

東京都内で発生した食中毒事例におけるノロウイルスの遺伝子解析 (2024年度)

浅倉 弘幸^a, 横田 翔太^a, 岩崎 直哉^a, 三関 詞久^a, 磯貝 まや^a, 黒木 絢士郎^a, 根岸 あかね^a,
小泉 美優^a, 北村 有里恵^a, 林 志直^a, 九澤 香織^a, 長島 真美^c, 三宅 啓文^a, 貞升 健志^b, 千葉 隆司^b

2024年度に東京都健康安全研究センターに食中毒調査として搬入された361事例のうち、183事例からノロウイルス (NoV) を含む胃腸炎ウイルスが検出された。検出されたウイルスの内訳はNoV GIIによるものが最も多く、遺伝子型 GII.17が大半を占めた。検出されたGII.17について、系統樹解析の結果、過去に流行した株とは異なる新たな系統に分類されるとともに、VP1領域に多数のアミノ酸変異が認められた。この近縁株が2023年から2025年にかけて海外で流行していたことから、2024年度東京都におけるGII.17による食中毒の増加は、抗原性が大きく異なるウイルスが海外から流入したことが一因であると推察された。

キーワード: 食中毒調査, ウイルス性食中毒, ノロウイルス, 抗原変異, GII.17[P17]

はじめに

ノロウイルス (NoV) は食中毒の主要な原因物質であり、令和6年に東京都内で発生した食中毒の事件数の31.6%、患者数の68.8%はNoVに起因するものである¹⁾。NoVによる食中毒は、調理従事者を介して汚染が広がることにより、1事例あたりの患者数が多い大規模な食中毒事例となりうる。例年、冬季を中心に流行が見られるが、2020年度から2021年度にかけて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²⁾。この要因として、新型コロナウイルス感染症 (COVID-19) の流行に伴う都民の外出自粛や感染予防対策の徹底が挙げられる。しかし、COVID-19は2023年5月8日より感染症法上の位置付けが2類相当の「新型インフルエンザ等感染症」から5類感染症となったことに伴い³⁾、感染防止対策は大幅に緩和され、社会活動もCOVID-19流行前の状態にほぼ戻っている。今回は、前報⁴⁾に引き続きCOVID-19の流行後の状況変化を踏まえ、2024年度に東京都内で発生した食中毒事例から検出されたNoVの検出状況について報告する。

材料と方法

1. 検査材料

2024年4月から2025年3月までの間に食中毒調査 (食中毒疑い、有症苦情、他自治体の関連調査含む) として当センターに搬入された検体 (ふん便または吐物) 361事例 2,943 検体を検査材料とした。

2. 検査項目

搬入された検体すべてに NoV GI および NoV GII の検査を行った。さらに、保健所の調査希望があった事例に

ついて、サポウイルス (Sapovirus : SaV) および A 群ロタウイルス (Rotavirus group A : RVA) を追加で検査を行った。また、NoV 陽性となった事例についてそれぞれ 1 検体を抽出し、遺伝子型別を実施した。

3. 検査方法

1) 核酸抽出

ふん便材料および吐物について、リン酸緩衝液を用いて10%乳剤液を作製した後、遠心分離後の上清から QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN) を用いて核酸抽出を行った。

2) リアルタイムRT-PCR

抽出した核酸を鋳型とし、QuantiTect Probe RT-PCR Kit (QIAGEN) を用い、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サイクル行った。

なお、NoVの検出用プライマーおよびプローブとして、NoV GIではCOG1F/COG1R, RING1-TP (a), NoV GIIではCOG2F/COG2R, RING2-TPをそれぞれ用いた⁵⁾。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/5TP⁶⁾を、RVA検出用プライマーおよびプローブとして、JVKF, JVKR, JVKP⁷⁾を用いた。

3) NoVの遺伝子型別

リアルタイムPCR法にてNoV GIまたはNoV GIIが検出された検体について、NoVの塩基配列を決定し、遺伝子型別を行った⁸⁾。1st PCRのプライマーはGI用にMON432/G1SKR (RdRp-VP1領域) またはCOG1F/G1SKR (capsid N/S領域)、GII用に

^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 東京都健康安全研究センター企画調整部健康危機管理情報課

MON431/G2SKR (RdRp-VP1 領域) または COG2F/G2SKR (capsid N/S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回繰り返し、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 (capsid N/S領域)、GII用にG2SKF/G2SKR (capsid N/S領域) 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サイクル行い、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) によるシークエンス反応を行った。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) NGSによる全長解析

1) 核酸抽出したRNAを用い、ライブラリを作製した。ライブラリ作製にはNEBNext Ultra II 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。得られたデータはCLC genomics workbench (Qiagen) を用いて参照株

(LC037415_kawasaki308株) にマッピングを行い、全長配列を取得した。得られた全長配列についてBLASTによる同源性検索、および変異解析を行った。

5) 系統樹解析

遺伝子型別を行ったRdRp-VP1領域、または全長配列から抽出したRdRp-VP1領域の527bpについて、2017年度～2023年度東京都検出株、GenBank登録配列 (2014年以降に登録されたGII.17[P17]) と合わせてMEGA7を用いて系統樹解析を行った。

結果

1. ウイルスの検出状況

2024年度に食中毒調査として搬入された検査事例数は361事例、ウイルス検出事例数は183事例であり、2022年度以降のデータ⁴⁾においては検査事例数、検出事例数とも毎年増加していた (表1) 。

2024年度に検出されたウイルスの内訳は、NoV GIが8.7%、NoV GIIが80.3%であり、NoV GIIが最も多く検出された。また、複数ウイルスの混在事例 (NoV GI+NoV GII, NoV+RVA) も他年度より多く認められた。

2. NoVの遺伝子型

NoVが検出された163事例 (GI・GIIの混在14事例および複数ウイルス混在5事例を除く) におけるcapsid N/S領域またはRdRp-VP1領域より遺伝子型を決定した

(表2) 。最も多く検出された遺伝子型はGII.17が96事例 (58.8%) であり、次いでGII.7が19事例 (11.6%)、GII.4_Sydney2012 亜株が15事例 (9.1%)、GI.1が11事例 (6.7%)、GII.2、GII.3、GII.6が各4事例 (各2.4%)、GI.3が3事例 (2.4%)、GI.6が2事例 (1.2%)、型別不明が5事例 (3.0%) であった。また、遺伝子型月別検出数 (図1) について、2024年9月まではGII.7などの多様な遺伝子型が検出されていたが、11月以降はGII.17が急激に増加し、2月から3月にピークに大勢を占めた。

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～2024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 GI	NoV GII	NoV GI + NoV GII	SaV	RVA	NoV+RVA
2022年度	228	55	2	51	0	2	0	0
2023年度	332	147	29	107	9	1	1	0
2024年度	361	183	16	147	14	1	1	4
合計	921	385	47	305	23	4	2	4

表2. Capsid N/S 領域および RdRp-VP1 領域により決定した遺伝子型と事例数

capsid N/S		RdRp-VP1		計
遺伝子型	検出数	遺伝子型	検出数	
GI.1	5	GI.1[P1]	6	11
GI.3	1	GI.3[P10]	1	3
		GI.3[P13]	1	
GI.6	2			2
GII.2		GII.2[P16]	4	4
GII.3	1	GII.3[P12]	3	4
GII.4_Sydney2012		GII.4_Sydney2012[P16]	15	15
GI.6	3	GI.6[P7]	1	4
GI.7	4	GII.7[P7]	15	19
GII.17	12	GII.17[P17]	84	96
				163

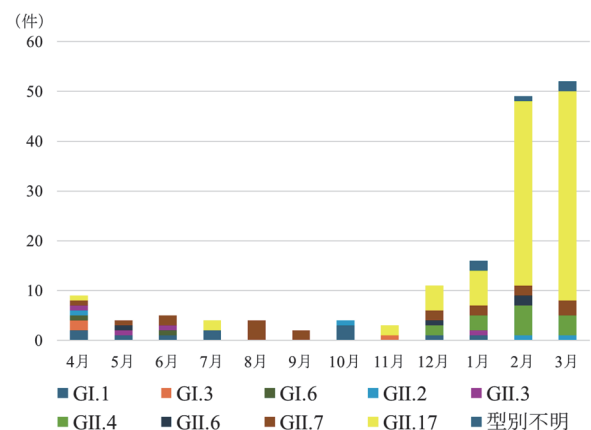


図1. 都内食中毒調査事例におけるNoVの遺伝子型月別検出数 (2024年度)

3. NoV GII.17 の全長解析

2024年度に検出されたGII.17[P17]全長配列10株についてBLAST検索を行った結果(表3), 9株についてはHu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA株(Accession No : PQ310236, 2024年3月アメリカ)と最も高い相同性を示し(99.42~99.97%), 1株についてはRIVM-NL-NoV24-06株(Accession No : PQ373143, 2024年2月オランダ)と最も高い相同性を示した(99.53%)。

全長配列を得られた都内検出株 GII.17[P17]2 株 (LC868427.1_Hu/GII.17[P17]/TKY241523/2024/JP, LC868438.1_Hu/GII.17[P17]/TKY242661/2025/JP) について, GII.17[P17]の過去の代表的な参照株 (AB983218.1_kawasaki323, LC037415.1_kawasaki308) と VP1 領域の P2 ドメイン部位における変異の比較を行った(図3)。その結果, 2024 年度に検出された都内検出株は kawasaki323 株と7か所, kawasaki308 株とでは17か所のアミノ酸変異(2か所の挿入を含む)が見られた。

4. NoV GII.17の系統樹解析

2024年度都内検出GII.17[P17] (n=68) のRdRp-VP1領域(527bp)について, GenBank登録株を基に系統樹解析を行った結果, 大きく3つのCladeに分類された(図3)。Clade I (kawasaki323系統)に属する都内2024年度検出株はなかったが, Clade II (kawasaki308系統)には2株が分類され, 残り66株についてはClade IIIに分類され, さらに66株のうち62株はRomania-2021株を祖先とする系統に分類された。

表 3. 2024 年度都内食中毒事例より検出された GII.17[P17]全長配列解析

株名	Accession No	搬入日	length	BLAST	identity
Hu/GII.17[P17]/TKY241383/2024/JP	LC868426	2024/12/14	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.42%
Hu/GII.17[P17]/TKY241523/2024/JP	LC868427	2024/12/27	7556	RIVM-NL-NoV24-06 (PQ373143)	99.53%
Hu/GII.17[P17]/TKY241535/2024/JP	LC868428	2024/12/27	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.45%
Hu/GII.17[P17]/TKY242102/2025/JP	LC868429	2025/2/20	7547	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.55%
Hu/GII.17[P17]/TKY242305/2025/JP	LC868431	2025/2/28	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.97%
Hu/GII.17[P17]/TKY242338/2025/JP	LC868432	2025/3/1	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.53%
Hu/GII.17[P17]/TKY242405/2025/JP	LC868433	2025/3/3	7489	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.72%
Hu/GII.17[P17]/TKY242490/2025/JP	LC868436	2025/3/5	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.73%
Hu/GII.17[P17]/TKY242499/2025/JP	LC868437	2025/3/5	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.69%
Hu/GII.17[P17]/TKY242661/2025/JP	LC868438	2025/3/11	7556	Hu/GII.17[P17]/Wyoming0005/2024/USA (PQ310236)	99.68%

株名	217-225 (I)										291-298 (II)							
	P	P	S	V	E	S	K	T	K		T	A	E	T	D	H	R	D
AB983218.1_kawasaki323																		
LC037415.1_kawasaki308	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	Q	I	N	Q	R	*
LC868427.1_Hu/GII.17[P17]/TKY241523/2024/JP	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	E	T	D	N	P	*
LC868438.1_Hu/GII.17[P17]/TKY242661/2025/JP	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	E	T	D	N	P	*

株名	359-363 (III)					371-379 (IV)									
	S	P	Q	F	V	F	R	S	N	D	N	-	D	F	Q
AB983218.1_kawasaki323															
LC037415.1_kawasaki308	*	*	Q	*	*	L	R	I	S	D	N	D	*	*	*
LC868427.1_Hu/GII.17[P17]/TKY241523/2024/JP	*	*	R	*	*	F	K	S	N	D	D	-	*	*	*
LC868438.1_Hu/GII.17[P17]/TKY242661/2025/JP	*	*	R	*	*	F	K	S	N	D	D	-	*	*	*

株名	390-396 (V)							
	I	N	D	D	G	D	-	H
AB983218.1_kawasaki323								
LC037415.1_kawasaki308	V	*	*	*	D	G	G	H
LC868427.1_Hu/GII.17[P17]/TKY241523/2024/JP	I	*	*	*	G	N	-	Q
LC868438.1_Hu/GII.17[P17]/TKY242661/2025/JP	I	*	*	*	G	N	-	Q

図 2. GII.17[P17] VP1 領域 P2 ドメイン部位におけるアミノ酸変異比較 (アミノ酸番号は kawasaki323 の番号)

考 察

NoVには多数の遺伝子型が存在しており, GIは9種類, GIIは27種類の遺伝子型に細分類されている. また, 流行する遺伝子型は年によって変化し, NoVは変異が生じやすいことから同一遺伝子型においても抗原性が異なるウイルスが混在することがある⁹⁾.

2024年度においては, 前半(4月~10月)にかけてはGI.1やGII.7を始めとする多様な遺伝子型が混在しており, これは2023年度と同様の傾向であった⁴⁾. 11月以降に徐々にGII.17が増加し, 2025年2月から3月にかけてGII.17の検出がピークに達した. 近年のNoVの流行の主体はGII.4であったが⁴⁾, 2024年度においては都内食中毒事例からGII.4が検出された事例は少なく, 代わってGII.17が最も多く検出された. 東京都においてGII.17が主流株となったのは, 組み換えで生じた新規の遺伝子型GII.17[P17] (kawasaki323株) が報告¹⁰⁾ され, 流行した2014/2015シーズン以来である¹¹⁾. 2014年に報告されたkawasaki323株はそれまで検出されていたGII.17株とは異なるCladeに属していた(Clade I). その後, kawasaki323系統とはさらに異なるCladeに分類されるkawasaki308系統(Clade II)が日本や世界各地でそれまでの主流であったGII.4に置き換わって流行が見られた¹²⁻¹⁷⁾. この原因として, VP1領域のP2ドメイン部位の変異によりHBGA受容体への結合能上昇や免疫逃避能の向上が推察されており, kawasaki308株はkawasaki323にさらにP2ドメイン部位に変異が蓄積されていることから感染拡大の要因となったと推察されている¹⁷⁾.

東京都においても2014年~2015年にかけてkawasaki系統(特にkawasaki308系統)による流行が見られ¹¹⁾, その後2017年以降から2022年まではNoVの主流株ではないものの, kawasaki308系統に属するGII.17[P17]が検出されていた. 2023年度後半から2024年度前半にかけて, Clade IIとは大きく異なるClade IIIに分類される株が出現し, 都内の流行株となった. この系統株は2023年~2025年にかけて, 欧米においてそれまで主流であったGII.4_sydney2012に置き換わり, GII.17[P17]による流行が報告されており^{18,19)}, 東京都においても同様の傾向が見られた. 欧米で報告されたGII.17[P17]による流行は, 2021年ルーマニアで流行したRomania-2021株が祖先とされており²¹⁾, 東京都における流行したGII.17[P17]もRomania-2021系統に属するものであった. Romania-2021系統はkawasaki308系統と比較して全長にわたり約500箇所の塩基変異が見られ, さらに, VP1領域のP2ドメイン部位に多数のアミノ酸変異が存在したことから, 従来株のkawasaki308系統から抗原性が大きく変化していると考えられた.

2024年度東京都内における食中毒調査事例数及びNoV検出事例数は前年度から引き続き増加した. これはCOVID-19流行時の感染予防対策や衛生意識が継続していないことが原因であると考えられる. さらに,

COVID-19流行時にはNoVによる食中毒事例, 特にGII.17[P17]の事例は少なかったため, 集団免疫が低下したことで, 海外由来と推察される抗原性が大きく異なるウイルスが流入したことも感染拡大の一因となったと推察される.

NoVはこれまでも変異を繰り返してきたが, 新たな変異型の出現により, 感染性や病原性が大きく変化し, 食中毒事例の増加につながる可能性もある. そのため, 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

2024年度に東京都健康安全研究センターに食中毒調査として搬入され, 検査を行った361事例のうち, 183事例から胃腸炎ウイルスが検出された. 内訳はNoV GIIによるものが最も多く, 遺伝子型GII.17が大半を占めていた. 系統樹解析の結果, 2024年度に流行したGII.17は従来株と異なるCladeに分類された. また, 全長にわたり多数の変異が存在し, 特に抗原性に大きく影響するVP1領域に多数のアミノ酸変異が見られた. 2024年度都内流行株は海外で流行した株と近縁であることから, 2024年度のGII.17による食中毒事例の増加は, 抗原性が大きく異なるウイルスが海外から流入したことが原因であると考えられた. NoVの検出状況や遺伝子型の変化について, 今後も注視していく必要がある.

文 献

- 1) 東京都保健医療局: 令和6年 東京都食中毒発生状況(確定値), https://www.hokeniryo1.metro.tokyo.lg.jp/shokuhin/tyuudoku/r6_kakutei.html (2025年8月22日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性ある)
- 2) 永野美由紀, 浅倉弘幸, 長島真美, 他: 東京健安七 年報, **70**, 64-67, 2019.
- 3) 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> (2025年8月22日現在. なお本URLは変更または抹消の可能性ある)
- 4) 浅倉弘幸, 赤瀬 悟, 横田翔太, 他: 東京健安研七 年報, **75**, 125-131, 2024.
- 5) Kageyama, T., S. Kojima., M. Shinohara., *et al.*: *J. Clin. Microbiol.*, **41**, 1548-1557, 2003.
- 6) Oka T., Katayama K., Hansman G.S., *et al.*: *J Med Virol*, **78**, 1347-1353, 2006.
- 7) Jothikumar N., Kang G., Hill V.R., *et al.*: *J Virol Methods*, **155**, 126-131, 2009.
- 8) 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.

- 9) 左近直美, 駒野 淳 : 病原微生物検出情報, **38**, 10–11, 2017.
- 10) 松島勇紀, 石川真理子, 清水智美 : 病原微生物検出情報, **36**, 175–178, 2015.
- 11) 宗村佳子, 木本佳那, 小田真悠子, 他 : 病原微生物検出情報, **38**, 5–6, 2017.
- 12) Matsushima, Y., I, Ishikawa, M., Shimizu, T., *et al.*: *Euro Surveill*, **20**, 21173, 2015.
- 13) Prado das Neves Costa, L, C., Monteiro Teixeira, D., Rodrigues Poruela, A, C., *et al.*: *BMC Infect Dis*, **19**, 1021, 2019. doi: 10.1186/s12879-019-4628-5. (令和7年8月22日現在)
- 14) Chan, C,W, M., Hu, Y., Chen, H., *et al.*: *EmerGInfect Dis*, **23**, 1354–1359, 2017. doi: 10.3201/eid2308.161138 (令和7年8月22日現在)
- 15) Estienney, M., Tarris, G., Abou-Hamad, N., *et al.*: *Front Microbiol*, **13**, 858245, 2022. doi: 10.3389/fmicb.2022.858245. (令和7年8月22日現在)
- 16) de Graaf, M., van Beek, J., Vennema, H., *et al.*: *Euro Surveill*, **20**, 21178, 2015. doi: 10.2807/1560-7917.es2015.20.26.21178. (令和7年8月22日現在)
- 17) Chhabra, P., Wong, S., Niendorf, S., *et al.*: *Euro Surveill*, **29**, 2400625, 2024. doi: 10.2807/1560-7917.ES.2024.29.39.2400625. (令和7年8月22日現在)
- 18) Barclay, L., Vinjé, J. : *EmerGInfect Dis*, **31**, 1471–1473, 2025.
- 19) Epifanova, V, N., Oparina, V, S., Morozova, V, O., *et al.*: *Arch Virol*, **170**, 167, 2025. doi: 10.1007/s00705-025-06356-9. (令和7年8月22日現在)

Detection of Gastroenteritis Viruses in Tokyo (April 2024–March 2025)

Hiroyuki ASAKURA^a, Shota YOKOTA^a, Naoya IWASAKI^a, Norihisa MISEKI^a, Maya ISOGAI^a, Kenshiro KUROKI^a, Akane NEGISHI^a, Miyu KOIZUMI^a, Yurie KITAMURA^a, Kaori KUZAWA^a, Yukinao HAYASHI^a, Mami NAGASHIMA^a, Hirofumi MIYAKE^a, Kenji SADAMASU^a, and Takashi CHIBA^a

From April 2024 to March 2025, gastroenteritis viruses were tested in food-related specimens submitted in Tokyo. The results revealed that viruses causing gastroenteritis were detected in 183 out of 361 cases. Norovirus was the most frequently identified, with the majority of genotypes belonging to GII.17. The number of submitted and virus-positive specimens increased significantly following the reclassification of COVID-19 as a Class 5 infectious disease in 2022. Phylogenetic analysis indicated that the GII.17 strain circulating during fiscal year 2024 belonged to a new cluster, distinct from previously circulating strains. Furthermore, numerous amino acid mutations were observed in the VP1 region. Given that this strain is closely related to strains registered overseas, it is believed that the GII.17 outbreak in 2024 was caused by the introduction of a virus with significantly different antigenicity from abroad.

Keywords: food-poisoning investigation, viral food poisoning, norovirus, antigen mutation, GII.17[p17]

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