

演題番号：9

演題名：管内と畜場におけるブタのノロウイルスおよびサポウイルス感染状況調査

発表者：○棚原晶子、渡嘉敷弥生、松岡弘毅、杉山英視、工藤奈々、三輪英一、仁平稔

発表者所属：北部食肉衛生検査所

1. はじめに

近年、ノロウイルス (NoV) およびサポウイルス (SaV) を原因とするヒトの感染性胃腸炎が、ブタをリザーバーとする動物由来感染症である可能性が示唆されている。一方で、本県におけるブタの NoV および SaV 感染状況に関する調査報告はこれまで確認されていない。そこで今回、と畜場で働く職員や従事者のリスク管理の観点から、当所管内と畜場に搬入されたブタについて、上記ウイルスの感染状況調査を実施したので報告する。

2. 材料および方法

平成 27 年 6 月～12 月に管内と畜場に搬入された 7 ヶ月齢のブタの大腸のうち、廃棄処分となったものから各月 20 頭分を無作為に選定し、個々の内容物を材料として約 10% 乳剤を作成後、遠心分離し、その上清を検体とした。次に各検体からウイルス RNA を抽出し、DNase 処理および cDNA 作成後、nested PCR により NoV の遺伝子群 1 (NoV-GI)、遺伝子群 2 (NoV-GII) および SaV のカプシド遺伝子の検出を行った。検出された遺伝子については塩基配列を決定し、近隣結合法による系統樹解析を行った。

3. 結果

採取した 140 検体のうち 20 検体 (14.3%) から NoV-GII を検出したが、NoV-GI と SaV は検出されなかった。月単位の NoV-GII 検出数は 0～5 検体 (0～25%) で、8 月 (0%) と 12 月 (25%) を比較した場合にのみ、検出率に有意差が認められた (フィッシャーの正確確率検定、 $P < 0.05$)。次に、NoV-GII の 20 株について、カプシド遺伝子 5' 末端 282bp の塩基配列を決定し、系統樹解析を実施した結果、8 月を除いた各月で検出された 17 株が GII.18、9 月および 10 月に検出された 3 株が GII.11 と同定された。また、それぞれの遺伝子型内の塩基およびアミノ酸相同性は高く (90%以上)、遺伝学的距離は短かった (0.1 未満)。

4. 考察

今回の調査により、本県のブタが NoV-GII に感染していることが示された。その感染状況は、8 月と 12 月の検出率に有意差があったが、それ以外にはみられず、また主要な検出株であった NoV-GII.18 は、それぞれ遺伝子学的に近縁であった。これらのことから調査期間中、季節性はあるものの、ブタ間でウイルスは維持されていたと考えられた。NoV-GII.18 および GII.11 は、ともにブタ NoV であり、これらによるヒトの感染性胃腸炎の発症事例は報告されていない。従って、今回の調査ではブタ腸管内容物を原因とする NoV および SaV の感染リスクは確認できなかった。しかし、ヒト NoV およびヒト SaV 近縁株のブタからの検出事例は国内外で報告されている。よって今後も定期的なモニタリングを実施する必要があると考えられた。