

衛生微生物技術協議会

第39回研究会

ノロウイルスレファレンスセンター報告

染谷 雄一

国立感染症研究所 ウイルス第二部 第一室

[someya@niid.go.jp](mailto:someya@niid.go.jp)

2018年7月6日



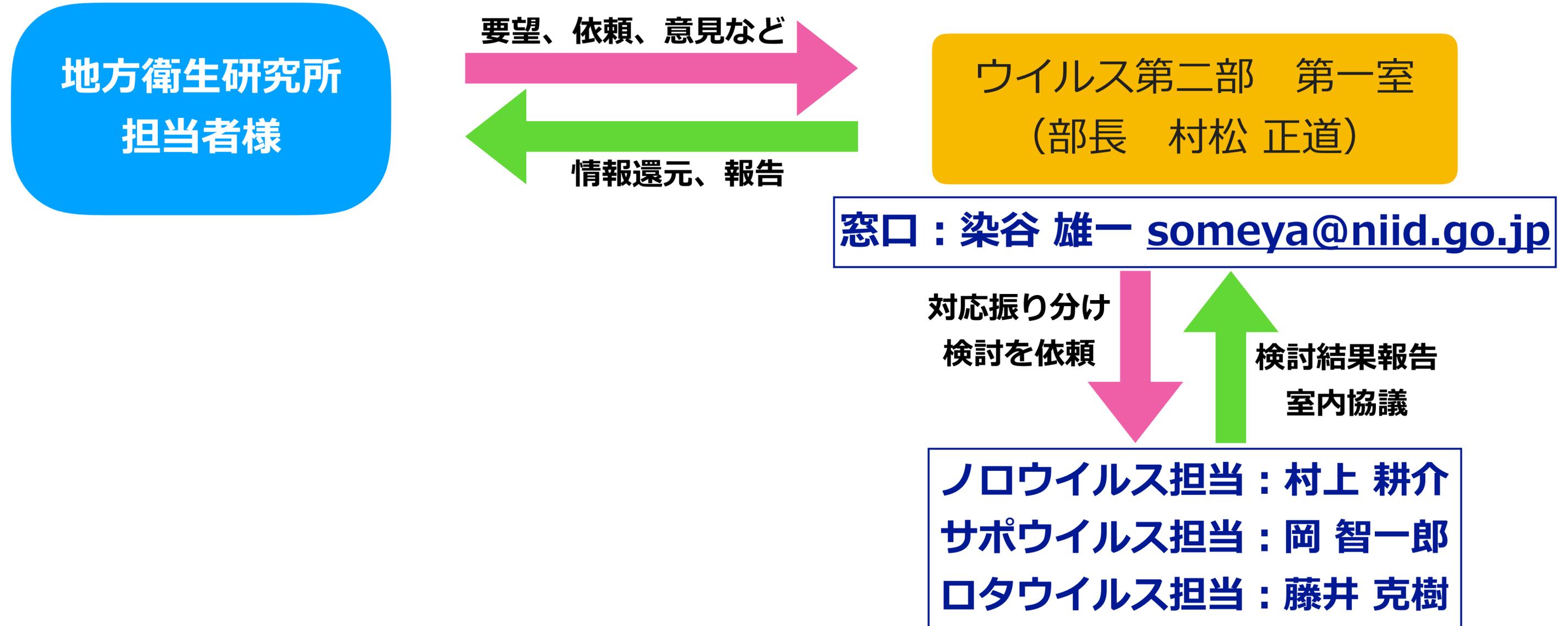
# 世話人交代のお知らせ

2018年4月付で、**ノロウイルスレファレンスセンター**が  
国立感染症研究所 感染症疫学センター 第六室 より  
同 **ウイルス第二部 第一室** に移りました。

これに伴い、本会議の世話人を  
前任の 木村 博一 先生（現 群馬パース大学）に代わって  
**染谷 雄一** が担当いたします。

# ノロウイルスレファレンスセンター

- ウイルス第二部第一室は、ノロウイルスレファレンスセンターとして、以下の体制を採ります。



# ロタウイルスの疫学について

- 2012年のロタウイルスワクチン導入後、**流行株の遺伝子型に明らかな変化**が認められる。シーズン毎の**主要遺伝子型の変化**も顕著であった。
- また、11分節RNAが複数のウイルス株間で再集合を起こした株（**リアソータント**）の検出例も目立つ。
- ➡ サーベイランスの実施、強化の必要性
- ➡ 今後も引き続き地方衛生研究所の担当者の方には協力をお願いしたい

# ロタウイルス検出法の改良について

## 1. マルチプレックスPCRによるタイピング

- 従来法のプライマーセット（1990年報告）では最近の流行株検出が困難
  - ➡ **新たなプライマーセットを開発し、現在最終調整中**
- 従来法で検出困難な場合、シーケンス解析で報告をお願いしたい

## 2. 自動電気泳動装置MultiNA（島津製作所）によるタイピング

- 抽出したRNAをキャピラリー電気泳動し、バンドパターンを解析する。タイピングソフト（β版）が札幌医科大学のサーバに構築されている。
- 現時点では、**Wa型（ロングパターン）**か**DS-1型（ショートパターン）**かの区別、C群ウイルスの検出が可能
- データが蓄積されれば全国的な流行状況を把握することが可能であるので、協力をお願いしたい

# サポウウイルス検出法の改良について

- 従来法ではヒトに感染するサポウウイルス全18遺伝子型を検出することは困難であった。
- ➔ プライマーを再検討し、**18遺伝子型すべてを検出可能な改良版リアルタイムRT-PCR法**を構築した。

従来の標準物質（プラスミド）を使用することができる。

# ノロウイルスの疫学について

- 近年、RNAポリメラーゼ領域とVP1タンパク質領域の境界部分で遺伝子組換えを起こした株（**リコンビナント**）の検出例増加が顕著である。
- RNAポリメラーゼ領域とVP1タンパク質領域の両方で遺伝子タイピングが必要であり、そのための検出法マニュアル作成が必須。  
➔ いくつかの地方衛生研究所の担当者の方により**新たな検出法の検討が進行中**

# レファレンスセンターからの提案

- 「ウイルス性下痢症診断マニュアル」（編集・発行：国立感染症研究所ウイルス第二部、衛生微生物技術協議会レファレンス委員会）

最新版は第2版。平成12年（2000年）7月10日発行。

すでに18年が経過し、実状と合わない点が多く見受けられる。

- 一方、ロタウイルスについては、「病原体検出マニュアル」（PDF版）（<https://www.niid.go.jp/niid/ja/labo-manual.html>）で、「感染性胃腸炎（ロタ）」（2014年12月版）として更新されている。

**＊まず、地方衛生研究所担当者様のご協力のもと、ノロウイルスに関するマニュアルを更新し、PDF版として公開する方針**