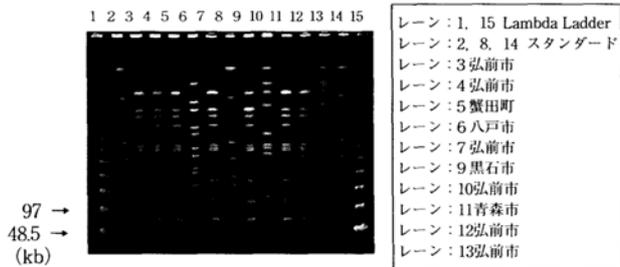


と同一又は近似のパターンを示すSEは県内全域で長期間に渡って80株分離されたことから原因食品は県内全域で流通していることが推測される。弘前市の定点機関では、このパターン以外に例数が少ないものの2つのパターンを示すSEがそれぞれ3株ずつ分離されている。

- 4) 河内小児科内科クリニック
- 5) 弘前市立病院小児科
- 6) 黒石病院小児科

Key Words : ① Norovirus ② RT-PCR ③ genotyping

図1 集団事例のPFGE像



IV. 考察

1. PFGE法による遺伝子解析を行ったことにより、県内のSEによる食中毒は少なくとも4種類の起源が異なるSEに汚染された食品が原因で発生したことが推測された。
2. 集団食中毒では、PFGE法はその有用性が認められ分子疫学的解析法のデファクトスタンダード(標準的解析法)としての地位を確立している。
 集団食中毒発生時だけでなく、散発下痢症患者由来のSEについてもPFGEパターンを解析しデータベースを構築することにより、続発するSEに起因する下痢症の発生防止のために、よりの確な情報を提供することが可能と思われる。

V. 謝辞

菌株収集に協力していただいた、県内10定点機関の細菌検査担当者に深謝いたします。

口述21

集団及び散発事例より検出されたノロウイルスの分子疫学的検討

石川 和子¹⁾ 小笠原和彦¹⁾ 三上 稔之¹⁾
 阿部 幸一¹⁾ 畑山 一郎¹⁾ 西尾 治²⁾
 秋山 美穂²⁾ 篠原美千代³⁾ 河内 暁一⁴⁾
 葛西 幹雄⁵⁾ 北澤 淳一⁶⁾

- 1) 青森県環境保健センター
- 2) 国立感染症研究所
- 3) 埼玉県衛生研究所

I. はじめに

ノロウイルス(以下、NV)は、当初、SRSV(小型球形ウイルス)と呼称され、1997年5月の食品衛生法の改正で食中毒病因物質として追加された。平成15年度食中毒発生状況では、NV事例数は、サルモネラ属菌、カンピロバクター・ジェジュニ/コリに続いてが3番目に挙げられ、患者数は群を抜いて多い。なおかつ、食中毒と断定される事例はごく少数で、感染源、感染経路が解明されないことから、多くは感染症扱いとなっている。

II. 目的

2003年10月15日と23日に津軽地域2か所の保育園において連続して食中毒疑いの集団発生報告があり、両保育園の発症者便からNVが検出された。また、同時期(10月20日及び11月6日)に弘前保健所管内の感染性胃腸炎患者からもNVが検出された。

本研究では、これら集団事例と散発事例で検出されたNVを分子疫学的に解析し感染源の特定と感染経路解明のための基礎的検討を行ったので報告する。

III. 研究方法

材料は、2003年10月15日と23日に津軽地域2か所(集団事例1、2)の保育園の感染性胃腸炎発症者便、吐物と、弘前保健所管内の感染性胃腸炎患者(散発事例)便を用いた。感染経路解明のため2か所の保育園の調理従事者便、検食、調理場拭き取りについても実施した。

NVは、患者便、吐物、調理従事者便について、RT-PCR(キャプシド領域)法により、検食、調理場拭き取りについては、リアルタイムPCR法により検索した。RT-PCR陽性検体については、PCR産物をダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定し、系統樹を作製した。

IV. 結果

集団事例1の発症者便11検体中9検体、集団事例2の発症者便10検体中9検体、吐物2検体中1検体からgenogroup II(G II)NVが検出された。調理従事者便、検食、調理場拭き取りからは、NVは検出されなかった。散発事例8検体中4検体からgenogroup II(G II)NVが検出された(表1)。

表1 検査結果

事例	PCR検査結果	備考
集団事例1	発症者便： NV PCR(+)9/11[G 2]	NVによる感染性胃腸炎と断定。
	発症者吐物： NV PCR(-)0/7	
	調理従事者便： NV PCR(-)0/3	
	検食： NV PCR(-)0/24	
	調理場拭き取り：NV PCR(-)0/11	
集団事例2	発症者便： NV PCR(+)9/10[G 2]	NVによる感染性胃腸炎と断定。
	発症者吐物： NV PCR(+)1/2[G 2]	
	調理従事者便： NV PCR(-)0/1	
	検食： NV PCR(-)0/7	
	調理場拭き取り：NV PCR(-)0/20	
散発事例	発症者便： NV PCR(+)4/8[G 2]	

RT-PCR陽性検体（集団事例の18検体及び散発事例4検体）についてPCR産物をダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定し遺伝子型別を行った。その結果、すべてのNV株は遺伝的に同一の株で、系統樹からSnowmountainvirus (SMV)と97.5%の相同性があった。

V. 考察

集団及び散発事例の患者から検出されたNVは、すべてGenogroup II型に属しており、これらのウイルスは、DNAシーケンス解析からSMV株に類似したウイルスであることが判明した。

同時期の発生事例で同一のNVが検出され、同一地域内で同ウイルスが流行していたことが想定されたが、集団事例における食品及び拭き取り検査ではNVが検出されなかったことから、感染源の特定及び感染経路の解明には至らなかった。

今後、保健所の疫学調査等の詳細な分析と遺伝子解析による分子疫学を進めることで、同時多発事例等の原因解明に近づくものと期待される。

VI. 謝辞

本発表にあたり、ご協力を頂いた保健所関係者各位に謝意を表します。

口述22

ホタテガイの下痢性貝毒による健康被害の防止について

神 毅¹⁾ 三浦 啓徳¹⁾ 古川 章子¹⁾
 中谷 実²⁾ 今井美代子³⁾ 濱野 米一⁴⁾
 伊佐山 豊⁵⁾

1) 青森県環境保健センター

- 2) 青森環境管理事務所
- 3) 青森県水産総合研究センター増養殖研究所
- 4) 大阪府立公衆衛生研究所
- 5) 青森県薬剤師会衛生検査センター

Key Words : ① scallop ② Diarrhetic Shellfish Poison
 ③ ELISA

I. 目的

ホタテガイ等二枚貝において、夏季に多く発生する下痢性貝毒による毒化は、二枚貝が有毒プランクトンを摂取し生物濃縮するために起こると考えられている。下痢性貝毒はオカダ酸群（以下OA群とする）、ペクテノトキシン群、イェットトキシン群の3群に大別されており、なかでもOA群については経口毒性の主成分であり、ヒトに下痢、腹痛、嘔吐などの健康被害を及ぼす。一方、わが国で使用されている下痢性貝毒公定法（マウス試験法）では毒成分毎の測定は不可能であり、毒力は各成分の合計値となっている。そこでOA群を対象としたELISAキットをホタテガイの毒力検査に適用してその有用性を確認するとともに、食の安全確保の基礎研究として陸奥湾産ホタテガイにおけるOA群の経時変化を調べた。

II. 研究方法

1. 試料 養殖ホタテガイの中腸線
2. 調査地点 陸奥湾内13地点（図1）

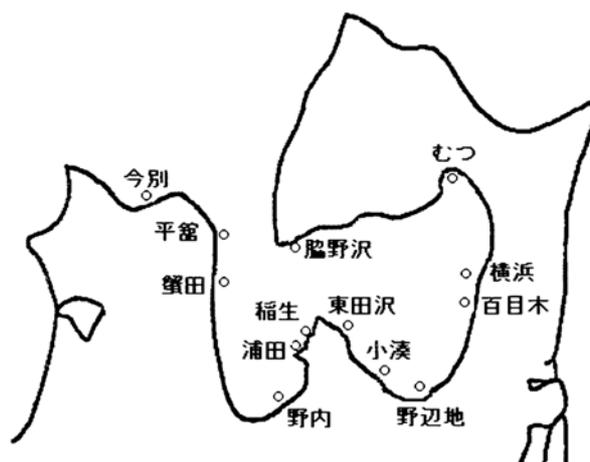


図1 調査地点図

3. 調査期間及び調査回数

- 1) 調査期間：平成11年4月～平成15年3月
- 2) 調査検体数：合計 545回
 平成11年度 124回、平成12年度 153回、
 平成13年度 144回、平成14年度 124回、