

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～



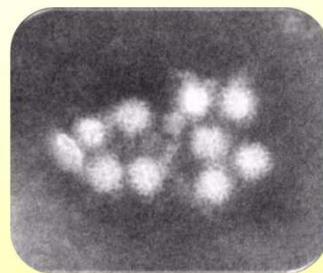
ノロウイルスをはじめとする食中毒等事例における原因病原体の遺伝子解析などを行い、原因究明や拡大防止対策につなげます。また、効果的な衛生管理を実施するための検証実験などを行います。

なぜ研究が必要なの？

近年、食中毒発生数は下げ止まりである一方、調理済食品や外食への需要の増加等により広域的な食中毒事案の発生リスクが高まっています。実際に、ノロウイルスや腸管出血性大腸菌を原因とする広域的な食中毒事案が発生しています。これら食中毒事案の原因究明などの調査においては、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。



(ノロウイルスの電子顕微鏡写真：国立感染症研究所HPより)



どうやって研究するの？

食中毒などの事例が発生した際に、ノロウイルスなどの病原体の遺伝子を抽出し、シーケンサーを用いて遺伝子配列を特定します。さらに、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。

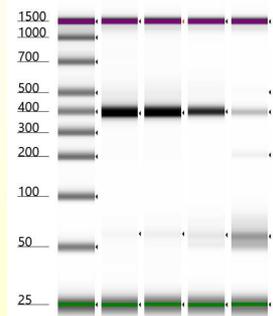
また、実際に起きた食中毒事例の病原体汚染経路を究明するための検証実験などを行います。

①検体から病原体の遺伝子を抽出します。



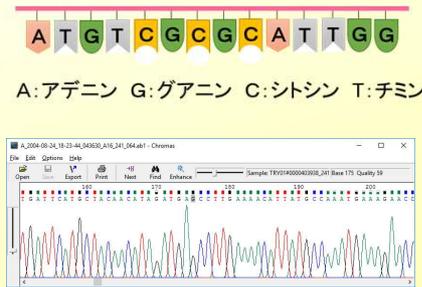
核酸自動抽出装置 (QIAcube)

②抽出した遺伝子をPCRで増やします。



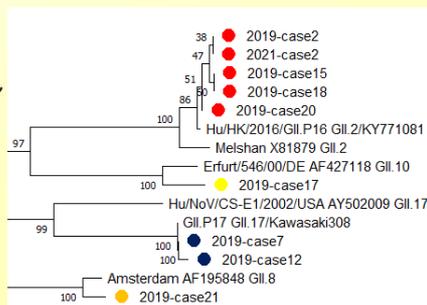
(電気泳動で目的の遺伝子が増えたか確認)

③増やした遺伝子の配列をシーケンサーで特定します。



A: アデニン G: グアニン C: シトシン T: チミン

④系統樹解析などで遺伝子の配列を比較します。



これまでに分かったこと

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、GII.4とGII.2が大半を占め、これらが流行の主流であると考えられました。また、2022～2023年度に検出された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。今後の流行が懸念されることから、引き続き、動向を注視していきます。

粘液胞子虫（寄生虫）による二次汚染に関する知見は乏しいですが、カンパチに寄生する *Unicapsula seriolae* を用いた検証実験の結果、調理器具等を紹介した二次汚染の可能性が示唆されました。



県内で検出されたノロウイルスの遺伝子型（過去10年）

