

短報

2011-2012年福岡県における流行A群ロタウイルス遺伝子解析

石橋哲也・吉富秀亮

ロタウイルスワクチン接種が流行野生株に与える影響を知ることを目的に、福岡県内で流行しているA群ロタウイルスの遺伝子型別を行った。遺伝子型別は、2011年及び2012年に県内6医療機関を感染性胃腸炎で受診した患者便71検体及びロタウイルス簡易検出キットストリップ183検体のVP4及びVP7領域についてPCR法で行った。2011年は、G1P[8]24件、G2P[4]24件、G9P[8]21件、G3P[8]12件、G2P[8]2件及びG3P[4]1件、2012年は、G1P[8]91件、G9P[8]13件、G2P[4]2件及びG2P[8]1件であった。

[キーワード：A群ロタウイルス、ロタウイルスワクチン、VP4、VP7、遺伝子型別]

1 はじめに

A群ロタウイルスは、わが国における感染性胃腸炎の主な原因ウイルスの一つであり、5歳までにほとんどの乳幼児が感染する。主な症状は、激しい下痢と嘔吐であるが、まれに脳症なども引き起こし、重症となることもある。福岡県においても毎年冬から春にかけて多くの患者が報告されるが、A群ロタウイルスの詳細な遺伝子型別は分かっていない。A群ロタウイルスに対する有効な治療法はなく、対症療法による治療のみである。2011年に重症化を予防する目的でロタウイルスワクチン（以後、ワクチンと略す）が認可された。今回、本格的なワクチン導入前に県内で流行しているA群ロタウイルスについて遺伝子型別などの詳細な調査を行うことで、ワクチン導入にともなう影響を知るための基礎データとすることを目的に調査を行った。

2 材料及び方法

2011年1月から2012年5月に県内の福津市、古賀市、飯塚市、福岡市、筑紫野市及びうきは市の計6地域の医療機関を受診した感染性胃腸炎患者から採取された糞便71検体及び市販ロタウイルス簡易検出キットストリップ（ストリップ）183検体、合計254検体を検査材料とした。内訳は、2011年は、ストリップ92検体、2012年は、患者便71検体及びストリップ91検体であった。患者便検体は、PBS(-)で約10%懸濁液とし、10,000rpm、20min遠心分離した上清からQIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN)を用いてウイルスRNAの抽出を行った。ストリップは、陽性バンド部分を切り取り、同キットによりウイルスRNAを直接抽出した¹⁾。抽出RNAをSuperscript III (Invitrogen)を用いて逆転写反応を行い、得られたcDNAを元にVP4及びVP7領域それぞれについ

て1stPCRを行い、その後遺伝子型別用2ndPCRを行って型を決定した²⁾。研究対象者へは、揭示説明の方法により同意を得た。また、本研究計画は、2012年福岡県保健環境研究所疫学研究倫理審査委員会において、審査、承認されている（許可番号第24-2号、平成24年8月2日）。

3 結果

A群ロタウイルス遺伝子は、190検体から検出された。検体の提供者の年齢及び性別を表1に示した。

表1 A群ロタウイルスが検出された年齢性別患者数

	1歳未満	1歳	2歳	3歳	4歳	5歳以上	不明
男	34	32	18	5	9	7	
女	22	31	11	4	3	6	
計	56	63	29	9	12	13	8

A群ロタウイルス遺伝子が最も多く検出されたのは、1歳で63件（33.2%）、次いで1歳未満56件（29.6%）、2歳29件（15.3%）の順であった。

2011年は、92検体中84件からA群ロタウイルス遺伝子が検出された。遺伝子型別結果は、G1P[8]24件、G2P[4]24件、G9P[8]21件、G3P[8]12件、G2P[8]2件及びG3P[4]1件であった（図1）。2012年は、162検体中106件からA群ロタウイルス遺伝子が検出された。遺伝子型別結果は、G1P[8]91件、G9P[8]13件、G2P[4]1件及びG2P[8]1件であった（図2）。

4 考察

2005-2010年の病原微生物検出情報集計では、この期間に全国で報告されたA群ロタウイルスは、1歳38%、1歳未満20%、2歳16%で⁴⁾、今回の結果でも同じ年齢順で

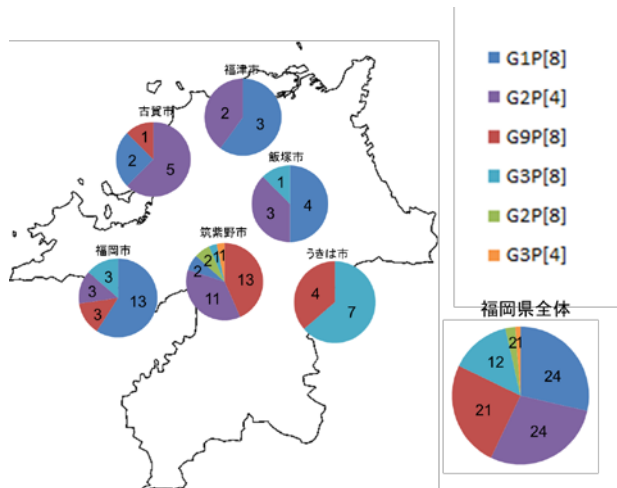


図1 2011年A群ロタウイルス遺伝子型別結果

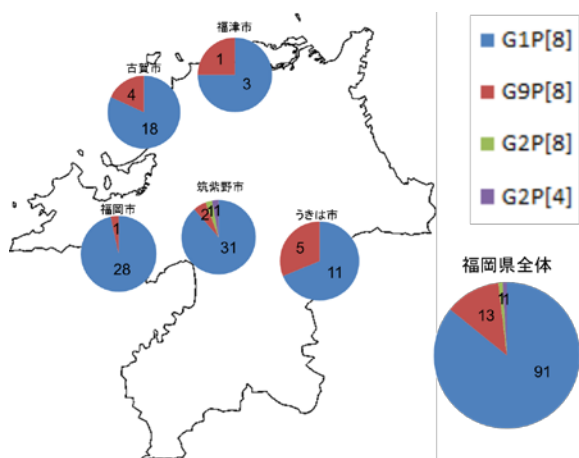


図2 2012年A群ロタウイルス遺伝子型別結果

A群ロタウイルス遺伝子が検出されていた。

A群ロタウイルスは、数多くの遺伝子型に分類されてい

(英文要旨)

Genotyping Group A Rotavirus circulating in Fukuoka Prefecture during 2011-2012

Tetsuya ISHIBASHI and Hideaki YOSHITOMI

Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences,
Mukaizano 39, Dazaifu, Fukuoka 818-0135, Japan

Genotyping circulating rotaviruses before and after introduction of rotavirus vaccine is useful for evaluating vaccine-associated changes in genotyping distribution. 71 fecal specimen and 183 rotavirus rapid test strips was collected during 2011-2012 in Fukuoka prefecture that were carried out to determine of rotavirus genotypes. Six and four genotypes were decided in 2011 and 2012 samples: G1P[8] 24, G2P[4] 24, G9P[8] 21, G3P[8] 12, G2P[8] 2 and G3P[4] 1 and G1P[8] 91, G9P[8] 13, G2P[4] 2, G2P[8] 1.

[Key words; group A rotavirus, rotavirus vaccine, VP4, VP7, genotyping]

るが、世界で流行しているのは、主にG1P[8]型、G2P[4]型、G3P[8]型、G4P[8]型、G9P[8]型の5つの型である⁴⁾。

この主要な5つの型のウイルスが、地域や流行年によって主流な型の組み合わせを変えながら流行を繰り返している⁴⁾。今回の調査結果においても、主な流行遺伝子型は、G1P[8]型、G2P[4]型、G3P[8]型、G9P[8]型であり主要な5型に含まれていた。今回、同一地域で連続した流行シーズンの調査を行ったが、1年目は上記4型のほぼ均等な流行であったのに対し、2年目は、G1P[8]型による単一の流行であった。この主流型の変化が何に起因するのかは、今回は2シーズンの調査であったために、明らかにできなかった。今後は、ワクチンの普及に伴う遺伝子再集合等の影響を検証するために、VP4、VP7以外の分節についての型別が必要となってくると考えられた。

4 まとめ

今回の調査では、A群ロタウイルス遺伝子が、患者便71検体中29件(41%)、ストリップ183検体中161件(88%)から検出された。遺伝子型別結果は、2011年では、G1P[8]24件、G2P[4]24件、G9P[8]21件、G3P[8]12件、G2P[8]2件及びG3P[4]1件、2012年では、G1P[8]91件、G9P[8]13件、G2P[4]2件及びG2P[8]1件であった。

文献

- 1) Miren Iturriza-Gomara, Gagandeep Kang and Jim Gray. *J Clin Virol* 31, 259-265, 2004.
- 2) Lester M. Shulman, et al *Emerg Infect Dis.* 17, 44-48, 2011
- 3) 病原微生物検出情報, 32, 61-62, 2011.
- 4) 小林宣道 病原微生物検出情報, 32, 64-66, 2011.