

食中毒等の原因究明と効果的な予防対策

～ノロウイルスをはじめとする食中毒原因病原体の疫学等に関する調査・研究～



ノロウイルスをはじめとする食中毒等事例における原因病原体の遺伝子解析などを行い、原因究明や拡大防止対策につなげます。また、効果的な衛生管理を実施するための検証実験などを行います。

なぜ研究が必要なの？

近年、食中毒発生数は少なくなっている一方、調理済食品や外食への需要の増加等により大きな食中毒事案の発生リスクが高まっており、実際にノロウイルスや腸管出血性大腸菌を原因とする食中毒事案が発生しています。これら食中毒事案の調査には、病原体の遺伝子解析が重要な役割を担っています。さらに、遺伝子解析を行うことは、流行の状況（流行株の推移）を把握する上でも重要です。

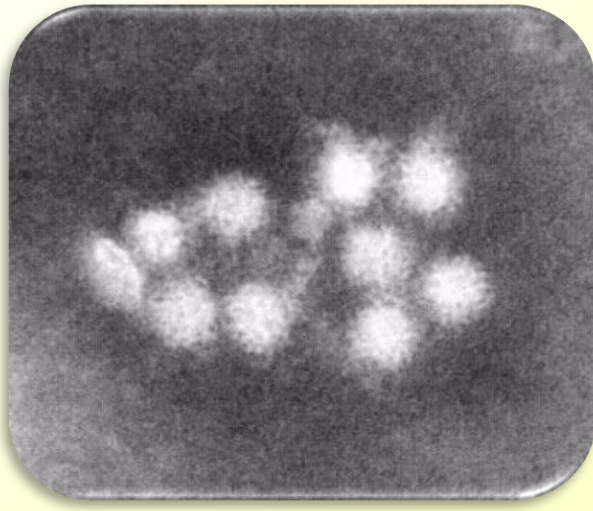
また、HACCP に沿った衛生管理の制度化により、食中毒病原体の基礎的なデータや科学的根拠をもった衛生管理がより重要となります。

この研究で得られた科学的なデータが食中毒予防対策などに活用されます。

どうやって研究するの？

食中毒が疑われる事例が発生した際などに、検体（糞便や食品など）から病原体の遺伝子を検出します。検出された病原体はシーケンサーを用いて遺伝子配列を特定し、他の事例と遺伝子配列を比較することにより、事例間の関連性や流行状況を確認します。

また、実際に起きた食中毒事例の病原体汚染経路を究明するための検証実験などを行います。



（ノロウイルスの電子顕微鏡写真：国立健康危機管理研究機構HPより）



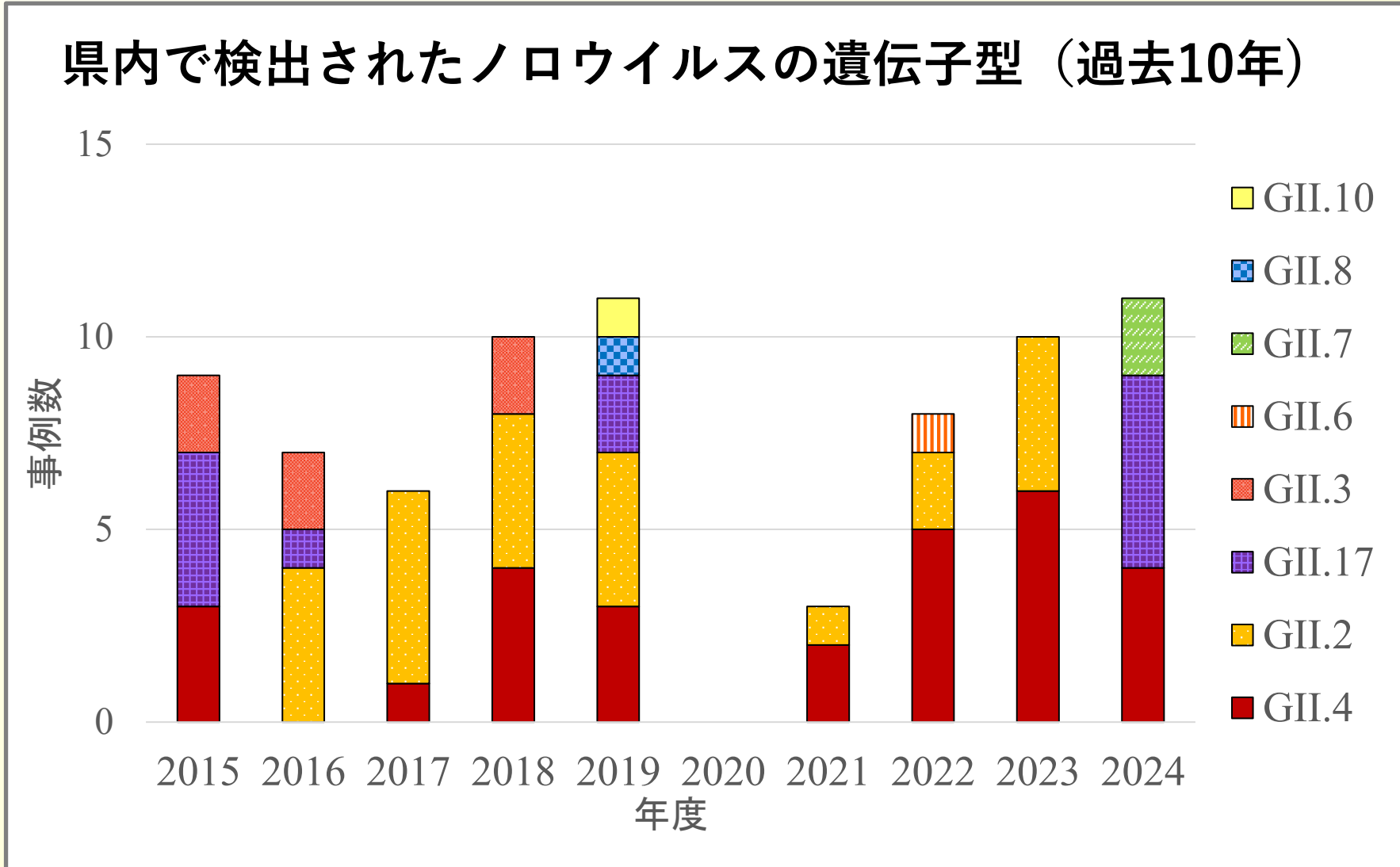
この研究で分かったこと

（ノロウイルスの遺伝子解析）

長野県内の食中毒などの事例で検出されたノロウイルスの遺伝子型は、2022～2023年度はGII.4とGII.2が大半を占め、これらが流行の主流であったと考えられました。検出されたGII.4をさらに細かく解析すると、2012年頃から流行しているGII.4 Sydney株のリコンビナント（組換え）株であることが分かりました。

また、2024年度はおもにGII.4とGII.7、GII.17が検出されました。GII.17は2014年頃から全国で流行した遺伝子型で、県内でも過去に検出されましたが、系統樹で比較すると、2024年度の株は2021年にルーマニアで流行した株により近いことがわかりました。

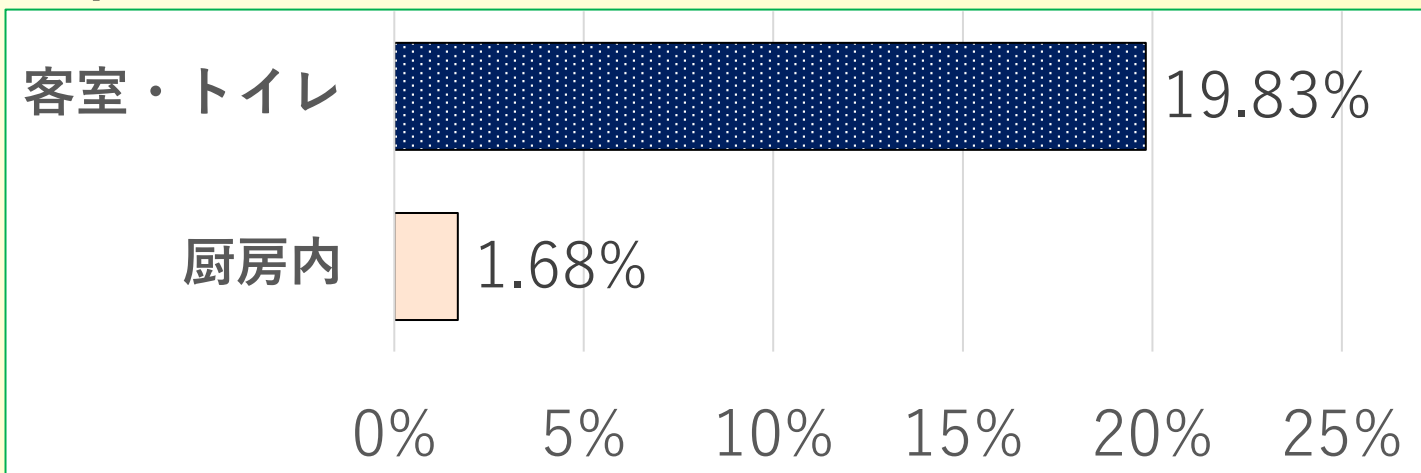
今まで主流でない遺伝子型や変異株が流行すると、大流行を引き起こす可能性が危惧されます。今までに蓄積したデータから系統樹を作成し、事例間の比較やシーズン単位の推移を確認し、発生動向に注視しています。



（効果的な衛生管理を実施するためのデータの収集および検証実験）

①環境ふき取り検体からのノロウイルスの検出状況

過去13年におけるふき取り検体からのノロウイルス検出率を集計した結果、厨房内からの検出率はトイレや客室などよりも低い状況でした。



②粘液胞子虫の陽性試料から調理器具等への移行

カンパチに寄生する *Unicapsula seriolae* を用いた検証実験の結果、調理器具等を介した二次汚染の可能性が示唆されました。



ノロウイルス GII.17系統樹

