

東北食中毒研究会 *Norovirus* 研究班活動 2 – 秋田県で2006年4月から 2007年3月に検出された *Norovirus* の遺伝子型 –

八柳 潤 齊藤志保子 今野貴之

東北食中毒研究会の NV 研究班活動として、昨年に引き続き秋田県で検出された NV の分子疫学的性状について解析した。2006年4月から2007年3月までに計217検体を供試した。検出されたNV37株中2株がGIであり、遺伝子型はGI/7とGI/11であった。35株はGIIで、その遺伝子型はGII/4が30株と最も多く、GII/3が2株、GII/5、GII/6、GII/10がそれぞれ1株であった。2005年12月から2007年3月までに秋田県内で検出されたNV GII/4 43株について解析した結果、NV GII/4はA、B、Cの3つのクラスターに分類されること、2006/2007シーズンの主流行株はクラスターAに属する非常に近縁な株から構成されていることが明らかとなった。リアルタイムPCRによる迅速検査と検出されたNVのシーケンス解析はNVを原因とする院内感染対策の支援にきわめて有用であった。本研究班活動は複数の地方衛生研究所が連携して実施したNV感染対策に関する広域連携事業としては国内初の取り組みであり、シーケンス解析によるNVの分子疫学解析技術のメリットは広域連携が容易に実現可能であるという点においても如何なく発揮されると考えられる。シーケンス解析によるNVの分子疫学解析技術は地域におけるNV感染対策を強力に支援し得ることが実証された。このような技術を応用して地域における行政等による感染症対策を支援することは、地方衛生研究所が地域において果たすべき重要な責務の一つであると考えられる。

1. はじめに

Norovirus (NV)は *Sapovirus* (SV)、*Logovirus*、*Vesivirus* と共に *Caliciviridae* に属し¹⁾、幼児から成人に至る全年齢層に胃腸炎を惹起²⁾する。NV胃腸炎は吐気、嘔吐、腹痛、下痢を主な症状とし、比較的軽症な疾患であるが、NVは少数のウイルス粒子により感染が成立する³⁾ことからしばしば集団感染が発生する。NVの集団感染は食品媒介(食中毒)、ヒト-ヒト感染、あるいは両者が複合して発生する。NVの感染源や感染ルートを特定する際の分子疫学解析手法としては、現在、片山ら⁴⁾のキャプシド領域の塩基配列に基づく遺伝子型別とNJ法による系統樹解析が国内の標準法となっている。NVは2つのGenogroup、GIとGIIに大別され、この方法ではGIが14、GIIが17の遺伝子型に分類される。画像アナログデータに基づく分子疫学解析においては、異なる機関で得られたデータを比較する際に、データの標準化に精度的な限界を伴うことに加えて、データから得られる情報量が限られる⁵⁾ことが難点である。これに対し、シーケンスデータに基づく分子疫学的解析ではデータから得られる情報量が非常に多い

ことに加えて、データ自体がデジタル的であるために、異なる検査機関で異なる時期に得られたデータや国内外で得られたデータをも容易に比較・解析可能である。

東北食中毒研究会では2005年8月にNV研究班を組織し、東北地方におけるNVの疫学の解明とNV胃腸炎発生予防策の検討を目的として、東北地方で検出されたNVのシーケンスデータ、由来検査材料等に関する情報の解析を開始した⁶⁾。秋田県ではこれまでNVのシーケンスデータは未解析であったが、この活動により、昨年、秋田県内で検出されたNVのシーケンスデータに基づく分子疫学的性状に関する知見が初めて得られた⁶⁾。今年度も昨年度に引き続き、2006年4月から2007年3月までに秋田県で検出されたNVの分子疫学的性状の解析を実施したので、その結果を報告する。

2. 材料と方法

2.1 供試検体

2006年4月から2007年3月までに下痢症患者の糞便217検体を供試した。その内訳は散発下痢症患者便43検体、集団下痢症患者便75検体、

県内の某医療機関における院内感染疑い事例における便 99 検体であった。

2.2 NVの検出とシーケンス・系統樹解析

昨年⁶⁾同様、NVの検出は厚生労働省通知に従い、SKプライマーを使用したRT-PCRにより実施した。陽性検体から得られたPCR増幅断片についてSKプライマーを使用したダイレクトシーケンスにより塩基配列を決定した。塩基配列の解析にはDNAsisソフトウェア(Hitachi)を使用し、系統樹はClustal Wの値に基づきNJplotにより作成した。

2.3 NV GII/4のシーケンス・系統樹解析

2005年12月から2007年3月までに秋田県内で検出されたNV GII/4 43株(表1)についてシーケンス・系統樹解析を実施した。系統樹解析において、NV GI/1 M87661をOut Groupとした。

2.4 NV P2 Regionのシーケンス・系統樹解析

昨年⁶⁾同様検討した。OutgroupにはCamberwell株のP2 Regionのシーケンスを使用した。P2 regionはOkadaら⁷⁾が報告した範囲とした。なお、ダイレクトシーケンスが困難であった一部の株については、P2 Regionを含むPCR増幅断片をTAクローニングを使用してクローニングした後にシーケンスを決定した。今年度の検討には2005年12月以降に検出されたNV GII/4のうち、NV No.18, No.21, No.24, No.74, No.95, No.128, No.133, No.136, No.158, No.161, No.165の11株を供試した。

2.5 リアルタイムPCRによるNVの検出

県内の某医療機関における院内感染疑い事例における便 99 検体を供試し、厚生労働省通知に従いリアルタイムPCRによるNVの検出を実施した。陽性となった56検体のうち35株について前記方法に従いシーケンスを解析した。

3. 結果

3.1 2006年4月から2007年3月に検出されたNVの遺伝子型

表2に2006年4月から2007年3月にNVが検出された37検体に関する検体採取年月、事例種別、推定感染経路、検出されたNVの遺伝子型を示した。D病院における院内感染疑い事例以外の集団事例については、原則として1事例あたり2株に

ついてNVのシーケンスを実施し、代表株のシーケンスを示した。NV37株中2株がGIであり、遺伝子型はGI/7とGI/11であった。GII 35株の内訳はGII/4が30株と最も多く、GII/3が2株、GII/5, GII/6, GII/10がそれぞれ1株であった。

3.2 NV GII/4のシーケンス・系統樹解析

2005年12月から2007年3月までに秋田県内で検出されたNV GII/4 43株(表1)について系統樹解析を実施して得られた結果を図1に示した。供試したGII/4はA, B, Cの3つのクラスターに分類された。クラスターAは非常に近縁な株から構成され、2006年6月に玉川温泉で発生した集団事例の原因株と2006年11月から2007年3月に検出された株が属していた。クラスターBには2005年12月から2006年1月に検出された6株(同一シーケンス)が属し、クラスターCには2005年12月から2006年12月までに検出された11株が属していた。

3.3 NV P2 Regionのシーケンス・系統樹解析

2005年12月以降に検出されたNV GII/4のうち、NV No.18, No.21, No.24, No.74, No.95, No.128, No.133, No.136, No.158, No.161, No.165の11株についてSKプライマー増幅断片のシーケンス(SKシーケンス)に基づく系統樹とP2 Regionのシーケンス(P2シーケンス)に基づく系統樹を作成した(図2)。供試株のうちNV95とNV133, NV21とNV24のSKシーケンスはそれぞれ同一であったが、P2シーケンスは異なっていた。これに対して、NV158とNV165はSKシーケンス、P2シーケンス共に同一であった。

3.4 院内感染疑い事例の検査・解析

2006年12月以降、県内の複数の医療機関においてNVの院内感染疑い事例が発生した。これらの医療機関のうち、県内のD医療機関から寄せられたNVの検査とシーケンス解析の要望に対応して、2月13日から3月26日までに便99検体の検査をリアルタイムPCRにより実施した。これらのうち56検体がNV GII陽性となり、そのうち35株についてシーケンス解析を実施した。その結果、2月13日から2月26日に検出された28株が同一シーケンスのNV GII/4であることが明らかとなり、NV GII/4単一クローン株が主流株(代表株: NV No.262)となり入院患者に感染を惹起していたことが示さ

れた。一方、入院時にすでに下痢症状があった2名からは主流行株とシーケンスが異なる NV GII/4 (NV No.282) と NV GII/3 がそれぞれ分離された。また、3月19日以降は主流行株とシーケンスが若干異なる株(代表株: NV No.289)が5株検出された。なお、図1に示すとおり、これらの NV GII/4 はいずれもクラスター A に属していた。

4. 考察

東北食中毒研究会 NV 研究班の活動の一環として2005年12月から2007年3月にかけて実施した検討により、秋田県内で検出された NV のシーケンスデータが解析され、県内で分離された NV の分子疫学的性状に関する知見が初めて得られた。2005年12月から2006年3月まで(2005/2006 シーズン)に実施した検討により、2005年12月から2006年1月中旬まで GII/4 が主として検出され、2006年1月中旬以降は多様な遺伝子型の NV が検出されることが示された。このため、我々はこの遺伝子型の経時推移が例年観察されるかどうか、今後も検討する必要があることを指摘した⁶⁾が、2006/2007 シーズンにおいては、シーズンを通して GII/4 が主流行遺伝子型として検出され、流行後半に NV の遺伝子型が多様化する傾向はみられなかった。NV GII/4 (Bristol virus-like genotype) は世界的⁸⁾にも遺伝子に変異を伴いながら⁹⁾流行しており、NV の重要な遺伝子型であると考えられる。2005/2006 シーズンと 2006/2007 シーズンに秋田県で検出された NV GII/4 のシーケンスを解析した結果、2006/2007 シーズンに検出された NV GII/4 は相互に非常に近縁であり、同一のクラスター A に属することが明らかとなった。なお、クラスター B には 2005/2006 シーズンの株が、クラスター C には 2005/2006 シーズンの株と 2006/2007 シーズンの株の一部が属していた。これらのクラスターは SK プライマー増幅断片のシーケンスの違いに基づき系統樹上で作出されたものである。異なるクラスターに属する NV の感染力、病原性、環境中での生存性などの性質に違いがあるかどうか、そしてヒトに対する病原性が異なるかどうかという点に興味を持たれるが、NV の病原性を評価するための実験系は確立されて

いないためにこれらの疑問点を解明することは現時点では困難である。2006/2007 シーズンは11月以降全国的にも NV 感染症が多発傾向にあり、秋田県においても同様の傾向がみられた。表2に示すとおり、同シーズン中に検討した範囲ではカキなどの貝類が原因食品と特定された食中毒事例は確認されず、食品媒介が疑われる事例においてもヒトからの食品汚染が発生要因と推定され、それ以外の集団発生ではヒト-ヒト感染によると考えられる事例が主流であった。このことは、2006/2007 シーズンに流行したクラスター A に属する NV GII/4 が従来検出されていた GII/4 株と比較して高い伝播能力を有する可能性を示唆するものと考えられた。その原因としてこのクローンの感染菌量が少ない、環境での生存性が高い、ヒトへの感染能力が高いことなどが考えられるが、これらの点については今後 NV の病原性評価が可能となった時点で詳細に検討する必要がある。2006/2007 シーズンに秋田県で検出されたクラスター A に属する NV GII/4 の特徴を解明するために、今後、このクローンのポリメラーゼ領域のシーケンスや ORF1-ORF2 ジャンクション領域のシーケンスなどを広範に調査し、従来株と比較する必要がある。一方、このクローンがいつ出現してどのように県内に侵入したのかという点は興味深い。今回の検討により、2006年5月に玉川温泉で発生した集団事例で検出された NV GII/4 がクラスター A に属することが示され、このクローンが2006年5月には県内に侵入していたことが示された。2007/2008 シーズンにおけるこのクローンの動向を注視する必要があると考えられる。

我々は前回、NV の分子疫学的解析の標的としての P2 Region のシーケンスの有用性を示した⁶⁾。今回、11株を供試して SK シーケンスと P2 シーケンスの解析力を比較した結果、昨年同様 P2 シーケンスの解析力の高さが示された。なお、NVNo.158 と No.165 は SK シーケンス、P2 シーケンス共に同一であった。これらの株は秋田市内で発生した同一集団事例における患者から分離された株であった。今回の検討過程で、SK プライマーでは明瞭な増幅断片が得られたものの P2 プライマーでは増幅断片が全く得られない株、あるいは増幅断片が得られるものの増幅断片量が非常に少なく、ダイレクトシ

ークエンスが実施困難であったために、増幅断片をクローニングした後にシーケンスを決定する必要がある株に遭遇した。この問題は、P2 regionがHyper Variable Regionに該当するために不可避であると考えられ、この点がP2シーケンスをNVの分子疫学解析の標的とする上での最大の障害となるものと考えられる。このため、今後、polymerase領域を標的とした解析を試行するなどの検討も必要であろう。

今回、県内のD医療機関におけるNV院内感染疑い事例に関してリアルタイムPCRによる迅速検査と検出されたNVのシーケンス解析を実施する機会を得た。この過程で医療機関サイドから下痢症状を呈する入院患者が多数発生している状況下で、院内でのNV感染拡大を阻止するためにはNV感染者を迅速に隔離するなどの対応が必要となり、その対応を迅速且つ適切に実施するためにはNV感染者を迅速に特定することが不可欠であるとのコメントを得た。実際、一連の検査を実施した結果、下痢症状を呈している患者のすべてがNVに感染しているわけではないことが明らかとなり、迅速病原診断を実施することが効率よく且つ適切な院内感染予防策を講じる上で不可欠であることが浮き彫りとなった。また、NV陽性患者の下痢症状が消失した後でもNVが長期間排出されるケースも確認され、このような感染者からの感染再拡大を防止するためにも迅速病原診断が不可欠であることが重ねて示された。さらに、諸般の事情により患者を他医療機関に転院させる際にも、受け入れ側医療機関が当該患者がNV陰性であることを要求するケースもあり、NV感染が他医療機関に拡大することを防止するためにも迅速病原診断は必須であることが経験された。一方、一連の検査に取り組む過程で検出されたNVのシーケンスを可能な限り実施し、その成績を医療機関に逐次情報提供した。これにより、同一クローンのNV GII/4（代表株：NV No.262）が院内感染を惹起していたことが明らかとなった。また、下痢症状を呈していた患者の入院とともに外部から異なるクローンのNV（NV GII/3：NV No.234，NV GII/4：NV No.282）が院内に持ち込まれたこと、そしてこれらのクローンは院内で感染を拡大することなく消滅したことが手に取るように把握可能であった。一

連の検査・解析をとおしてリアルタイムPCRによる迅速診断と、検出されたNVのシーケンス解析はNVの院内感染対策を強力に支援し得ることが実証された。なお、感染症法には地方衛生研究所の役割として都道府県における感染症の技術的かつ専門的な機関として感染症対策に重要な役割を果たすことが明示されている。地域における院内感染対策の支援はこの概念に一致するものであり、また、院内感染対策の推進は2007年4月に改正された医療法にも新たな規定が設けられていることから、地方衛生研究所が果たすべき重要な責務の一つであると考えられる。

NVのシーケンス解析は行政による地域における感染症対策を支援する上でも極めて有用である。特に、画像アナログデータに基づく分子疫学解析⁵⁾と比較して得られる情報量が圧倒的に多く、データの相互比較も容易であるという特徴は感染症対策を支援する際にきわめて有用である。実際、データは示さないが、今回、東京の同一施設で数日を隔てて発生した異なる集団の患者から分離されたNVのシーケンスが同一であることが確認され、これらは行政による疫学調査結果を裏付ける分子疫学的情報として有効に活用されるものと考えられた。NVのシーケンス解析が国内で一般化したのはSKプライマーが報告された2002年¹⁰⁾以降であり、他県においては2002年からのシーケンスデータが蓄積しているものと考えられるが、秋田県では本研究班活動が開始される以前の過去のデータの蓄積がほとんどない。今後も秋田県内において検出されるNVのシーケンスデータが集積される必要がある。

2年間にわたり実施した東北食中毒研究会NV研究班活動により得られた知見は、秋田県に侵淫したNVの分子疫学的性状を解明する上での端緒となるものであった。また、シーケンス解析によるNVの分子疫学解析技術は地域におけるNV感染症対策を強力に支援し得ることが示された。このような技術を応用して地域における行政等による感染症対策を技術的に支援することは、地方衛生研究所が地域において果たすべき重要な責務の一つである。一方、本研究は複数の地方衛生研究所が連携して実施したNV感染対策に関する広域連携事業としては国

内初の取り組みであり、シーケンスデータに基づく分子疫学解析技術のメリットは、広域連携が容易に実現可能であるという点においても如何なく発揮されるものである。

5. まとめ

・東北食中毒研究会 NV 研究班の活動の一環として 2005 年 12 月から 2007 年 3 月にかけて実施した検討により、秋田県内で検出された NV のシーケンスデータが解析され、県内で分離された NV の分子疫学的性状に関する知見が初めて得られた。

・2006 年 4 月から 2007 年 3 月までに散発下痢症患者便 43 検体、集団下痢症患者便 75 検体、県内の某医療機関における院内感染疑い事例における便 99 検体、計 217 検体を供試した。解析を実施した NV37 株中 2 株が GI であり、遺伝子型は GI/7 と GI/11 であった。GII 35 株の内訳は GII/4 が 30 株と最も多く、GII/3 が 2 株、GII/5、GII/6、GII/10 がそれぞれ 1 株であった。

・2005 年 12 月から 2007 年 3 月までに秋田県内で検出された NV GII/4 43 株について系統樹解析を実施した結果、NV GII/4 は A、B、C の 3 つのクラスターに分類され、2006/2007 シーズンの主流株はクラスター A に属する非常に近縁な株から構成されていることが明らかとなった。2006 年 6 月に玉川温泉で発生した集団事例の原因株もクラスター A に属していたことから、この株が 2006 年 6 月の時点で県内に既に侵淫していることが示された。

・NV の分子疫学的解析の標的として P2 Region が有用であることがあらためて示されたが、SK プライマーでは明瞭な増幅断片が得られたものの P2 プライマーでは増幅断片が全く得られない株や増幅断片のクローニングが必要な株に遭遇した。この問題は、P2 region が Hyper Variable Region に該当するため不可避であると考えられ、今後、polymerase 領域を標的とした解析を試行するなどの検討が必要である。

・県内の D 医療機関における NV 院内感染疑い事例に関して、リアルタイム PCR による迅速検査と検出された NV のシーケンス解析を実施した結果、リアルタイム PCR により迅速診断と検出された NV のシーケンス解析は院内感染

対策の支援にきわめて有用であることが実証された。

・シーケンス解析による NV の分子疫学解析技術は地域における NV 感染症対策を強力に支援し得ることが実証された。このような技術を応用して地域における行政等による感染症対策を技術的に支援することは、地方衛生研究所が地域において果たすべき重要な責務の一つである。

・本研究は複数の地方衛生研究所が連携して実施した NV 感染症対策に関する広域連携事業としては国内初の取り組みであり、シーケンスデータに基づく分子疫学解析技術のメリットは広域連携が容易に実現可能であるという点においても如何なく発揮される。

6. 文献

- 1) Green, K.Y. et al. Taxonomy of the caliciviruses. *J. Infect. Dis.* 2000 ; 181 : S322-330.
- 2) de Wit, M.A. et al. Sensor, a population-based cohort study on gastroenteritis in the Netherlands: incidence and etiology. *Am. J. Epidemiol.* 2001 ; 154 : 666-667.
- 3) Kuusi, M. et al. A prolonged outbreak of Norwalk-like calicivirus (NLV) gastroenteritis in a rehabilitation centre due to environmental contamination. *Epidemiol. Infect.* 2002 ; 129 : 133-138.
- 4) 片山和彦, ノロウイルス感染症, *IDWR*, 2004 ; 6 : 14-19.
- 5) Sasaki, Y. et al. Multiple viral infections and genomic divergence among noroviruses during an outbreak of acute gastroenteritis. *J. Clin. Microbiol.* 2006 ; 44 : 790-797.
- 6) 八柳 潤, 齊藤志保子, 今野貴之, 秋田県で 2005 年 12 月から 2006 年 3 月に検出された *Norovirus* の遺伝子型 - 東北食中毒研究会 *Norovirus* 研究班活動, 秋田県健康環境センター年報, 2005 ; 1 : 47-54.
- 7) Okada, M. et al. Genetic Analysis of Noroviruses in Chiba Prefecture, Japan, between 1999 and 2004. *J. Clin. Microbiol.* 2005 ; 43 : 4391-4401.
- 8) Lopman, B. et al. Increase in viral gastroenteritis outbreaks in Europe and epidemic spread of new

norovirus variant. Lancet. 2004 ; 363 : 682-688.

9) Dingle, K.E. et al. Mutation in a Lordsdale norovirus epidemic strain as a potential indicator of transmission route. J. Clin. Microbiol. 2004 ; 42 :

3950-3957.

10) Kojima, S. et al. Genogroup-specific PCR primers for detection of Norwalk-like viruses. J. Virol. Method. 2002 ; 100 : 107-114.

表1 2005年12月から2007年3月までに検出されたNV G11/4一覧

株名	採取年月	種別	推定感染経路	Genotype
NV No. 8	2005/12	集団	秋田中央HC管内	G11/4
NV No. 9	2005/12	散発	自主 DrY	G11/4
NV No. 16	2005/12	集団	大館HC管内	G11/4
NV No. 18	2006/1	集団	秋田市HC管内	G11/4
NV No. 19	2006/1	集団	秋田市HC管内	G11/4
NV No. 21	2006/1	集団	大館HC管内	G11/4
NV No. 24	2006/1	散発		G11/4
NV No. 26	2006/1	散発		G11/4
NV No. 30	2006/1	散発		G11/4
NV No. 45	2006/2	散発		G11/4
NV No. 51	2006/2	散発		G11/4
NV No. 74	2006/3	集団	本荘HC管内 老人施設	G11/4
NV No. 82	2006/3	集団	能代HC管内	G11/4
NV No. 93	2006/5	集団	大仙HC管内 玉川温泉（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 108	2006/11	集団	大仙HC管内 玉川温泉（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 111	2006/11	散発	A病院	G11/4
NV No. 122	2006/11	集団	大仙HC管内 5家族昼食会	G11/4
NV No. 128	2006/11	集団	中央HC管内 同一焼肉店（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 133	2006/11	集団	大仙HC管内 新潟県で感染	G11/4
NV No. 136	2006/11	集団	大館HC管内 東京で感染疑い	G11/4
NV No. 138	2006/12	散発	A病院	G11/4
NV No. 143	2006/12	散発	A病院	G11/4
NV No. 145	2006/12	散発	A病院	G11/4
NV No. 149	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 150	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 154	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 158	2006/12	集団	秋田市HC管内 弁当屋（従業員→弁当疑）	G11/4
NV No. 162	2006/12	集団	大館HC管内 学校給食（従業員→パン→生徒疑）	G11/4
NV No. 165	2006/12	集団	C病院 院内感染疑	G11/4
NV No. 166	2006/12	集団	大館HC管内 温泉施設（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 171	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 173	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 175	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 176	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 182	2007/1	集団	本荘HC管内 不明	G11/4
NV No. 188	2007/1	集団	老人施設（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 191	2007/1	集団	老人施設（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 262	2007/2	集団	D病院 院内感染主流株	G11/4
NV No. 282	2007/3	散発	D病院 市中感染入院患者	G11/4
NV No. 289	2007/3	集団	D病 院内感染	G11/4
NV No. 295	2007/1	集団	本荘HC管内 老人施設（ヒト→ヒト疑）	G11/4
NV No. 299	2007/3	集団	中央HC管内 会食（弁当疑）	G11/4
NV No. 300	2007/3	集団	大仙HC管内 温泉施で会食（食中毒扱い）	G11/4

表2 検体採取年月, 事例種別, 推定感染経路, 検出されたNVの遺伝子型

株名	採取年月	種別	推定感染経路	Genotype
NV No. 86	2006/4	集団	中央HC管内 1 不明	G11/5
NV No. 93	2006/5	集団	大仙HC管内 玉川温泉 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 100	2006/6	集団	大仙HC管内 小学校 (ヒト→ヒト疑)	G11/6
NV No. 102	2006/10	集団	横手HC管内 老人施設 (ヒト→ヒト疑)	G11/3
NV No. 104	2006/11	集団	鷹巣HC管内 老人施設 (ヒト→ヒト疑)	G11/10
NV No. 108	2006/11	集団	大仙HC管内 玉川温泉 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 111	2006/11	散発	A病院	G11/4
NV No. 113	2006/11	散発	A病院	G1/11
NV No. 122	2006/11	集団	大仙HC管内 5家族昼食会	G11/4
NV No. 128	2006/11	集団	中央HC管内 同一焼肉店 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 133	2006/11	集団	大仙HC管内 新潟県で感染	G11/4
NV No. 136	2006/11	集団	大館HC管内 東京で感染疑い	G11/4
NV No. 138	2006/12	散発	A病院	G11/4
NV No. 143	2006/12	散発	A病院	G11/4
NV No. 145	2006/12	散発	A病院	G11/4
NV No. 149	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 150	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 154	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 158	2006/12	集団	秋田市HC管内 弁当屋 (従業員→弁当疑)	G11/4
NV No. 162	2006/12	集団	大館HC管内 学校給食 (従業員→パン→生徒疑)	G11/4
NV No. 165	2006/12	集団	C病院 院内感染疑	G11/4
NV No. 166	2006/12	集団	大館HC管内 温泉施設 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 171	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 173	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 175	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 176	2006/12	散発	B病院	G11/4
NV No. 182	2007/1	集団	本荘HC管内 不明	G11/4
NV No. 188	2007/1	集団	老人施設 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 191	2007/1	集団	老人施設 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 195	2007/1	集団	不明	G1/7
NV No. 234	2007/2	散発	D病院 市中感染入院患者	G11/3
NV No. 262	2007/2	集団	D病院 院内感染主流株	G11/4
NV No. 282	2007/3	散発	D病院 市中感染入院患者	G11/4
NV No. 289	2007/3	集団	D病 院内感染	G11/4
NV No. 295	2007/1	集団	本荘HC管内 老人施設 (ヒト→ヒト疑)	G11/4
NV No. 299	2007/3	集団	中央HC管内 会食 (弁当疑)	G11/4
NV No. 300	2007/3	集団	大仙HC管内 温泉施で会食 (食中毒扱い)	G11/4

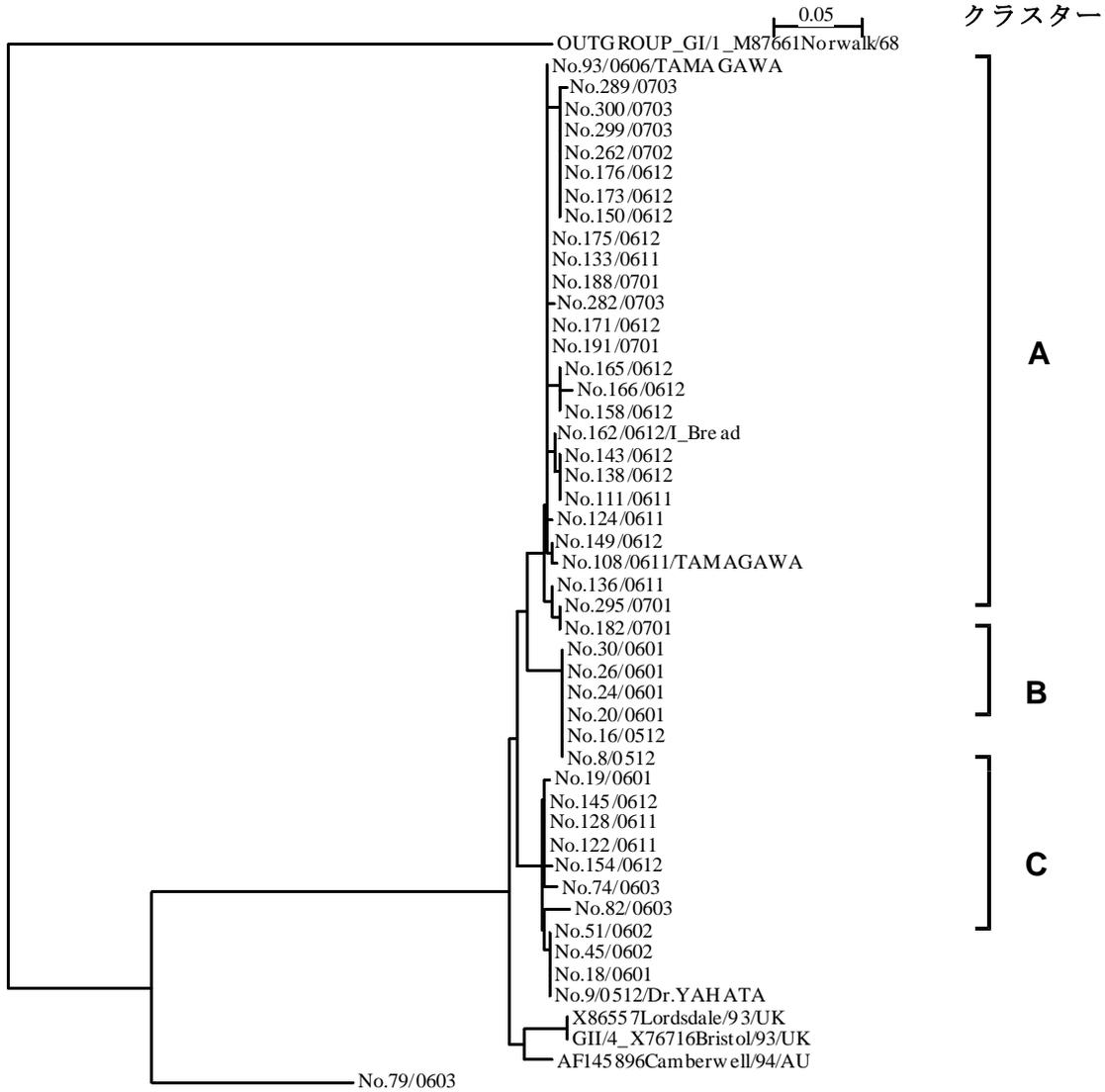


図1 2005年12月から2007年3月に検出されたNV GII/4の系統樹

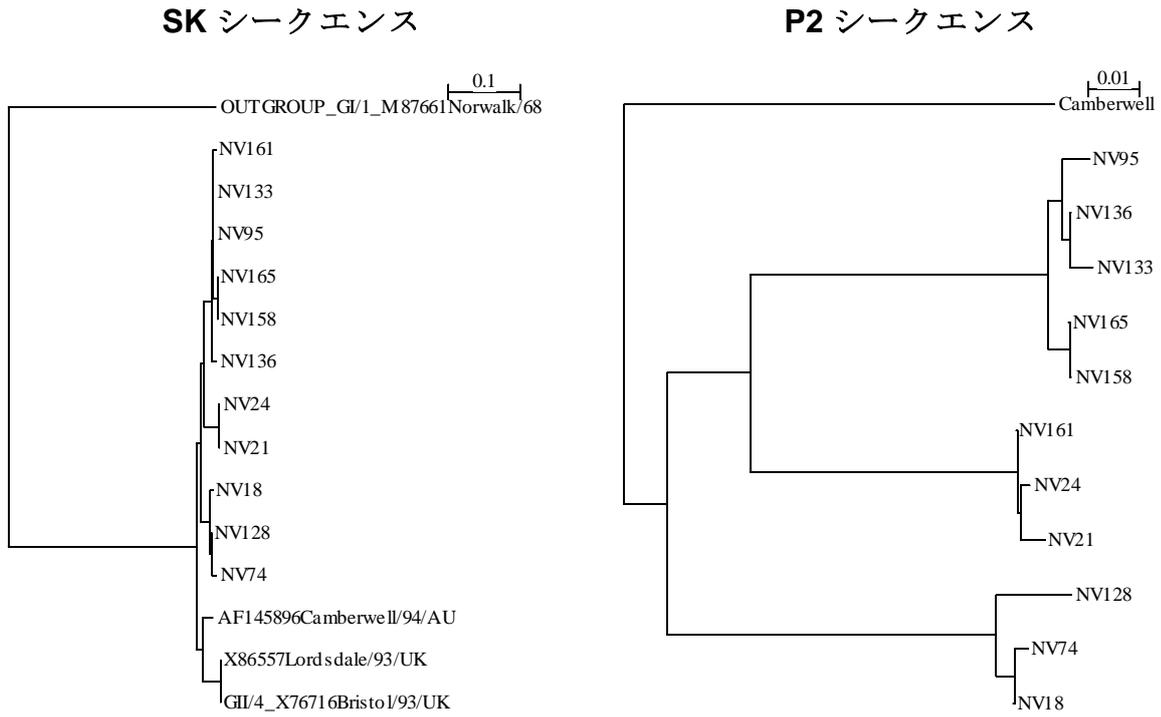


図2 NV GI/4のSKシーケンスとP2シーケンスによる系統樹