

令和6年度秋田県保健環境業務研究発表会抄録

感染症発生動向調査におけるサポウイルスの検出状況

佐藤由衣子 柴田ちひろ 小川千春 横尾拓子 藤谷陽子 斎藤博之

1. はじめに

サポウイルス (SaV) はカリシウイルス科に属する一本鎖 RNA ウィルスで、ノロウィルスとともに感染性胃腸炎の原因となる代表的なウイルスである。ヒトから検出されるウイルスは4つの遺伝子群 (GI、GII、GIV、GV) に大別され、それぞれの遺伝子群はさらに複数の遺伝子型に分類される。SaV の感染経路は経口感染であり、潜伏期間は1~4日程度とされている。嘔吐、嘔気、下痢を主症状とし、頭痛や発熱等を伴うこともある。全年齢層から検出されるが、特に保育施設や幼稚園等における乳幼児の感染性胃腸炎の原因として知られている。

当センターでは、感染症発生動向調査の一環として、病原体定点医療機関より提供された検体からの病原体検出を行っており、本調査で提供された小児の便検体においても、これまでに複数検体から SaV が検出されている。そこで、秋田県における SaV の流行状況を把握するため、2015年9月から2024年8月までの検出状況についてまとめたので報告する。

2. 対象と方法

2.1 対象検体

小児科定点医療機関(県内9機関)において、2015年9月から2024年8月に採取された便検体(ふん便、直腸拭い液)1654検体を対象とした。9月から翌年8月までを1シーズンとして、合計9シーズンの流行状況について解析した。

2.2 検査法

ウイルス保存液に便検体を懸濁し、QIAamp Viral RNA mini kit (QIAGEN)、若しくは自動核酸精製装置 MagNa Pure LC2.0 (Roche Diagnostics) 及び MagNa pure 24 (Roche Diagnostics) により RNA を抽出した後、Oka らの方法¹⁾に準じて real-time RT-PCR を実施した。

real-time RT-PCR で SaV 遺伝子が検出された検体については、Kitajima らの方法²⁾に準じた conventional nested-PCR を行った後、ダイレクトシークエンスにより塩基配列を決定し、遺伝子型別を行った。

3. 結果及び考察

3.1 検出状況

1654検体中72検体からSaVが検出され、検出率は4.4%であった(表1)。そのうち、2022/2023シーズンに検出された1検体については、同一検体より二つの異なる遺伝子型(GII.3型とGV.1型)が検出された。検出された遺伝子型の内訳は、GI.1が43.8% (n=32)と最も多く、次いでGII.3が21.9% (n=16)、GII.5が15.1% (n=11)、GV.1が11.0% (n=8)、GII.1が4.1% (n=3)、GI.3が2.7% (n=2)、GI.2が1.4% (n=1)であった。

シーズン別では、2023/2024シーズンが18検体と最も多く、主な遺伝子型はGII.5、GV.1であった。次いで2021/2022シーズンが14検体、2018/2019シーズンが12検体であり、いずれも主な遺伝子型はGI.1であった。2020/2021シーズンは陽性検体数が0であったが、これは新型コロナウイルスの流行により、手洗い等の感染予防対策の徹底等が影響したものと考えられた。シーズンによって主流の遺伝子型は異なっていたが、いずれのシーズンも県内で流行している型は全国とほぼ同様の傾向を示していた³⁾。

また、SaV陽性検体のうち、10検体については同時にSaV以外のウイルスとの重複感染が確認された。検出されたウイルスは、ノロウィルスが2検体、アストロウイルスが3検体、アデノウイルスが3検体、エコーウィルスが1検体、A群ロタウイルスが1検体であり、大部分が胃腸炎ウイルスであった。重複感染が病態に及ぼす影響については明らかではなく、また、SaV

表 1 SaV 検出数

シーズン	便検体数	SaV 陽性検体数	検出率 (%)	SaV遺伝子型							重複感染 検体数
				GI.1	GI.2	GI.3	GII.1	GII.3	GII.5	GV.1	
2015/2016	286	5	1.7	2	0	0	0	3	0	0	1
2016/2017	226	8	3.5	7	0	0	0	1	0	0	2
2017/2018	316	7	2.2	0	0	2	0	4	0	1	2
2018/2019	156	12	7.7	8	0	0	1	3	0	0	3
2019/2020	146	3	2.1	0	1	0	2	0	0	0	1
2020/2021	147	0	0.0	0	0	0	0	0	0	0	0
2021/2022	139	14	10.1	14	0	0	0	0	0	0	0
2022/2023	127	5	3.9	0	0	0	0	5*	0	1*	0
2023/2024	111	18	16.2	1	0	0	0	0	11	6	1
計	1654	72	4.4	32	1	2	3	16	11	8	10

* 同一検体より GII.3 型と GV.1 型を検出

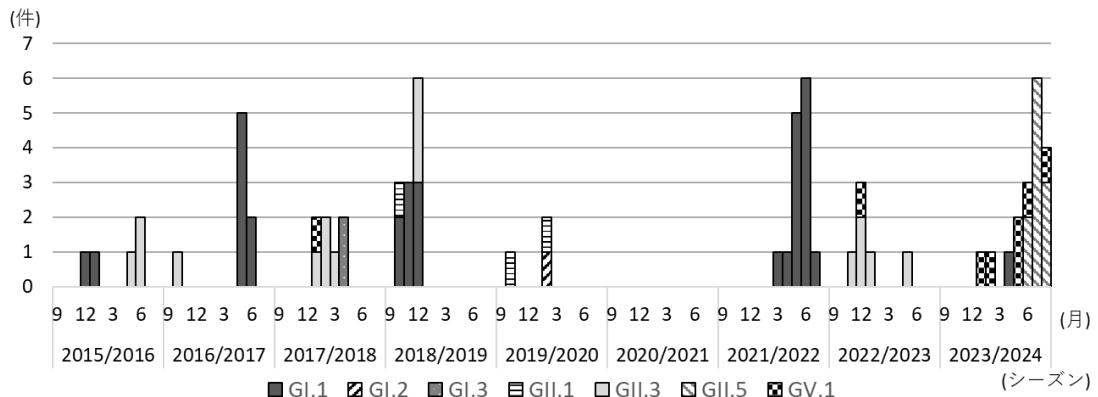


図 1 月別 SaV 検出数

は一定の頻度で不顕性感染も認められることから⁴⁾、これら重感染事例における胃腸炎症状が、単一の病原体によるものか重複感染によるものかは不明である。

3.2 月別の検出数

月別の検出数を図 1 に示した。SaV は年間を通して検出が認められるとしているが⁴⁾、本県においては冬季や春先にかけて検出数が集中し、夏季は減少する傾向がみられた。しかし、2023/2024 シーズンは夏季に多く検出され、その遺伝子型は主に GII.5 であった。GII.5 が検出された 11 検体について塩基配列を解析したところ、高い相同意を示した。加えて、これら 11 検体のうち 8 検体は同一医療機関より提供されていたことから、GII.5 の地域流行が発生していた可能性が示唆された。

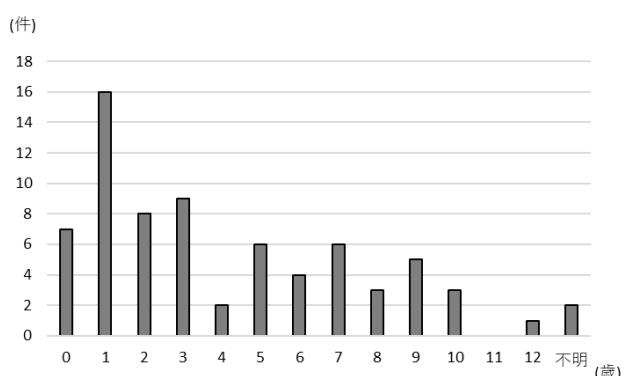


図 2 年齢別 SaV 検出数

3.3 年齢別の検出数

年齢別の検出数を図 2 に示した。陽性検体の年齢別の割合は、0 歳が 9.7% (n=7)、1 歳が 22.2% (n=16)、2 歳が 11.1% (n=8)、3 歳が 12.5% (n=9)、であり、1 歳において最も多く検出された。また、3 歳以下が 55.6% (n=40) と半数以上を占めたことから、SaV による胃腸炎が小児の中でも特に乳幼児に多いことを示す結果となった。

4. まとめ

今回、秋田県内における SaV の流行状況を把握するため、小児科定点医療機関より提供された検体について SaV の遺伝子解析を行った。その結果、様々な遺伝子型が時期により入れ替わりながら、小児の間で流行していたことが明らかとなった。SaV は同じ遺伝子型への再感染は稀とされている。一方で、異なる遺伝子型に対する交差免疫は少ないとされていることから⁵⁾、流行している型の変化により再感染する可能性もあるため、注意が必要である。

今後も関係機関との連携の下、本調査を通して SaV による感染性胃腸炎の発生動向や流行状況を把握し、集団発生の原因究明及び感染拡大防止に役立てていきたい。

参考文献

- 1) Oka, T., et.al.: Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction, *Journal of Medical Virology*, **78**, 10, 2006, 1347-1353.
- 2) Kitajima, M., et.al.: Detection and genetic analysis of human sapoviruses in river water in Japan, *Applied and Environmental Microbiology*, **76**, 8, 2010, 2461-2467.
- 3) 国立感染症研究所：月別サポウイルス遺伝子群別検出報告数 2015/16-2023/24 シーズン（病原体検出情報：2024 年 7 月 29 日現在報告数），https://www.niid.go.jp/niid/images/iasr/rapid/noro/230410/sapogm_240729.gif [accessed December 11, 2024] .
- 4) Oka, T., et.al.: Comprehensive review of human sapoviruses, *Clin. Microbiol. Rev.*, **28**, 1, 2015, 32-53.
- 5) Hoque, S.A., et.al.: An increasing trend of human sapovirus infection in Japan, 2009 to 2019: An emerging public health concern, *J. Infect. Public Health.*, **15**, 3, 2022, 315-320.