

東京都における胃腸炎ウイルスの検出状況（2022年度～2023年度）

浅倉 弘幸^a, 赤瀬 悟^a, 横田 翔太^a, 岩崎 直哉^a, 磯貝 まや^a, 林 志直^a, 根岸 あかね^a, 伊藤 仁^a,
黒木 絢士郎^a, 小泉 美優^a, 北村 有里恵^a, 九澤 香織^a, 長島 真美^a, 貞升 健志^b
(外部機関査読者：平井 昭彦^c)

2022年度から2023年度に東京都健康安全研究センターに食中毒調査、積極的疫学調査、感染症発生動向調査により搬入された検体について胃腸炎起因ウイルスの検査を実施した。その結果、714事例中317事例から胃腸炎起因ウイルス（ノロウイルス：NoV, A群ロタウイルス等）が検出された。内訳はNoVによるものが最も多く、遺伝子型GII.4が大半を占めていた。2023年度は新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の5類感染症移行とともに検体搬入数およびウイルス検出数は2022年度と比較して大幅に増加した。また、検出されたNoVの遺伝子型はCOVID-19の流行以前と比較して遺伝子型の多様化が見られた。

キーワード： 食中毒調査、積極的疫学調査、感染症発生動向調査、感染性胃腸炎、ウイルス性食中毒、ノロウイルス、ロタウイルス、サポウイルス、アデノウイルス、アストロウイルス

はじめに

感染性胃腸炎は様々な病原体の感染により下痢や嘔吐などの症状を起こす感染症である。中でもウイルスを原因とするものが最も多く、ノロウイルス、ロタウイルス、サポウイルスなど複数種が知られている。また、胃腸炎起因ウイルスにはウイルス性食中毒の原因となるものもあり、調理従事者を介して汚染を広げることで大規模な食中毒事例となることがある。例年冬季を中心に保育所や高齢者施設での大規模な感染性胃腸炎集団事例やウイルス性食中毒事例が多発する傾向があるが、2020年度から2021年度では新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の流行に伴い、東京都健康安全研究センター（当センター）への検体搬入数やウイルス検出数は大幅に減少した¹⁾。その後、COVID-19は2023年5月8日より感染症法上の位置付けが「新型インフルエンザ等感染症」（いわゆる2類相当）から5類感染症となり²⁾、感染防止対策は大幅に緩和され、社会活動も以前の状態にほぼ戻ってきている。そこで今回、COVID-19の流行状況の変化を踏まえ、2022年度から2023年度に東京都で検出された胃腸炎起因ウイルスの検出状況について検討を行った。

材料と方法

1. 検査材料

2022年4月から2024年3月までの間に当センターに食中毒調査、積極的疫学調査、感染症発生動向調査で搬入された検体（ふん便または直腸ぬぐい液）5,289検体を対象とした。内訳は、食中毒調査560事例4,880検体

（2022年度：228事例1,705検体、2023年度：332事例3,175検体）、積極的疫学調査91事例346検体（2022年度：53事例254検体、2023年度：38事例92検体）、感染症発生動向調査事業において、小児科定点医療機関および基幹定点医療機関より搬入された患者検体63事例63検体（2022年度：小児科定点医療機関35事例35検体、基幹定点医療機関1事例1検体、2023年度：小児科定点医療機関26事例26検体、基幹定点医療機関1事例1検体）を検査材料とした。

2. 検査項目

ノロウイルス（Norovirus：NoV）、サポウイルス（Sapovirus：SaV）、A群ロタウイルス（Rotavirus group A：RVA）、アデノウイルス（Adenovirus：AdV）およびアストロウイルス（Astrovirus：AstV）の5項目を検査対象とした。基幹定点医療機関の検体については、A群ロタウイルスおよびC群ロタウイルス（Rotavirus group C：RVC）の2項目について検査を行った。また、NoVおよびRVAが陽性となった場合には、さらに遺伝子型別を実施した。

3. 検査方法

1) 核酸抽出

ふん便材料および直腸ぬぐい液をQIAamp Viral RNA Mini Kit（QIAGEN）を用いて核酸抽出を行った。ふん便材料は10%乳剤液を作製し、遠心分離後の上清を核酸抽出に供した。

2) リアルタイムRT-PCR

^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微生物部

^c 女子栄養大学短期大学部

抽出した核酸を鋳型とし、QuantiTect Probe RT-PCR Kit (QIAGEN) を用いて、QuantStudio 12K Flex リアルタイムPCRシステム (Applied Biosystems) によりリアルタイムRT-PCRを行った。反応条件は、50°C 30分 95°C 15分の後、94°C 15秒および56°C 1分15秒を45回繰り返した。

なお、NoVの検出用プライマーおよびプローブとして、NoV G IではCOG1F/COG1R, RING1-TP (a) , NoV G IIではCOG2F/COG2R, RING2-TPをそれぞれ用いた³⁾。また、SaV検出用プライマーおよびプローブとして、SaV5F/SaV1F, SaV1245R, 124TP/5TP⁴⁾を、RVA検出用プライマーおよびプローブとして、JVKF, JVKR , JVKP⁵⁾を用いた。さらに、RVC検出用プライマーおよびプローブはCRV7F, CRV7R, CRV7⁶⁾を、AdV検出用プライマーおよびプローブは, AdhF, AdhR , Adh⁶⁾を、AstV検出用プライマーおよびプローブは, AstF, AstR, AstP⁶⁾を用いた。

3) NoVの遺伝子型別

リアルタイムPCR法にてNoV G IまたはNoV G IIが検出された検体については、検出されたNoVの塩基配列を決定し、遺伝子型別を行った⁷⁾。1st PCRのプライマーはGI用にMON432/G1SKR (VP1-RdRp領域) またはCOG1F/G1SKR (VP1領域) , GII用にMON431/G2SKR (VP1-RdRp領域) またはCOG2F/G2SKR (VP1領域) を用いて増幅し、反応条件は94°C3分の後、94°C1分、55°C1分、72°C1分を40回繰り返す、最終伸長反応は72°C15分とした。2nd PCRのプライマーはGI用にG1SKF/G1SKR, GII用にG2SKF/G2SKRを用いて、反応条件は94°C3分の後、94°C1分、55°C1分、72°C1分を35サイクル行った、最終伸長反応を72°C15分とした。PCR産物はQIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN) を用いて精製し、BigDye 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、BigDye XTerminator (Applied Biosystems) を用いて精製し、3500 Genetic Analyzer

(Applied Biosystems) により塩基配列を決定した。

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類ツールNorovirus Typing Tool Version 2.0

(<https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>) を用いて、遺伝子型を決定した。

4) A群ロタウイルスの遺伝子型別

リアルタイム PCR 法にて RVA が検出された検体については塩基配列を決定し、VP7 領域および VP4 領域の遺伝子型別を行った。抽出した核酸を鋳型とし、PrimeScript II High Fidelity One Step RT-PCR Kit

(TaKaRa) を用いて RT-PCR を行った。VP7 領域の増幅プライマーは VP7F/VP7R を、VP4 領域の増幅プライマーは con3/con2 を使用した⁸⁾。核酸とプライマーの混合物を 94°C5 分の熱処理の後に氷冷した後 RT-PCR を行った。反応条件は、45°C10 分、94°C2 分の後、98°C10 秒、55°C15 秒、68°C45 秒を 45 サイクル行った。PCR 産物の精製以降は 3-3) の NoV と同様に行った。

得られた塩基配列をもとに、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類ツール Rotavirus A Genotyping Tool Version 0.1

(<https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/rotavirusa/>) を用いて、遺伝子型を決定した。

結 果

1. ウイルスの検出状況

食中毒調査の検査事例数は2022年度と比較して2023年度は約1.5倍、ウイルス検出事例数は約3倍と大幅に増加した。2022年度から2023年度の食中毒調査では、合わせて560事例の検査を行い、202事例 (36.0%) からウイルスが検出された (表1) 。検出されたウイルスの内訳は、NoV GIが31事例 (15.3%) , NoV GIIが158事例 (78.2%) , NoV GIとGIIの混在が9事例 (4.5%) , SaVが3事例 (1.5%) , RVAが1事例 (0.5

表 1. 胃腸炎ウイルス検査事例数およびウイルス検出事例数 (2022 年度～2023 年度)

		検査 事例数	ウイルス検出 事例数	検出ウイルス内訳							
				NoV G I	NoV G II	NoV G I + NoV G II	SaV	RVA	AdV	AstV	混在
食中毒調査	2022年度	228	55	2	51	0	2	0	0	0	0
	2023年度	332	147	29	107	9	1	1	0	0	0
	合計	560	202	31	158	9	3	1	0	0	0
積極的疫学調査	2022年度	53	46	0	30	0	12	0	1	2	1 (NoV G II + AdV)
	2023年度	38	29	3	13	0	9	1	1	1	1 (SaV + AstV)
	合計	91	75	3	43	0	21	1	2	3	2
感染症発生動向調査	2022年度	36	27	0	16	0	8	1	2	0	0
	2023年度	27	13	1	6	0	3	1	1	1	0
	合計	63	40	1	22	0	11	2	3	1	0

%)であった。

2022年度の食中毒調査におけるNoV GI検出の割合は3.6% (2/55) であったのに対し、2023年度のNoV GI検出割合は19.7% (29/147) と大幅に増加した。また、食中毒調査では冬季におけるNoV GIIが多く、特に2023年度冬季(12月～3月)ではNoV検出事例数

(NoVGI, GII, GI+GII)の増加が顕著であった(図1)。

保育園などで発生した感染性胃腸炎集団事例に対して行う積極的疫学調査では、2022年度および2023年度合わせて91事例の検査を行い、75事例(82.4%)からウイルスが検出された(表1)。検出されたウイルスの内訳は、NoV GIIが43事例(57.3%)と最も多く、NoV GIが3事例(4.0%)、SaVが21事例(28.0%)、RVAが1事例(1.3%)、AdVが2事例(2.8%)、AstVが3事例(4.0%)、NoV GIIとAdVが1事例(1.3%)、SaVとAstVの混合感染が1事例(1.3%)であった。積極的疫学調査で検出されたウイルスはNoV GIIが最も多いものの、2022年度春季(2022年4月～7月)や、2023年度冬季(2023年11月～12月)にはSaVによる集団感染事例も多く発生した(図2)。また、AdVやAstVも原因ウイルスとして検出された。

感染症発生動向調査では2022年度および2023年度合わせて63事例の検査を行い、40事例(63.5%)からウイルスが検出された(表1)。検出されたウイルスの内訳は、NoV GIが1事例(2.5%)、NoV GIIが22事例(55.0%)、SaVが11事例(27.5%)、RVAが2事例(5.0%)、AdVが3事例(7.5%)、AstVが1事例(2.5%)であった。感染症発生動向調査においても積極的疫学調査と同様にSaVが年間通して検出された(図3)。

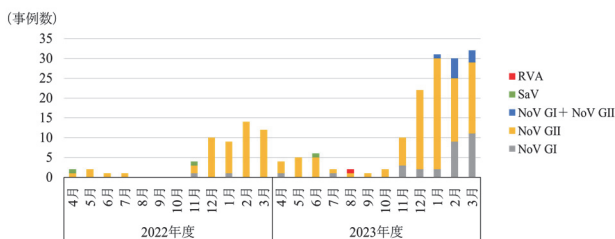


図1. 食中毒調査における月別ウイルス検出事例数
(2022年度～2023年度)

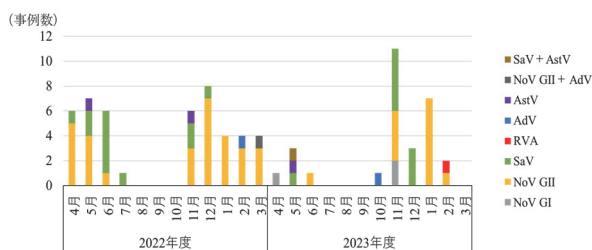


図2. 積極的疫学調査における月別ウイルス検出事例数
(2022年度～2023年度)

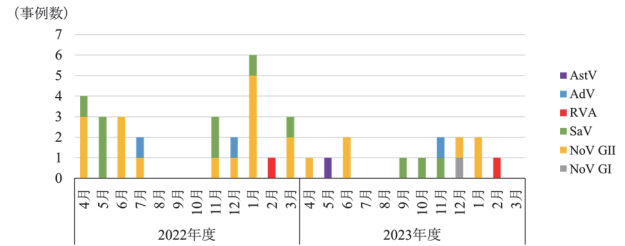


図3. 感染症発生動向調査における月別ウイルス検出事例数
(2022年度～2023年度)

2. NoVの遺伝型

NoV陽性となった検体(NoV GIとGIIの混在事例を除く)について、VP1領域(N/S領域)における遺伝子型別を実施した。その結果、2022年度に検出されたNoV陽性100事例のうち、GI陽性2事例はいずれも型別不能であり、NoV GII 98事例(NoV GIIとAdVの混合感染1事例含む)は5つの型(GII.2, 3, 4, 6および17)に分類された(表2)。その内訳は、GII.2が19事例(19.0%)、GII.3が5事例(5.0%)、GII.4(亜型はすべてGII.4_Sydney_2012)が62事例(62.0%)、GII.6が1事例(1.0%)、GII.17が3事例(3.0%)、NoV GIとGIIの型別不明が10事例(10.0%)であった。NoV GIIで最も多く検出された遺伝子型はGII.4、次いで多く検出された遺伝子型はGII.2であり、この2つの遺伝子型で型別不明10事例を除く全体の90.0%(81/90)を占めた。GII.2およびGII.4はともに夏季以外は通年検出されたものの、特にGII.4は12月から1月の冬季に多く検出された。

2023年度に検出されたNoV GI 28事例およびNoV GII 141事例(計169事例)の遺伝子型の内訳は、GI.1が16事例(9.5%)、GI.2が1事例(0.6%)、GI.3が1事例(0.6%)、GI.4が2事例(1.2%)、GI.5が1事例(0.6%)、GI.6が7事例(4.1%)、GII.2が22事例(13.0%)、GII.3が2事例(1.2%)、GII.4(亜型はすべてGII.4_Sydney_2012)が70事例(41.4%)、GII.6が7事例(4.1%)、GII.7が7事例(4.1%)、GII.12が1事例(0.6%)、GII.17が13事例(7.7%)、NoV GIとGIIの混在事例9事例(5.3%)、NoV GIとGIIの型別不明10事例(5.9%)であった。2023年度で最も多く検出された遺伝子型はGII.4、次いでGII.2であり、2022年度と同様の傾向であったが、2つの遺伝子型が全体に占める割合は、型別不明およびNoV GIとGIIの混在事例19事例を除く全体の61.3%(92/150)であり、2022年度の90%より低下した。2023年度はNoV GIとGII 合わせて13の遺伝子型(GI: 6種類, GII: 7種類)が検出され、2022年度のNoV GII 5種類(GII.2, 3, 4, 6および17)と比較して検出された遺伝子型の種類が増加した。また、2022年度で検出されたNoV GII 5種類(GII.2, 3, 4, 6および17)は2023年度においても通年見られたものの、上記5種類以外の遺伝子型(GI.1～6, GII.7および12)検出事

表 2. NoV 遺伝子型別検出事例数 (2022 年度～2023 年度)

		G I.1	G I.2	G I.3	G I.4	G I.5	G I.6	G II.2	G II.3	G II.4	G II.6	G II.7	G II.12	G II.17	G I・G II 混在	型別不明
2022年度	4月							1		8						
	5月							3		2						1
	6月							1		4						
	7月									1				1		
	8月															
	9月															
	10月															
	11月							1		4	1					1
	12月							1	3	12						2
	1月							2		15						1
	2月							3	1	8				2		3
	3月							7	1	8						2
	2022年度合計							19	5	62	1			3		10
2023年度	4月						2	2						2		
	5月							3		1				1		
	6月							7			1					
	7月					1		1								
	8月													1		
	9月							1								
	10月												1			1
	11月	1					2	2		6	3					2
	12月	1			1			2	1	17		1				1
	1月				1			3		24	2	2		4	1	3
	2月	6					2	1	1	10	1	1		3	5	2
	3月	8	1	1			1			12				2	3	1
	2023年度合計	16	1	1	2	1	7	22	2	70	7	7	1	13	9	10
	遺伝子型合計	16	1	1	2	1	7	41	7	132	8	7	1	16	9	20

例は2023年度後半（11月以降）に88.9%（32/36）と集中していた。

3. VP1-RdRp領域の遺伝子型

NoV GI およびNoV GII のVP1-RdRp領域の遺伝子型を決定した結果（表3），解析可能であったものについては，新たな組み換え体は検出されなかった（表3）。

表 3. VP1-RdRp 領域遺伝子型別検出事例数 (2022 年度～2023 年度)

遺伝子型		検出事例数	
VP1	RdRp	2022年度	2023年度
GI.1	GI.P1		15
GI.2	GI.P2		1
GI.3	GI.P13		1
GI.4	GI.P4		2
GI.5	GI.P4		1
GI.6	GI.P11		4
GII.2	GII.P16	19	21
GII.3	GII.P12	4	2
GII.4	GII.P16	18	66
	GII.P31	40	1
GII.6	GII.P7	1	5
GII.7	GII.P7		5
GII.12	GII.P16		1
GII.17	GII.P17	3	10

GII.4のVP1-RdRp領域の解析の結果，RdRpの遺伝子型はGII.4 [P16]（以下，GII. P16）およびGII.4 [P31]

（以下，GII. P31）の2種類得られた．2022年度のGII.4 62事例の遺伝子型は，GII. P16が18事例（29.0%），GII. P31が40事例（64.5%），解析不能が4事例（6.5%）であった．2023年度のGII.4 70事例のRdRp領域の遺伝子型は，GII. P16が66事例（94.3%），GII. P31が1事例

（1.4%），解析不能が3事例（4.3%）であった．RdRp型検出事例数について月別に表すと，2022年度4月～6月ではGII. P31がGII. P16より多く検出されたが，その後GII. P16の検出数がGII. P31を上回った（図4）。

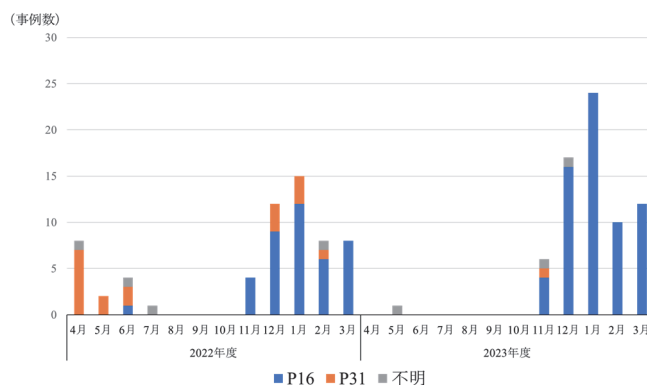


図 4. GII.4 Sydney の RdRp 型別事例数の推移 (2022 年度～2023 年度)

4. RVAの遺伝型

2022年度に1事例, 2023年度に3事例から検出されたRVAについて, 各事例のVP7領域とVP4領域の遺伝子型別を実施した. その結果, 4事例の遺伝子型はそれぞれG1P[8], G2P[4], G3P[8], G8P[8]であった(表4). また, 2022年度に基幹定点医療機関からG1P[8]が検出された検体については, 帳票にロタウイルスワクチンの接種歴の記載があるとともに, 解読したVP7領域とVP4領域の配列のBlast検索の結果, Rotarixワクチン株とそれぞれ高い相同性を示した(VP7: RVA/Vaccine/Rotarix/RVA/Vaccine/Rotarix/ETH/BD445/2016/G1P[8]株, 98.52%, VP4: RVA/Recombinant-tc/USA/rRIX4414-VP2mt1/2022/G1P[8]株, 100.00%).

表 4. RVA の検出状況
(2022 年度～2023 年度)

No	検出時期	事業名	遺伝子型	検出数	備考
1	2022年2月	発生動向調査	G1P[8]	1	Rotarixワクチン株
2	2023年8月	食中毒調査	G2P[4]	11	
3	2024年2月	積極的疫学調査	G8P[8]	1	
4	2024年2月	発生動向調査	G3P[8]	1	

考 察

NoVのゲノムは約7,500塩基の一本鎖RNAであり, 3つの蛋白質コード領域(Open Reading Frame: ORF)が存在する. このうち, ORF2領域のVP1によりGI~GXの遺伝子群に分類される. さらに, GIは9種類, GIIは27種類の遺伝子型に細分類されており, 多数の遺伝子型が存在するが, 近年では特定の遺伝子型が流行する傾向がある^{1,9)}. 今回, 検出されたNoVの遺伝子型について, 2022年度のNoV GI 検出例は2事例のみであり, NoV GII はGII.2, GII.3, GII.4, GII.6, GII.17であった. 例年, NoV GI検出例は年間数例であるとともに, 2022年度に検出されたNoV GIIの5種類の遺伝子型は, 以前から毎年検出される主要な遺伝子型である¹⁰⁾ことから, 2022年度は近年見られる流行のパターンと同様であった. 2023年度は冬期に搬入された食中毒調査から, NoV GIの検出例の増加が見られ, さらに複数の遺伝子型が検出されている. また, NoV GIIについても, GII.7やGII.12などこれまで報告例が少ない遺伝子型が検出されており, NoV全体的に検出された遺伝子型数が増加した. 2023年度はNoV GIの検出例の増加に加え, NoV GIやGIIの遺伝子型の多様化, 特に以前は検出数が少なかったGI.1やGII.7が2023年度には多く検出されたことが特徴的である. また, 2023年度冬期にはNoV GIとNoV GIIの複合感染も多く見られた. NoV GIとNoV GIIの複合感染は主に加熱不十分の牡蠣などの二枚貝の喫食によるものが主要な原因であると考えられる.

NoVはゲノムのORF1とORF2間で組換えが生じやすいことから, ORF2 (VP1領域)の遺伝子型に加え, ORF1 (RdRp領域)の遺伝子型の表記で分類されている¹¹⁾. 今回のVP1-RdRp領域の遺伝子型の解析の結果, 2022年度から2023年度にかけては新たなNoVの組み換え体は見られなかったが, GII.4のRdRp型についてはGII. P31とGII. P16の2種類が検出され, それぞれの検出数に差が見られた. 2021年度以前の報告ではGII. P31が多数を占めていたものの, GII. P16の検出報告¹²⁾以降GII. P31からGII. P16への置き換わりが進んでいた¹³⁾. 今回の調査では, 2023年度にはGII.4のRdRp型はGII.P16に置き換わりが進んだと見られる. GII.4は例年冬期における流行の主流の遺伝子型であることから, 今後もGII.4の変異については注視していく必要がある.

RVAは, 全国的に2019年度までは春から夏に検出数のピークを迎えるという傾向を示していたが, 2020年度以降の検出数は激減した¹⁴⁾. これはCOVID-19の影響以外に, 2020年10月に開始したRVAワクチンの定期接種化¹⁵⁾も一因と考えられた. しかし, 今回の調査において2023年8月にRVAの集団感染事例(食中毒とは断定できず, 有症苦情として処理された)が発生した後, 2024年2月に散発的に2例検出された. RVAのゲノムは11分節の2本鎖RNAで構成されており, 分節間の組み換え(リアソータント)により, 抗原性が大きく変化したウイルスの出現も報告されている¹⁶⁻¹⁸⁾ことから, 今後もRVAの動向について注視していく必要がある.

2023年度はNoVの多様な遺伝子型の検出やRVAの検出など, COVID-19が感染症法上の5類感染症となった影響と考えられる変化が見られた. 今回調査を行った食中毒調査検体数について, 2023年度は2022年度より大幅に増加した. 2023年度の食中毒事例の原因として, 従業員を介した食中毒事例の増加や加熱不十分な牡蠣の提供によるものが多かったことから, 飲食店等における衛生管理への意識の低下や営業再開後の従業員への教育不足から食中毒の発生事例数の増加の要因となったと考えられる. また, 2022年度に検出されたNoVの遺伝子型の種類は, COVID-19流行前の2017年度～2018年度に検出された遺伝子型とほぼ同じであったが¹⁹⁾, COVID-19流行後の2023年度は2022年度以前と比較すると遺伝子型の種類が増加しており, NoVの遺伝子型の多様化が見られた. これは, NoVは抗原変異が激しく, 同一遺伝子型でも免疫は長続きしないことが知られており²⁰⁾, COVID-19流行下では, 大人数での活動の自粛や保育園の休園などによりウイルスの感染機会が減少し, 集団免疫の低下がおきたことに加え, 特定の遺伝子型がコミュニティ内で循環していたが, 2023年度にCOVID-19が感染症法上の5類感染症となったことにより, 自粛していた活動が再開し, 海外を含めた人々の交流が活発になったことで様々な型の

ウイルスがまん延して感染機会が増加したことによって、今回の遺伝子型の多様化に至ったと推察された。

また、NoVやRVA以外にもSaV, AdV, AstVなどの感染性胃腸炎の原因ウイルスがCOVID-19流行期よりも検出されていることから、今後も胃腸炎ウイルスの検出状況や遺伝子型の変化を継続して監視していくことが重要である。

まとめ

2022年度から2023年度において、食中毒調査、積極的疫学調査、感染症発生動向調査で当センターに搬入された検体についてウイルス検査を実施した。その結果、714事例中317事例から胃腸炎ウイルスが検出された。2023年度の検査検体数は、COVID-19流行期の2022年度と比較して大幅に増加した。2022年度および2023年度はどちらの年も検出されたウイルスの内訳はNoV GIIが最も多く、遺伝子型はGII.4が大半を占めていた。NoVの流行する遺伝子型に大きな変化はみられなかったものの、2023年度は2022年度と異なりNoV GIとNoV GIIのそれぞれ多様な遺伝子型が検出された。また、RVAについては、COVID-19およびRVAワクチンの定期接種化の影響により2022年度は検出数が激減していたが、2023年度ではRVAによる集団感染事例の発生をはじめ、数例の感染例があった。NoVやRVAを含む胃腸炎ウイルスについては、今後も検出状況や遺伝子型の流行の変化について、注視していく必要がある。

文 献

- 1) 永野美由紀, 浅倉弘幸, 矢尾板 優, 他: 東京健安研セ年報, **73**, 101–107, 2022.
- 2) 厚生労働省: 新型コロナウイルス感染症の5類感染症移行後の対応について,
<https://www.mhlw.go.jp/stf/corona5rui.html>
(2024年7月10日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性ある)
- 3) Kageyama, T., S. Kojima, M. Shinohara *et al.*: *J. Clin. Microbiol.*, **41**, 1548–1557, 2003.
- 4) Oka T., Katayama K., Hansman G.S., *et al.*: *J Med Virol*, **78**, 1347–1353, 2006.
- 5) Jothikumar N., Kang G., Hill V.R., *et al.*: *J Virol Methods*, **155**, 126–131, 2009.
- 6) Mori, K., Hayashi, Y., Akiba, T., *et al.*: *Viol. Methods*, **191**: 141–147, 2013.
- 7) 病原体検出マニュアル ノロウイルス (第1版) 令和元年6月.
- 8) 国立感染症研究所: 病原体検出マニュアル ロタウイルス (第2版) 令和元年6月.
- 9) 浅倉弘幸, 永野美由紀, 長島真美, 他: 東京健安研セ年報, **70**, 57–61, 2019.
- 10) 国立感染症研究所感染症疫学センター: 月別NoVGI遺伝子型検出報告数 (2006/07-2022/23シーズン)
https://www.niid.go.jp/niid/images/iasr/rapid/noro/230410/no_rogm_230802.gif (2024年7月10日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性ある)
- 11) Chhabra, P., de Graaf, M., Parra, G.I., *et al.*: *J. Gen Virol.*, **100**, 1393–1406, 2019.
- 12) 国立感染症研究所: 病原微生物検出情報 **37**, 136–138, 2016.
- 13) 浅倉弘幸, 東京都微生物検査情報, **44**, 4–7, 2023.
- 14) 国立感染症研究所感染症疫学センター: 月別A群ロタウイルス遺伝子型検出報告数 (2006/07-2022/23シーズン)
https://www.niid.go.jp/niid/images/iasr/rapid/noro/230410/rotagm_230802.gif (2024年7月10日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性ある)
- 15) 厚生労働省健康局長: 健発0204第5号, 「予防接種法第5条第1項の規定による予防接種の実施について」の一部改正について (通知), 令和2年2月4日.
- 16) 国立感染症研究所: 病原微生物検出情報, **40**, 202–203, 2019. 国立感染症研究所: 病原体検出マニュアル ノロウイルス (第1版), 令和元年6月,
<https://www.niid.go.jp/niid/images/lab-manual/Norovirus20190611.pdf> (2024年8月9日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性ある)
- 17) Kondo, K., Tsugawa, T., Ono, M., *et al.*: *Emerg. Infect. Dis.*, **23**, 968–972, 2017.
- 18) 前畑高明, 岡村 創, 浅沼理子, 他: 病原微生物検出情報, **40**, 207, 2019.
- 19) 永野美由紀, 浅倉弘幸, 長島真美, 他: 東京健安研セ年報, **70**, 64–67, 2019.
- 20) 左近直美, 駒野 淳: 病原微生物検出情報, **38**, 10–11, 2017.

Detection of gastroenteritis viruses in Tokyo (April 2022 to March 2024)

Hiroyuki ASAKURA^a, Satoru AKASE^a, Shota YOKOTA^a, Naoya IWASAKI^a, Maya ISOGAI^a, Yukinao HAYASHI^a,
Akane NEGISHI^a, Hitoshi ITOH^a, Kenshiro KUROKI^a, Miyu KOIZUMI^a, Yurie KITAMURA^a, Kaori KUZAWA^a,
Mami NAGASHIMA^a, and Kenji SADAMASU^a
(Reviewed by Akihiko HIRAI^b)

From the April 2022 to March 2024, gastroenteritis viruses were tested on specimens brought in as part of food poisoning surveys, active epidemiological surveys, and infectious disease outbreak surveillance in Tokyo. The results revealed that gastroenteritis-causing viruses were detected in 317 of 714 cases. Norovirus was the most common, with most genotypes being GII.4. The number of specimens brought in and detected had been decreasing compared to previous years until 2022; however, in 2023, the number of specimens brought in and detected significantly increased as COVID-19 became a class 5 infectious disease. Furthermore, viruses and genotypes detected varied, mixture of various types.

Keywords: Food poisoning investigation, Active epidemiological investigation, Infectious disease surveillance, Infectious gastroenteritis, Viral food poisoning, Norovirus, Rotavirus, Sapovirus, Adenovirus, Astrovirus

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

^b Junior College of Kagawa Nutrition University