東京都内で検出されたノロウイルスの遺伝子解析(2021年度)

矢尾板 優^a,長谷川 道弥^a,浅倉 弘幸^a,永野 美由紀^a,林 志直^a,根岸 あかね^a,河上 麻美代^a,林 真輝^b,山崎 貴子^c,黒木 絢士郎^a,磯貝 まや^a,北村 有里恵^a,加來 英美子^a,藤原 卓士^a,鈴木 淳^d,三宅 啓文^e,長島 真美^a,貞升 健志^d

2021年度に、東京都内で食中毒疑い事例または積極的疫学調査として搬入され、ノロウイルス(NoV) が検出された事例の糞便検体を対象に、ポリメラーゼ領域とVP1領域の2領域を含む領域を用いてNoVの分子疫学解析を行った。その結果、解析可能であった65事例の遺伝子型の内訳は、GII.4Sydney[P31]が36事例(55.4%)、GII.2[P16]が20事例(30.8%)、GII.17[P17] が2事例(3.1%)、GII.3[P25]、GII.3[P12]、GII.4sydney[P16]、GII.6[P7]、GI.2[P2]、GI.5[P4]、GI.6[P11]が各1事例(1.5%)であった。GII.4Sydney[P31]が検出された36事例の内訳は、食中毒疑い事例からの検出が11事例(30.6%)、積極的疫学調査事例(保育園での感染症疑い)からの検出が25事例(69.4%)であった。また、系統樹解析では、GII.4Sydney[P31]は大きく分けて2つのクラスターを形成していた。GII.4sydney[P31]、GII.2[P16]、GII.3[P12]、GII.6[P7]、GI.6[P11]に分類された株は、次世代シーケンサー(NGS)による全長解析を行い、過去に日本または世界で検出された株と比較した。その結果、GII.4sydney[P31]は特にP2ドメインで特徴的なアミノ酸変異が見られた。P2ドメインのアミノ酸配列を2015年大阪株と比較し、285番目がT(トレオニン)からA(アラニン)またはS(セリン)に変異しているものが見られ、この変異が確認されたものはポリメラーゼ領域とVP1領域を含む遺伝子解析でクラスターを形成していた。

キーワード: 東京都, ノロウイルス, 食中毒, 遺伝子型, ポリメラーゼ領域, 次世代シーケンサー

はじめに

ノロウイルス(Norovirus, NoV)は、カリシウイルス科に属する一本鎖 RNA ウイルスで、主に冬季に発生する嘔吐や下痢などの急性胃腸炎症状の主要な原因である.

NoV のゲノムは、3 つの蛋白質コード領域(Open reading frame: ORF)で構成されている。ORF1 はポリメラーゼ領域を含む非構造蛋白質、ORF2 は構造蛋白質 VP1 (カプシド領域)、ORF3 は構造蛋白質 VP2 をコードしている。特に VP1 は抗原性に深く関与していると報告いされており、従来よりこの領域の塩基配列によって遺伝子型が決定されてきた。しかし近年、ORF1 と ORF2 のジャンクション領域で遺伝子組み換え(リコンビネーション)が頻繁に起こることが明らかとなっている²⁾。

NoV の遺伝子群は GI から GX の 10 種類に分類され、その中でヒト感染の主流となっているものは GIと GIIであるが、現在はリコンビネーションを踏まえて GI はさらに 10 種類、GII は 27 種類の遺伝子型に細分化されている 3).

今回, 東京都内で2021年度 (2021年4月から2022年3月) に NoV が検出された食中毒疑い事例または積極的疫学調査についてポリメラーゼ領域とVP1領域の接合領域

を含む領域について系統樹解析を行った. さらに、そのほかの領域での変異を調べるために、ポリメラーゼ領域と VP1 領域による解析で、GII.4sydney[P31]、GII.2[P16]、GII.3[P12]、GII.6[P7]、GI.6[P11]に分類されたものは、次世代シーケンサー(NGS)による全長解析を行ったのでその結果を報告する.

実 験 方 法

1. 供試材料

2021 年 4 月から 2022 年 3 月までに、食中毒疑い事例または積極的疫学調査事例として当センターに搬入された糞便検体のうち、NoV 陽性の 65 事例を対象とした。なお、1つの事例につき陽性が複数名から NoV が検出された場合は、そのうちの $1\sim3$ 検体を解析対象とした。

2. 検査方法

1) ポリメラーゼ領域とVP1領域を含む遺伝子型別と分子系統樹解析

糞便検体の処理については、厚生労働省通知4)に準じて行った. すなわち、検査材料に滅菌PBS(日水製薬)を加

- a 東京都健康安全研究センター微生物部ウイルス研究科 169-0073 東京都新宿区百人町3-24-1
- b 東京都健康安全研究センター食品化学部食品添加物研究科
- c 東京都健康安全研究センター薬事環境科学部環境衛生研究科
- d 東京都健康安全研究センター微生物部病原細菌研究科
- 。 東京都健康安全研究センター微生物部

えて10%混濁液を作製,激しく混和後,3,000 rpmで5分遠 心を行った. その上清を分取し, 10,000 rpm, 20分, 4℃ で遠心し、上清を核酸抽出に用いた. QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN) で核酸抽出を行い, Random hexamer (Amersham Biosciences) およびSuperScript II (Invitrogen) を用いて逆転写反応を行った. 得られた cDNA 5 μLを用いて、ExTaq (タカラバイオ) にてnested PCR反応を次の通り行った. 1st PCR反応の反応条件は, 94℃3分の反応後,94℃1分,55℃1分,72℃1分のサイク ルを40回繰り返し、最終伸長反応は72℃15分で行った. プライマーはGI用に Mon432/ G1SKR (遺伝子産物579 bp), GII用にMon431/G2SKR(遺伝子産物570bp)を用 いた5) . PCR産物はQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN) で精製を行い、Big Dye Terminator v3.1 Cycle Sequence Kit (Applied Biosystems) によるシーケ ンス反応を行った. 反応産物は、Big Dye XTerminator (Applied Biosystems) を用いて精製し、3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems) により遺伝子配列を決定し た. 得られた塩基配列について、オランダ国立公衆衛生環 境研究所が提供する遺伝子型分析ツール Norovirus Typing Tool Version 2.0 (https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovir us)を用いて遺伝子型を決定し、遺伝子解析用ソフトウェ アMEGA ver.76を用いて近隣結合法(NJ法)による分子 系統樹解析を行った. なお, ポリメラーゼ領域を含む遺伝 子型の表記については、Chhabraらの報告3)に従い、VP1領 域による型別の後に[]内にポリメラーゼ領域による型別 を記載した.

2) 次世代シーケンサー (NGS) 解析

ポリメラーゼ領域を含む遺伝子解析で、遺伝子型が判明したものについて、各事例それぞれ1~2検体を抽出し、次世代シーケンサー(NGS)による解析を行った。臨床検体を用い、QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN)にて核酸抽出を行った。NGSのライブラリー作製にはNEB Next Ultra RNA Library Prep Kit for Illumina(NEB)を用い、MiSeq(Illumina)を使用してデータを取得した。得られた遺伝子配列は、NCBI BLAST(https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi)による解析を行った。

結果

1. 遺伝型検出状況

今回NoVが陽性となった65事例のうち、食中毒疑い事例からの検出が32事例、感染症疑いで積極的疫学調査事例からの検出が33事例で、積極的疫学調査の検体は全て保育園での事例であった。また、会食やイベントでの事例は比較的少人数のものが多く、数十人規模での会食やイベントによる感染は5例であった。

ポリメラーゼ領域とVP1領域を含む遺伝子解析の結果, 65事例の遺伝子型の内訳は、GII.4Sydney[P31]が36事例 (55.4%)、GII.2[P16]が20事例(30.8%)、GII.17[P17] が2事例(3.1%)、GII.3[P25]、GII.3[P12]、GII.4sydney [P16], GII.6[P7], GI.2[P2], GI.5[P4], GI.6[P11]が各1事例 (1.5%) であった.

全国的な流行株の1つであるGII.4Sydneyは、新型コロナ ウイルス感染症 (COVID-19) 流行前の2019年度には,96 事例中30事例からGII.4Sydneyが検出され、ポリメラーゼ 領域とVP1領域を含む解析によりGII.4Sydney[P31]とGII.4 Sydney[P16]の2種類の遺伝子型に分類されていた 7 . 一方, COVID-19以降の2020年度には19事例中1事例からのみ検 出され,遺伝子型はGII.4Sydney[P31]であった⁸⁾. 2021年度 に検出されたGII.4Sydneyは、GII.4Sydney[P31]とGII.4Sydn ey[P16]の2種類で、GII.4Sydney[P31]はNoV陽性事例のうち 36事例 (55.4%) と半数以上を占めた. GII.4Sydney[P31] が検出された36事例のうち、食中毒疑い事例からの検出が 11事例(30.6%),積極的疫学調査事例(保育園での感染 症疑い) からの検出が25事例 (69.4%) であった. 食中毒 疑い事例では、保育園(調理従事者からの感染が疑われる もの),飲食店、会食、イベント、高齢者施設、テイクア ウト食品の喫食など、幅広い事例から検出された. 検出さ れた時期として多かったのは、春から初夏にかけて(4月 から6月)と、NoV流行期とされる冬期(12月から3月)で、 GII.4Sydney[P31]陽性事例のうち76.9%がこの時期に検出 されていた.

二番目に多く検出されたGII.2[P16]は、2016年に小児を中心に流行したことから⁹、小児が多く感染するとされてきた.今回東京都では、小児が関わる事例が11事例で、残りの9事例は飲食店、イベント、会食での検出で、成人間での感染も多く見られた.

一方,2014/15年シーズン以降全国的に大流行を引き起こした $GII.17[P17]^{10,11)}$ は,2事例からの検出で,小児が関わる事例と飲食店での事例であった.系統樹解析では2017年東京株と同じクレードに属していた.

GIは, GI.2[P2], GI.5[P4], GI.6[P11]の3つの遺伝子型は 1事例ずつ検出され, 会食, テイクアウト食品の喫食事例 であった.

2. ポリメラーゼ領域とVP1領域を含む系統樹解析

ポリメラーゼ領域とVP1領域での系統樹解析(NJ法)の結果を図1に示す.系統樹解析の結果,GII.4SydneyはGII.4Sydney[P16]の2つの遺伝子型に分類されており,GII.4Sydney[P31]は,おおむね過去の検出株と同じクラスターに属していた(図1).また,近年新たに報告されたGII.4 Hong Kong型 12)に分類されたものはなかった.

GII.4Sydney株のみピックアップし,系統樹解析(NJ法)を行った結果を図2に示す. GII.4Sydney[P31]は大きく分けて2つのクラスターを形成し,2019年度と2020年度に東京都で検出された株(LC699529, LC699532, LC644993)は,クラスター①に属していた.

一方, GII.2[P16]は, そこまで目立ったクラスターの形成は起きておらず, 2016年の東京株, 2018年の大阪株と同

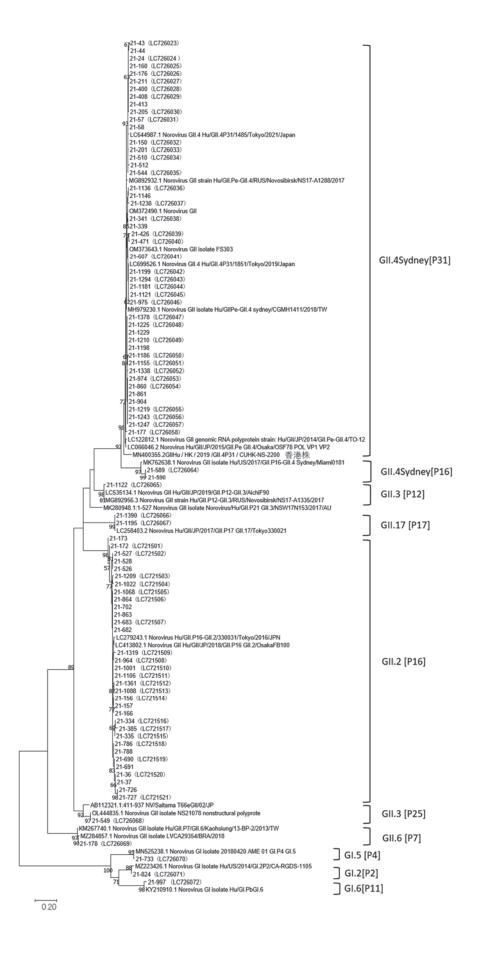


図1. 2021年度に東京都内で検出されたノロウイルスの系統樹解析(NJ法)<pol-VP1遺伝子領域>

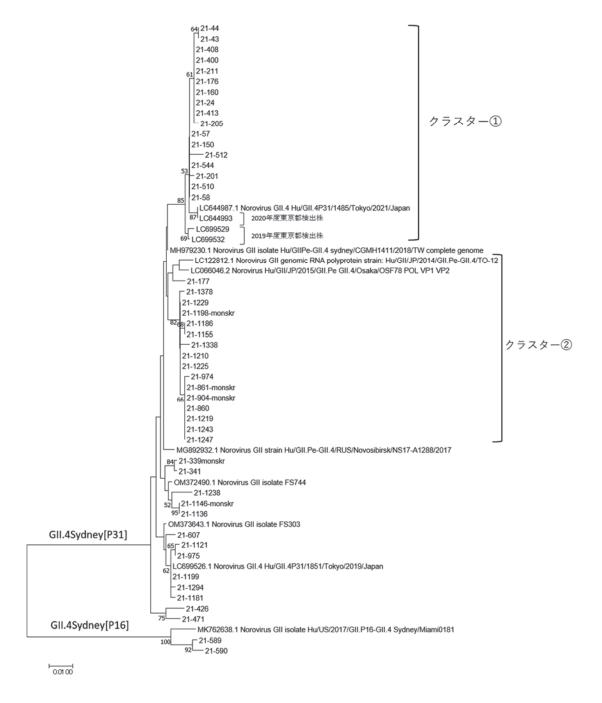


図2. 2021年度に東京都内で検出されたノロウイルスGII.4Sydneyの系統樹解析(NJ法) < pol-VP1遺伝子領域 >

じクレードに属していた.

GII.17[P17]に分類された2事例の株は、どちらも2017年 東京株¹³⁾ (LC258403) と同じクレードに属していた.

3. NGS解析

ポリメラーゼ領域とVP1領域による解析で、GII.4sydney [P31]、GII.2[P16]、GII.3[P12]、GII.6[P7]、GI.6[P11]に分類 された事例のうち、24事例(28検体)について、次世代シーケンサー(NGS)による全長解析を行った。得られた 塩基配列とそれぞれ高い塩基一致率を示した日本、または

海外ですでに検出されている株との比較を表1に示す.

その結果、今回検出されたGII.4Sydney[P31]9事例(11検体)と2015年に検出された大阪株と比較した際の塩基一致率は、全長で97.1~98.5%、RdRp領域では97.2~98.8%、VP1領域では96.2~98.2%であった。同様に、アミノ酸配列での一致率を比較すると、RdRp領域では98.8~99.2%、VP1領域では98.7~99.2%であった。VP1領域では,5~7個程度のアミノ酸の変異が見られ、その多くはP2ドメインに集中していた。特徴的なP2ドメインのアミノ酸の変異を表2に示す。2015年大阪株と比較すると、285番目がT

	東京都で検出された事例 (Accession No)	相同性 (%)	高い塩基一致率を示した株 (検出地域 年)
GII.4Sydney[P31]	クラスター①(LC699533, LC699534, LC699535, LC699536, LC699537)	99.4~99.6	LC644993 (東京 2020年)
	それ以外の株(LC726073, LC726074, LC726075, LC726076, LC726077, LC726078)	97.7~98.3	OM372490(中国 2019年)
GII.2[P16]	(LC726079, LC726080, LC726081, LC726082, LC726083, LC726084, LC726085, LC726086, LC726087, LC726088, LC726089, LC726090)	97.1~98.0	LC258403(東京 2017年)
GII.3[P12]	(LC726063)	98.5	ON569431(台湾 2020年)
GII.6[P7]	(LC726059)	98.4	MW305551 (パラグアイ 2016年)
GI.6[P11]	(LC726060, LC726061, LC726062)	98.9~99.0	MK236611(アイルランド 2016年)

表1. 2021年度に東京都内で検出されたノロウイルスのゲノムデータと相同性の高い登録株

表2. 2021年度に東京都内で検出されたGII.4Sydney [P31]株のP2ドメイン領域におけるアミノ酸変異

	P2ドメイン領域(番目)				
	285	293	333	373	
2015年大阪株	T	T	V	Н	
東京株クラスター①(LC699533, LC699534, LC699535, LC699536, LC699537)	AまたはS	I	M	N	
東京株クラスター①以外 (LC726073, LC726074, LC726075, LC726076, LC726077, LC726078)	T	IまたはT	M	N	
2019年度東京株(LC699529, LC699532)	AまたはT	I	M	N	
2020年度東京株(LC644993)	T	I	M	N	

(トレオニン) からA (アラニン) またはS (セリン) に変異しているものが見られた. これらの検体はすべてポリメラーゼ領域とVP1領域を含む系統樹解析で同一のクラスターに属したものであった (図2、表2). この285番目のT (トレオニン) からA (アラニン) の変異は、2019年度検出株 (LC644993) でも確認された (表2). これ以外にも、293番目のT (トレオニン) からT (イソロイシン)、333番目のT (トレオニン) からT (イソロイシン)、333番目のT (トレオニン) からT (イソロイシン)、373番目のT (ヒスチジン) からT (アスパラギン) での変異が見られた. 一方、クラスターに属さなかったT (明372490) と97.7~98.3%の塩基一致率を示しており、これらはすべて285番目の変異は起きていなかった.

GII.4Sydney[P31]以外の遺伝子型では、GII.2[P16]は 2017 年東京株(LC258403)と 97.1~98.0%、GII.3[P12]は 2020 年台湾株(ON569431)と 98.5%、GII.6[P7]は 2016 年パラ グアイ株(MW305551)と 98.4%、GI.6[P11]は 2016 年ア イルランド株(MK236611)と 98.9~99.0%の塩基一致率を 示した。

老 窓

新型コロナウイルス感染症(COVID-19)の流行が始まった 2020 年から,NoV をはじめとした COVID-19 以外の感染症の減少が,特に大規模な外出制限が行われたイギリスやドイツなどで報告されている 14,15 . 日本においても 2020 年以降,NoV の患者数と事例数が大幅に減少しており 16 , 東京都でも 2020 年度は,2019 年度と比較して検

体数,事例数ともに大幅な減少が見られていた。また,NoVが検出された事例が,大規模な宴会やイベントではなく少人数での飲食やデリバリーによる小規模な感染が見られたことは大きな特徴であった®。これらの理由として,2020年度の4月,5月と年明けの1月以降に発令された緊急事態宣言による外出自粛,飲食店の時短営業・営業自粛など,生活様式の変化により,感染の機会が減少したためではないかと考えられた。2021年度においても,8月から9月まで緊急事態宣言が発令されていた他,まん延防止等重点措置(4月から8月および1月から3月)が取られていたことが,大規模な食中毒事件が少なかった要因の一つである可能性が高い。

今回の解析では、2020 年度に 1 事例のみ検出された GII.4Sydney[P31]が、2021 年度では NoV 陽性事例のうち 半数以上から検出された. GII.4Sydney[P31]が検出された 事例のうち、保育園関連の積極的疫学調査からの検出が 69.4%であったことから、小児間で流行していたと考えられる. GII.4Sydney[P31]はもともと全国的な主流行株の 1 つであり、COVID-19 流行前の東京都においても検出されていた 7.

例年に比べ小児の感染が多くなった理由として、成人層の感染事例が少なかったために、小児の感染が目立っているのではないかと考えられる。COVID-19流行前の成人層のNoV感染は、宴会などの大規模な人数での飲食によるものが主であった。しかし、COVID-19以降、外出制限等で宴会などの自粛が行われるようになった。成人層のNoV感染が起こりづらい状況にあった一方で、小児は保育園に通うことから、特に保育園での感染事例が目立つよ

うになったと考えられる。また、小児の GII.4 感染が多くなった理由として、小児が GII.4 に対する免疫を獲得できていなかったためではないかとも考えられる。小児は大人や小児同士での感染により NoV への免疫を獲得すると考えられている。以前、GII.4 は成人層での感染が多く、乳幼児は両親からの感染機会が多いため、成人層に広く流行している GII.4 が乳幼児の主要な遺伝子型となっているとの報告があった ¹⁸⁾. COVID-19 以降、外出制限等により成人層の感染事例が減ったことで、両親から乳幼児へのGII.4 の感染が行われず、乳幼児らの GII.4 に対する免疫が不十分であったためではないかと考えられた。

NGS 解析の結果を過去に検出されたものと比較すると、P2 ドメインの変異が見られており、ポリメラーゼ領域と VP1 領域を含む解析でクラスターを形成した。P2 ドメインは、ウイルス粒子のもっとも外側に位置し、抗原認識されると考えられているため、この領域での変異は抗原性の変化に関わってくる可能性がある。過去 2~3 年おきに新しい亜型を出現させていた GII.4 でも、この部位での変異が見られていたという報告がある「ワーク回の変異は、病原性の変化があるのか、今年度の GII.4Sydney[P31]の検出増加と関わりがあるのか、今後患者数が増加するのかについては不明である。

また、P2ドメインのアミノ酸変異は、今年度だけでな く, COVID-19 流行前の 2019 年度, 流行後の 2020 年度株 からも確認できたことから、COVID-19流行中に起きた変 異ではないことが示唆された. 例えば、333番目の変異 は,2011年に広島ですでに報告されている19). GII.4 は変 異速度が速く, 抗原性を変化させることでヒトの集団免疫 から逃れて新たな亜型を出現させてきたことから20-23), 抗原性に関わる領域である VP1 領域の変異を調べること は極めて重要であると考えられる. 今回行ったポリメラー ゼ領域と VP1 領域を含む解析では、大きな変異は確認さ れなかったが、今後の規制緩和の影響により、市中での人 流増加が予想される. 感染の機会が増加することにより, 小児だけでなく成人間でも NoV 感染が増加する可能性が ある. 系統樹解析での新たなクラスター形成や, ジャンク ション領域での変異を察知するためにポリメラーゼ領域と VP1 領域を含む解析は有効であり、引き続き監視を続け ていきたい.

まとめ

2021年4月から2022年3月までに、食中毒疑い事例または 積極的疫学調査で当センターに搬入された糞便検体のう ち、NoV陽性で解析可能であった65事例を検査対象とし た. ポリメラーゼ領域とVP1領域を含む遺伝子解析の結 果、GII.4Sydney[P31]が36事例と、全体の55.4%を占め、 中でも小児が関わる事例での検出が多かった. また、系統 樹解析ではGII.4Sydney[P31]はクラスター形成が見られ た. GII.4sydney[P31]、GII.2[P16]、GII.3[P12]、GII.6[P7]、 GI.6[P11]に分類された事例について、NGSによる解析を行 い過去に日本または世界で検出された株と比較したところ、GII.4sydney[P31]は特にP2ドメインで285番目がT(トレオニン)からA(アラニン)またはS(セリン)に変異しているものが見られ、ポリメラーゼ領域とVP1領域を含む遺伝子解析でクラスターを形成したものは全ての検体でこの変異が確認された。これらの変異がどこまで感染力に影響するかどうかは不明であるが、今後も監視を続けていく必要がある。

文 献

- 1) 木村博一,石岡大成,大石和徳,他:病原微生物検 出状況,**35**,170-171,2014.
- Bull, R.A., Hasman, G.S., Clancy, L.E., et al.: Emerg. Infect. Dis., 11, 1079–1085, 2005.
- 3) Chhabra, P., de Graaf, M., Parra, G.I., et al.: J. Gen Virol., **100**, 1393–1406. 2019.
- 4) 厚生労働省医薬食品局食品安全部監視安全課長: 食安監発第0514004号ノロウイルスの検出法について(通知), 平成19年5月14日, 2007.
- 5) Nakamura, K., Iwai, M., Zhang, J., et al.: J. Infect. Dis., 62, 394–398, 2009.
- Kumer, S., Stecher, G., Tamura, K.: Mol. Biol. Evol., 33, 1870–1875, 2016.
- 7) 矢尾板 優, 長谷川道弥, 浅倉弘幸, 他: 東京健安 研セ年報, **71**, 91–96, 2020.
- 8) 矢尾板 優, 長谷川道弥, 浅倉弘幸, 他:東京健安 研七年報, **72**, 121-126, 2021.
- 9) 植木 洋, 小泉 光, 菅原直子, 他:病原微生物検 出 状況, **38**, 17-18, 2017.
- 10) Fu, J., J, Ai1., M, Jin., et al.: Euro. Surveill., 20, 21157, 2015.
- 11) Matsushima Y., Ishikawa M., Shimizu T., *et al.*: *Euro Surveill.*, **20**, 21173, 2015.
- 12) Chuchaona, W., Chansaenroj, J., Puenpa, J., et al.: PLOS ONE, 16, 2021.
- 13) 宗村佳子, 木本佳那, 小田真悠子, 他:食衛誌, **38**, 260-267, 2017.
- 14) Douglas, A., Sandmann, F.G., Allen D.J., et al.: J. Hosp. Infect., 112, 124–126, 2021.
- 15) Eigner, U., Verstraeten, T., Weil, J. : *J. Infect.*, **82**, 276–316, 2021.
- 16) 厚生労働省: ノロウイルスに関するQ&A https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_ir you/shokuhin/syokuchu/kanren/yobou/040204-1.html#04 (2022年8月17日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性がある)
- 17) Thongprachum, A., Chan-it, W., Khamrin, P., et al.: Infect.Genet. Evol., 23, 65–73, 2014.
- 18) 左近直美, 駒野 淳:病原微生物検出状況, 38, 10-

- 11, 2017.
- 19) 阿部勝彦, 山本美和子, 田中寛子, 他: 広島市衛研 年報, **30**, 53–57, 2011.
- 20) 田村 務, 渡邉香奈子, 田澤 崇, 他:病原微生物検 出状況, 33, 333-334, 2012.
- 21) Siebenga, J.J., Vennema, H., Zheng, D.P., *et al.*: *J. Virol.*, 20, 802–812, 2009.
- 22) Siebenga, J.J., Vennema, H., Renckens, B., *et al.*: *J. Virol.*, 81, 9932–9941, 2007.
- 23) Eden, J.S., Tanaka, M.M., Boni, M.F., et al.: J. Virol., 87, 6270–6282, 2013.

A Genetic Analysis of Norovirus Cases Detected in Tokyo (April 2021–March 2022)

Yu YAOITA^a, Michiya HASEGAWA^a, Hiroyuki ASAKURA^a, Miyuki NAGANO^a, Yukinao HAYASHI^a, Akane NEGISHI^a, Mamiyo KAWAKAMI^a, Masaki HAYASHI^a, Takako YAMAZAKI^a, Kenshirou KUROKI^a, Maya ISOGAI^a, Yurie KITAMURA^a, Emiko KAKU^a, Takushi FUJIWARA^a, Hirofumi MIYAKE^a, Mami NAGASHIMA^a,

Jun SUZUKI^a, and Kenji SADAMASU^a

Molecular epidemiological analysis of NoV including two regions, polymerase region and VP1 region, was performed on fecal specimens from suspected food poisoning cases or cases brought in as active epidemiological surveillance in which norovirus (NoV) was detected in Tokyo in FY2021.

The results showed that 36 (55.4%) of GII.4 Sydney[P31], 20 (30.8%) of GII.2[P16], 2 (3.1%) of GII.17[P17] in the 65 cases, and GII.3[P25], GII.3[P12], GII.4 Sydney [P16], GII.6 [P7], GI.2 [P2], GI.5 [P4], and GI.6 [P11] were detected in 1 case (1.5%) each. Of the 36 cases of GII.4 Sydney [P31], 11 cases (30.6%) from suspected food poisoning cases and 1 case (1.5%) from an active epidemiological surveillance. In addition, phylogenetic tree analysis revealed that GII.4 Sydney [P31] showed that some GII.4 Sydney [P31] formed a divergent cluster.

Furthermore, we were subjected to full-length analysis by next-generation sequencing (NGS) and compared with strains detected in Japan and worldwide in the past. The GII.4 Sydney[P31] strains detected in this study showed characteristic amino acid mutations in the P2 domain compared to the 2015 Osaka strains, and also formed a cluster in the phylogenetic tree analysis of regions including the polymerase and VP1 regions.

Keywords: norovirus, food poisoning, genotype, polymerase region, NGS

Tokyo Metropolitan Institute of Public Health, 3-24-1, Hyakunin-cho, Shinjyuku-ku, Tokyo 169-0073, Japan