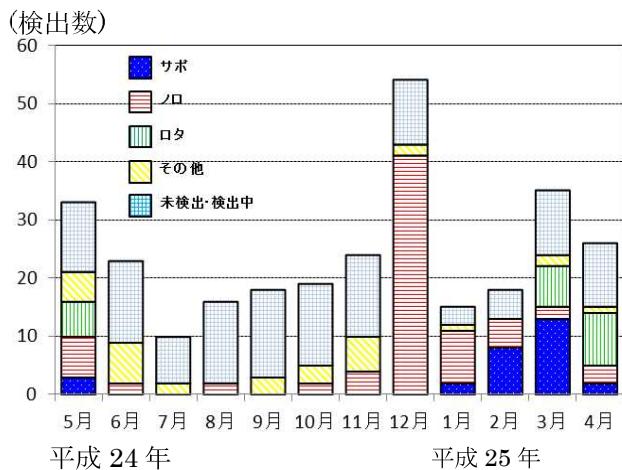


図1 月別 感染性胃腸炎、乳児嘔吐下痢症、急性胃腸炎の検体由来ウイルス検出状況

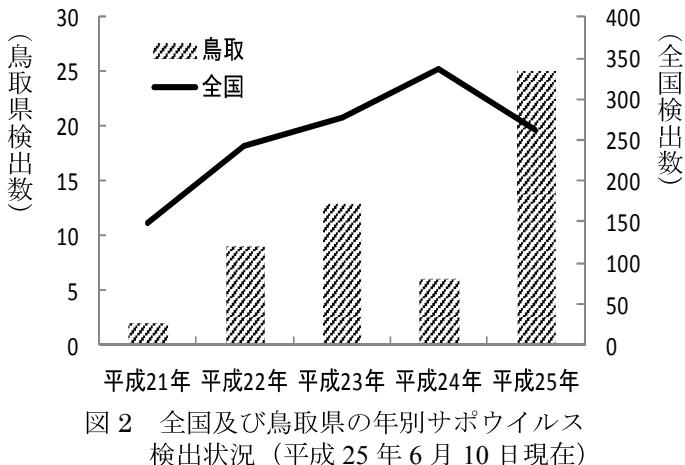


図2 全国及び鳥取県の年別サポウイルス検出状況（平成25年6月10日現在）

感染症発生動向調査により2012年5月～2013年3月に便検体からサポウイルスが検出された7件について遺伝子解析を行ったところ、2012年5月採取の1株は遺伝子群G I、遺伝子型1であり、Sapovirus Hu/Novgorod/6470/2005/RUS(FJ214044)と99%の高い相同性を示し、2013年検出6株は遺伝子群G I、遺伝子型2(以下「G I / 2」とする。)、Sapovirus Hu/GI. 2/Tehran/GE36/2008/IRN(GU376748)と99%以上の高い相同性を有した。

2012年12月に西部地区の福祉施設で発生した集団感染症事例においては患者便検体5検体のうち、3検体からサポウイルスが検出され、遺伝子解析の

結果、すべての株が G I / 2 であり、Sapovirus Hu/GI. 2/Tehran/GE36/2008/IRN(GU376748)と100%の相同性を示し、同時期に病原体定点である小児科医療機関の患者便より検出された流行株とも相同性が高かった。

2013年3月に東部地区で発生した食中毒事例では、患者便7検体からサポウイルスが検出されたが、食品、拭き取り、従事者便から有意な病原体は検出されなかった。遺伝子解析の結果、患者便7検体から検出されたすべてのサポウイルスが G I / 2 であり、Sapovirus Hu/GI. 2/Tehran/GE36/2008/IRN (GU376748)と99%以上の相同性を示し、同時期に流行した株とも相同性が高かった。

4 考察

2012/13シーズンの感染症発生動向調査事業におけるサポウイルスの検出数は過年と比較し著しく増加しており（図2）、全国的にも同シーズンに19以上の都道府県においてサポウイルスによる食中毒事例が発生し、集団感染性胃腸炎事例も当県を含め複数報告されている⁴⁾。

サポウイルスが2012/13シーズンに流行した原因是不明であるが、2010年頃から成人の間で検出が増え始め全国的に感染が拡大している⁴⁾。鳥取県でも今シーズン初めて集団感染症及び食中毒事例が発生したことから、今後も流行が継続する可能性があり、従事者便の検査でノロウイルスが陰性であってもサポウイルスによる食中毒は起きる可能性があることについて注意喚起が必要である。

今回の調査において2012-13年シーズンに県内で発生した東部、中部、西部の感染性胃腸炎、東部での食中毒事例及び西部での感染性胃腸炎集団発生事例に関しサポウイルスの遺伝子解析を行ったところ、遺伝子配列の相同性が高い単一の遺伝子型の流行であったことから、市中において流行している際には食中毒等行政検査において最も疑うべき検査項目として留意すべきと考えた。

5 参考文献

- (1) M. Okada, Y. Yamashita, M. Oseto, and K. Shinozaki : Archives of Virology, 151, 2503–2509 (2006).
- (2) 田代眞人, 牛島廣治編：ウイルス感染症の検査・診断スタンダード, 羊土社, 2011, 134–137
- (3) 国立感染症研究所：病原微生物検出情報(IASR)、32:361–363(2011)
- (4) 厚生労働省食中毒統計、その他各保健所資料提供、新聞報道等