

【短報】群馬県におけるロタウイルスの発生動向調査

丹羽祥一* 佐々木佳子** 塚越博之 黒澤肇 藤田雅弘 猿木信裕

Epidemiological surveillance of rotavirus in Gunma prefecture

Shoichi NIWA, Yoshiko SASAKI, Hiroyuki TSUKAGOSHI, Hajime KUROSAWA, Masahiro FUJITA and Nobuhiro SARUKI

ロタウイルスは乳幼児などに胃腸炎を引き起こすウイルスとして知られている。群馬県において流行している遺伝子型を調べるため、群馬県内におけるロタウイルスの分子疫学解析を行った。その結果、主な流行型は G1 型であり 2015 年度では得られた検体の内およそ 60 %が G1 型であった。調べた範囲において、G1 型は相同性が高く、各年において特徴的なアミノ酸配列の変化は見られなかった。世界的なロタウイルスワクチンの導入に伴い、これまでとは異なった遺伝子型が流行する可能性もあり、ロタウイルスの遺伝子型の動向について、今後も長期的な観察が必要である。

Key words : ロタウイルス rotavirus, 分子疫学 molecular epidemiology,

1.はじめに

ロタウイルスは乳幼児の嘔吐下痢症の主要な原因ウイルスであり、5 歳までに一度は感染を経験すると考えられている。感染すると発熱や下痢、嘔吐などの症状を引き起こし、特に小児においては重症化すると脳炎や脳症、腸重積等の重篤な合併症を併発する可能性があり公衆衛生上重要な病原体の一つである。

ロタウイルスはウイルス粒子の外殻を構成する中和抗原蛋白である VP7 遺伝子により型別が行われている。ヒトに感染性のあるロタウイルスには少なくとも VP7 遺伝子により 11 の遺伝子型 (G 型) が存在することが確認されており、G1-3 型、G9 型の 4 種類が主な流行型である (Thongprachum et al., 2016)。日本におけるロタウイルスの分子疫学調査は流行の変化を監視するにはデータが不十分な状況である。本調査は 2008 年度から 2015 年度の間に県内で得られたロタウイルスの遺伝子型別および系統樹解析を行ったので、その結果を報告する。

* 現 県立心臓血管センター

** 現 岩手県庁

2. 調査方法

2.1. 検体

2008 年 4 月から 2015 年 8 月の間に感染症発生動向調査事業によって得られたロタウイルス陽性が確認されている 78 検体を使用した。

2.2. VP7 領域の遺伝子解析

RNA は、QIAamp Viral RNA Mini Kit (キアゲン) を用いて抽出した。得られた RNA は Primescript RT reagent kit (タカラバイオ) で逆転写を行った後、常法により VP7 領域の遺伝子増幅、シーケンス解析を行った (Okame et al., 2006)。塩基配列はアライメント後、MEGA5 (<http://www.megasoftware.net/>) を使用して NJ 法による系統樹解析、相同性解析を行った。

3. 結果および考察

2008 年度から 2015 年度までに得られた 78 検体の内、G1 型は 49 検体、G2 型は 10 検体、G3 型は 2 検体、G6 型は 1 検体、G9 型は 16 検体であった (表 1)。G1 型は全体の 62.8%、次いで G9 型が 20.5%であり、群馬県の主流な流

行株は G1 型であった。全ての株について系統樹解析を行ったところ、各年度における大きなばらつきは見られなかった (図 1)。また、G1 型の遺伝子の相同性について比較したところ、89.6-100% であり、年度毎のアミノ酸配列にも特徴的な置換は見られなかった。本邦では 2011 年から 2012 年にかけて 2 種類のロタウイルスワクチンが導入されたが、調査の範囲内では非定形株の際立った増加や、ワクチンの導入による遺伝子配列の特徴的な変化は観察されなかった。

表 1 ロタウイルスの VP7 遺伝子型

年度	遺伝子型				
	G1	G2	G3	G6	G9
2008					2
2009	2				3
2010	1		1		1
2011	2				
2012	14				
2013	3				
2014	10	7		1	2
2015	17	3	1		8

4. まとめ

本調査では、群馬県内におけるロタウイルスの G 型の遺伝子型別を行った。主な流行型は

G1 型であり 2015 年度では得られた検体の内およそ 60 % が G1 型であった。G1 型は相同性が高く、各年において特徴的なアミノ酸配列の変化は見られなかった。世界的なロタウイルスワクチンの導入に伴い、今まで主要でなかった遺伝子型が流行するとの予測もあり、ロタウイルスの遺伝子型の動向については、今後も長期的な観察が必要である。

謝辞

本調査におきまして検体をご提供いただきました医療機関に深謝致します。

文献

Okame M, Akihara S, Hansman G, Hainian Y, Tran HT, Phan TG, Yagyu F, Okitsu S, Ushijima H. Existence of multiple genotypes associated with acute gastroenteritis during 6-year survey of norovirus infection in Japan. *J Med Virol.* 2006;**78**:1318-1324.

Thongprachum A, Khamrin P, Maneekarn N, Hayakawa S, Ushijima H. Epidemiology of gastroenteritis viruses in Japan: Prevalence, seasonality, and outbreak. *J Med Virol.* 2016; **88**: 551-570.

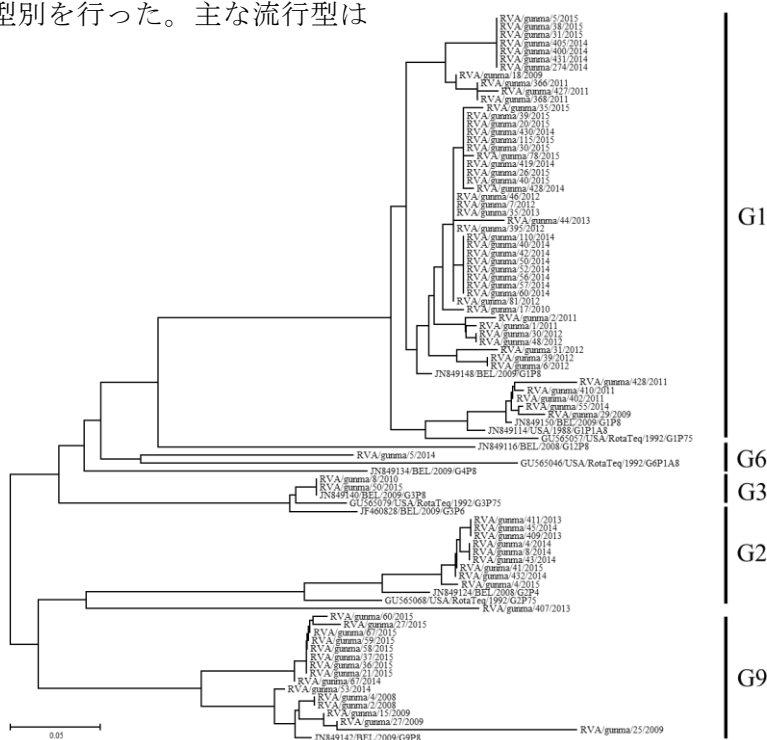


図 1 群馬県におけるロタウイルスの分子系統樹