

[ノート]

## 兵庫県における胃腸炎ウイルス検出状況と遺伝子解析 (2016/17～2018/19 シーズン)

高井 伝仕\* 荻 美貴 押部 智宏 近平 雅嗣 秋山 由美

### Prevalence and Molecular Characterization of Gastroenteritis Viruses in Hyogo Prefecture (2016/17 – 2018/19 Epidemic Seasons)

Denshi TAKAI\*, Miki OGI, Tomohiro OSHIBE, Masatsugu CHIKAHIRA and Yumi AKIYAMA

*Infectious Disease Research Division, Hyogo Prefectural Institute of Public Health Science, 1819-14, Kanno, Kanno-cho, Kakogawa 675-0003, Japan*

We investigated the incidence of gastroenteritis viruses in Hyogo prefecture between September 2016 and August 2019. Gastroenteritis viruses were detected from 114 (55.9%) of 204 children sporadic cases and 61 (74.4%) of 82 outbreak incidents.

Noroviruses (NoVs) were detected from 48 sporadic cases and 60 outbreak incidents. NoV G II.P16-G II.2 was the dominant strain in Hyogo prefecture during these 3 years. In addition, recombinant strains of G II.P16-G II.4 Sydney 2012 were detected from 4 of 8 G II.4 sporadic cases and from 1 of 6 G II.4 outbreak incidents during 2018/19 season.

Group A rotaviruses (RVAs) were detected from 35 sporadic cases. DS-1-Like G3P[8] was the dominant strain in Hyogo prefecture during the 2016/17 season, and unusual DS-1-Like G8P[8] strains were detected during the 2018/19 season.

Continuous surveillance studies by detailed genetic analysis are useful for understanding the genetic diversity of gastroenteritis viruses and maintaining effective vaccine program.

#### I はじめに

感染性胃腸炎は、ウイルスや細菌等によって起こる下痢、嘔吐、腹痛、発熱等を主症状とする感染症で、患者は乳幼児から成人まで幅広い年齢層に渡る<sup>1)</sup>。年間を通じて発生するが、感染症発生動向調査によると例年晩秋から冬季にかけて流行のピークが形成されており、この冬季の流行はウイルスが主原因と考えられている。ウイルス性胃腸炎の原因として、ノロウイルス (NoV)、A群ロタウイルス (RVA)、サポウイルス (SaV)、アストロウイルス (HAstV)等が知られているが、その中でも NoV

や RVA によるものが多くを占める。

NoV は冬季の感染性胃腸炎の主たる原因とされており、保育所や高齢者施設等での人から人への感染による集団発生のほか、食中毒原因としても重要視される。変異株によって集団免疫から逃れて、しばしば大きな流行を引き起こすことが知られており、正確な疫学情報や流行状況の把握を行い、周知することが感染拡大予防対策の上で重要となる。

RVA は乳幼児下痢症の主要な原因であり、国内では2011年からロタウイルスワクチンの任意接種が行われている。また、2020年10月からは定期接種が導入される予定で、ワクチンの導入後の流行株の動向を分子疫学的に監視することが重視されている。

これら以外の胃腸炎ウイルスもそれぞれ、多くの型が存在しており、流行シーズンによって主流となる血清型や遺伝子型が異なることや、地域的な偏りが見られるこ

---

感染症部

\*別刷請求先:

〒675-0003 加古川市神野町神野 1819-14

兵庫県立健康科学研究所 感染症部 高井 伝仕

とも報告されている<sup>2),3)</sup>。

本稿では、2016/17～2018/19の3シーズンの県内における感染性胃腸炎患者発生状況を把握するとともに、小児科病原体定点医療機関を受診した感染性胃腸炎患者から採取された検体及び食中毒（疑い）事例を中心とした集団嘔吐下痢症事例において収集された検体についてウイルス検出を行い、検出されたウイルス株について分子疫学的に解析した結果を報告する。

## II 材料と方法

### 1. 患者発生状況

兵庫県感染症発生動向調査における小児科定点及び基幹定点医療機関からの週別患者報告により、感染性胃腸炎患者の発生状況を把握した。調査期間は2014年9月（第36週）から2019年8月（第35週）とした。

### 2. ウイルス検出と遺伝子解析

#### 2.1 調査対象

##### 2.1.1 小児散発症例

2016年9月から2019年8月までに、小児科病原体定点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又は直腸ぬぐい液204検体を検査材料とした。本研究ではウイルス性胃腸炎の発生ピークが冬季であることから、9月から翌年8月までを1流行シーズンとして集計した。

##### 2.1.2 集団事例

2016年9月から2019年8月までに、当所に検体が搬入された感染性胃腸炎の集団発症事例（主に食中毒で、疑い事例も含む）82事例由来の調理従事者及び患者の糞便又は嘔吐物を検査材料とした。

#### 2.2 ウイルス遺伝子の検出と遺伝子型別

滅菌蒸留水で10%乳剤とした糞便、嘔吐物及び直腸ぬぐい液の遠心上清からウイルスDNA及びRNAを抽出した。RNAウイルスについては逆転写反応を行い、cDNAを作成したのち、PCR法によりウイルス遺伝子を検出した。

NoVは国立感染症研究所が示した病原体検出マニュアルノロウイルス（第1版）に記載されたプライマー及びTaqManプローブを用いて、リアルタイムPCR法でNoV遺伝子を検出した。陽性となった検体は、コンベンショナルRT-PCR法でRdRp領域の一部と、Capsid領域の一部を含む領域を増幅した。このPCR増幅産物を、ダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。遺伝子型及び亜型の型別は、Norovirus Genotyping Tool Version 2.0 (<https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/noro>

virus/)を用いて行った。分子系統解析は、MEGA7ソフトウェアにより最尤（ML）法で行った。

RVAの遺伝子検出は、既報の方法<sup>4)</sup>又は国立感染症研究所が示した病原体検出マニュアルロタウイルス（第2版）に準じたRT-PCR法により行った。VP7（G）、VP4（P）、VP6（I）及びNSP4（E）領域の遺伝子型別についても、既報の方法<sup>4)</sup>又は病原体検出マニュアルに準じたRT-PCR法で増幅したのち、ダイレクトシーケンス法で塩基配列を解読した。得られた配列についてRotaCv2.0 (<http://rotac.regatools.be/>)を用いて遺伝子型を決定した。

SaV、HAstV、腸管アデノウイルス（EAdV）及びC群ロタウイルス（RVC）の遺伝子検出及び型別は、既報の方法<sup>2)</sup>に従った。ヒトパレコウイルス（HPeV）の遺伝子検出及び型別は、Phamらの方法<sup>5)</sup>に従った。

## III 結果及び考察

### 1. 県内の感染性胃腸炎患者の発生状況

県内の2014年第36週から2019年第35週における、定点あたり感染性胃腸炎患者報告数の推移をFig.1に示した。2016/17シーズンは、2016年第42週（10月下旬）から増加傾向が続き、第45週（11月中旬）には患者報告数が10を超えた。その後も徐々に上昇して、2016年第50週（12月中旬）にピークに達した（定点あたり患者報告数24.38）。過去10年で最大のピークで、ピーク値が20を超えたのは2012/13シーズン以降4シーズンぶりであった。2017/18及び2018/19シーズンはいずれも秋季から冬季における患者報告数は10以下で、2016/17シーズン以前の2シーズン（2014/15、2015/16シーズン）と比較しても患者数のピークは小さかった。

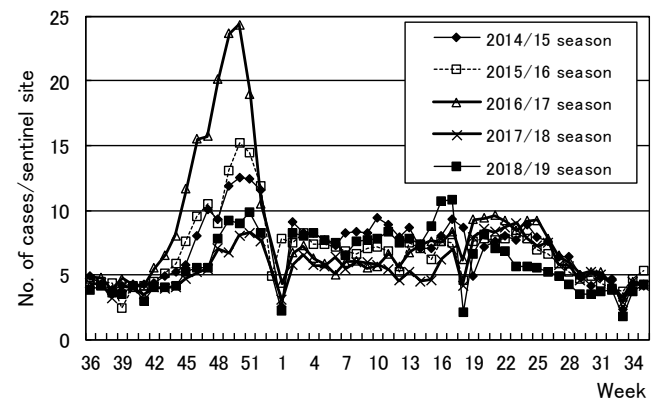


Fig.1 Weekly cases of infectious gastroenteritis in Hyogo prefecture (2014/15-2018/19 season)

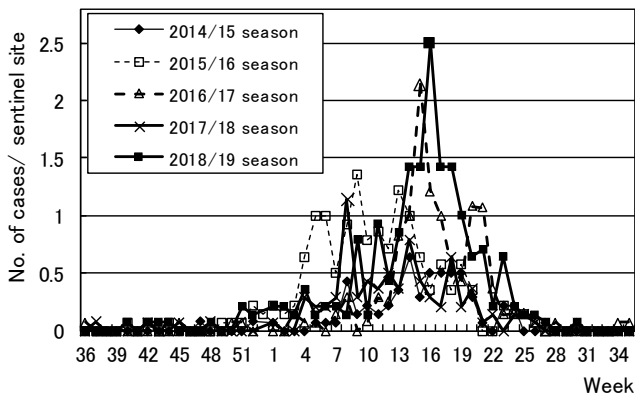


Fig.2 Weekly cases of infectious gastroenteritis caused by rotavirus in Hyogo prefecture (2014/15-2018/19 season)

ロタウイルス胃腸炎はワクチン導入に伴い、重症が疑われる報告を重点的に把握するため、基幹定点における患者サーベイランスが2013年10月から実施されている。Fig.2に基幹定点を対象にした定点あたり感染性胃腸炎（病原体がロタウイルスであるものに限る）患者報告数の推移を示した。2016/17シーズンの患者報告数は、2017年第15週（4月中旬）、2017/18シーズンは2018年第8週（2月下旬）、2018/19シーズンは2019年第16週（4月下旬）がピークで、報告数はそれぞれ2.14、1.14及び2.5であった。2018/19シーズンは、過去4シーズンと比較して最も患者報告数が多く、ピークも最大であった。小児科定点における感染性胃腸炎患者発生のピークは、秋から冬にかけて観測されたのに対し、ロタウイルス胃腸炎はこれに遅れる形で、冬から春にかけて観測された。また小児科定点では、2019年第16週～第17週（4月下旬～5月上旬）に報告数の上昇がみられ、ピーク

ク値が10を超えた。これと同時期にロタウイルス胃腸炎の報告数も増加していることから、小児科定点における患者数の増加はロタウイルス患者の増加が影響している可能性が示唆された。これに反して、2017年第15週にも基幹定点での患者数増加が認められるものの、小児科定点との関連性は確認できなかった。

## 2. 胃腸炎ウイルス検出状況

2016/17～2018/19シーズンの3シーズンにおける小児散発症例からのウイルス検出状況をTable 1に示した。204症例中114例（55.9%）から胃腸炎ウイルスが検出された。患者年齢の中央値は1歳9か月（範囲：0歳～12歳）であった。これらの患者から最も多く検出されたのはNoVで、陽性症例中42.1%（48例）を占めた。なお、NoVは遺伝子群がI群（GI）とII群（GII）に分類されるが、今回の小児を主体とした症例ではGIは検出されなかった。NoVに次いでRVAが30.7%（35例）、SaVが11.4%（13例）、EAdVが8.8%（10例）、HAstVが4.4%（5例）、HPeVが2.6%（3例）の順に検出された。RVCは検出されなかった。

食中毒を主体とした82集団事例のうち、60事例（73.1%）からNoVが検出された。このうちGIが単独で検出されたのは6事例（10%）、GII単独は53事例（88.3%）、GI、GIIが同時に検出されたのは1事例（1.7%）で、NoVGIIが原因となった事例が9割近くを占めた。また、SaVが1事例（1.7%）から検出された。ウイルス陽性の61事例の内訳は、飲食店関係が39事例（63.9%）、旅館・ホテルが8事例（13.1%）、仕出し・宅配弁当が8事例（13.1%）、その他（学校、保育所、イベント、社会福祉施設等）が6事例（9.8%）であった。

Table 1 Number of gastroenteritis viruses detected from sporadic cases of children in Hyogo prefecture (2016/17-2018/19 season)

Season	No. of samples	Total (%)	Number of detected gastroenteritis viruses (%)					
			NoV	RVA	SaV	EAdV	HAstV	HPeV
2016/17	83	54 (65.1)	21 (38.9)	25 (46.3)	5 (9.3)	1 (1.9)	1 (1.9)	1 (1.9)
2017/18	54	23 (42.6)	8 (34.8)	4 (17.4)	3 (13.0)	5 (21.7)	2 (8.7)	1 (4.3)
2018/19	67	37 (55.2)	19 (51.4)	6 (16.2)	5 (13.5)	4 (10.8)	2 (5.4)	1 (2.7)
Total	204	114 (55.9)	48 (42.1)	35 (30.7)	13 (11.4)	10 (8.8)	5 (4.4)	3 (2.6)

NoV: norovirus RVA: group A rotavirus SaV: sapovirus EAdV: enteric adenovirus HAstV: human astrovirus  
HPeV: human parechovirus

### 3. 胃腸炎ウイルスの遺伝子解析

#### 3.1 ノロウイルスの遺伝子型別と系統樹解析

小児散発症例における NoV の遺伝子型別検出状況を Table 2(A) に示した. 検出された NoV の遺伝子型は 5 種類 (G II.2, G II.3, G II.4, G II.6 及び G II.17) に分類された. 48 例中 21 例 (43.8%) が G II.2, 17 例 (35.4%) が G II.4 に分類された. 両遺伝子型とも 3 シーズンすべてにおいて検出され, この 2 遺伝子型が小児の NoV 感染の主体となっていたと考えられた.

集団事例における NoV 遺伝子型別検出状況を Table 2(B) に示した. 検出された遺伝子型は少なくとも 7 種類 (G I : 2 種類, G II : 5 種類) に分類された. G II.2 単独が原因の事例 (30 事例, 50%) が最も多く, 次いで G II.4 単独 (11 事例, 18.3%), G II.17 単独 (9 事例, 15%) の順となった. これら 3 種類の遺伝子型はすべてのシーズンで検出され, あわせて 8 割以上を占めていた. 複数の遺伝子型が検出された 3 事例のうち, 2 事例からは G II の複数遺伝子型 (G II.2 & G II.4 及び G II.2 & G II.17) が検出された. また, 1 事例では G I.2 及び G II.14 が同時に検出され, この事例は二枚貝の喫食が原因と考えられた.

3 シーズンを通して散発, 集団事例を問わず検出数が多かった G II.2 は, 2016/17 シーズン以前は 2009/10 シーズンを除き, 県内での検出数は少ない<sup>2),4)</sup>. この型の 2016/17 シーズン以降の検出数の急増は, 他の地域でも報告があることから<sup>6),7)</sup>, この遺伝子型の全国的な流行が 2016/17 シーズンの患者報告数増加の一因と考えられる.

G II.2 の 48 株 (20 小児散発症例及び 28 集団事例由来) 及び G II.4 の 29 株 (17 小児散発症例及び 12 集団事例由来) について, Capsid N/S 領域の一部及び RdRp

領域の一部における系統樹解析を行った (Fig.3). G II.2 に分類された株のうち, 2016/17 シーズンにおける集団事例の 1 株は G II.P2-G II.2, それ以外の 47 株はすべて G II.P16-G II.2 に分類された.

G II.P16-G II.2 は, 3 シーズンすべてで検出され, 互いに Capsid 領域で 97.9~100%, RdRp 領域で 98.5~100% の相同性を示した. この株は Capsid 領域の一部である P2 ドメイン領域において, 過去の同型の株とは異なるサブクラスターを形成したことが報告されており<sup>6)</sup>, これが免疫を持たない感受性者に急速に広がったことが, 2016/17 シーズンの患者数増加の一因である可能性も示唆された.

Capsid 領域において G II.4 に分類された株の大部分は G II.Pe-G II.4 Sydney 2012 であったが, 小児散発症例由来の 4 株及び集団事例由来の 1 株は, G II.P16-G II.4 Sydney 2012 に分類された. NoV は, ORF1 と ORF2 の間の junction 領域で遺伝子の組換えを起こすことが知られている. 今回の G II.P16-G II.2 と G II.P16-G II.4 Sydney 2012 株は, RdRp 領域で互いに 97.7~98.9% の相同性を示し, これらの間で組換えを起こしたキメラウイルスである可能性も考えられた. G II.P16-G II.4 Sydney 2012 は, 国内では大阪市で 2016 年に検出され, 各地で検出が報告されているものの<sup>8),9)</sup>, その後大きな流行は確認されていない. 今回県内で初めて検出された 5 株はすべて 2018/19 シーズンの検出であることから, このキメラウイルスが拡大している可能性が示唆された. 本株はオーストラリアやニュージーランドにおける 2017 年の主要な流行株であったと報告されており<sup>10)</sup>, 今後も NoV の流行状況を踏まえた上で, キメラウイルスや G II.2 及び G II.4 垂型の動向について, 継続的にモニタリングする必要があると考えられた.

Table 2 NoV genotypes detected from sporadic cases of children (A) and outbreak incidents (B) (2016/17-2018/19 season)

A					B				
Genotype	Number of detection			Total	Genotype	Number of detection			Total
	2016/17	2017/18	2018/19			2016/17	2017/18	2018/19	
G II.2	9	2	10	21	G I.2		2	3	5
G II.3	1		1	2	G I.3		1		1
G II.4	5	4	8	17	G II.2	12	6	12	30
G II.6	5	2		7	G II.4	1	5	5	11
G II.17	1			1	G II.6			1	1
Total	21	8	19	48	G II.17	3	4	2	9
					G I.2 & G II.14			1	1
					G II.2 & G II.4			1	1
					G II.2 & G II.17		1		1
					Total	16	19	25	60

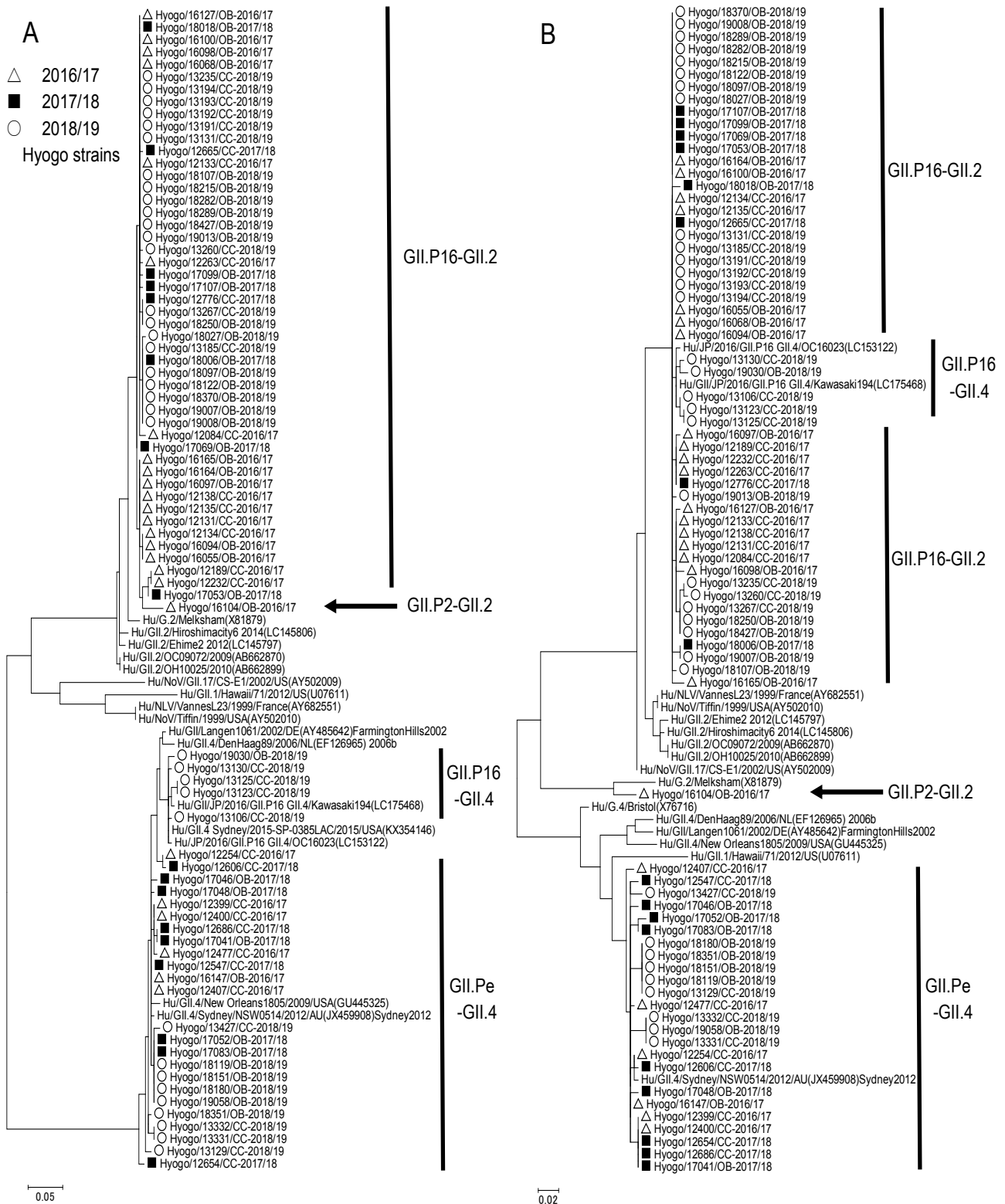


Fig.3 Phylogenetic analysis of the partial capsid N/S region (280nt) of norovirus G II.2 and G II.4 (A) and the partial RdRp region (266nt) of G II.P2, G II.P16 and G II.Pe strains (B)

### 3.2 ロタウイルスの遺伝子型別

小児散発症例から検出された 35 株の VP7 (G) 領域及び VP4 (P) 領域の遺伝子型別の結果を Table 3 に示した。G2P[4], G3P[8], G8P[8]及びG9P[8]の 4 遺伝子型に分類された。2016/17 シーズンは、検出された 25 株中 23 株が G3P[8]で 9 割以上を占め、G2P[4]も 2 株検出された。2017/18 シーズンは 4 株中 G9P[8]が 3 株、G3P[8]が 1 株、2018/19 シーズンは、G8P[8]が 4 株、G9P[8]が 2 株であった。

今回検出された RVA 株が Wa-like 遺伝子型構成 (P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1) を有するか、あるいは DS-1-like 遺伝子型構成 (P[4]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2) かを調べるため、VP6 (I) 領域の遺伝子型別を行った。最も多く検出された G3P[8]の 24 株はすべて G3-P[8]-I2 の遺伝子型構成であったことから、非定型的な DS-1-like G3 株と推定された。我々は 2015/16 シーズンに、県内で初めてこのウマロタウイルス類似の VP7 を持つ Equine-like G3 株を報告したが<sup>4)</sup>、2016/17 シーズンにはこの株の感染が拡大していたと考えられた。

2018/19 シーズンに検出された G8P[8]の VP6 領域を解析したところ、4 株すべてが G8-P[8]-I2 の遺伝子型構成であった。こちらも従来の定型的な G8 株の遺伝子型構成 (P[4]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2) とは異なり、ウシロタウイルスに類似した非定型的な DS-1-like G8 株と推定された。これまで国内での G8 型の検出は比較的稀であったが<sup>11)</sup>、今回検出された非定型的な G8 株は 2013 年頃から東南アジア等で検出されており、国内では 2014 年に北海道で検出されたのち、しばしば検出が報告されるようになった<sup>12),13)</sup>。当所では 2019 年 5 月に初めて検出したことから、この株が県内でも広がりつつあると思われる。

このような非定型的な DS-1 類似株は、DS-1-like G1 株が 2012/13 シーズン頃から県内で確認されたのを発端に<sup>4)</sup>、2016/17 シーズンには G3、2018/19 シーズンには G8 と検出が続いている。近年、RVA の遺伝子型別では、

新規リアソータントがしばしば報告されており、2018 年 3 月には大阪府で NSP4 (E) 領域のみが 2 に分類される G9P[8]株が検出されている<sup>14)</sup>。今回検出された G9P[8]の VP6 及び NSP4 領域を解析したところ、5 株中 4 株は G9-P[8]-I1-E2 の遺伝子構成を有しており、この RVA 株の今後の動向についても注視する必要がある。

今回の調査で判明した非定型的な遺伝子型構成株の出現が、ワクチン導入の影響であるのか現時点では不明であるが、今後のワクチン効果を捉えるためにも継続的なサーベイランスが重要であり、全遺伝子型構成 (11 遺伝子分節) を考慮した効率的な解析法の確立が重要であると考えられた。

### 3.3 その他の胃腸炎ウイルスの遺伝子型別

SaV が検出された小児散発症例由来の 13 例について遺伝子型別を行ったところ、GI.1 が 5 例と最も多く、次いでGV.1 が 4 例、GIV.1 が 2 例、GII.3 が 1 例及び型別不能が 1 例であった。また、集団事例由来の 1 事例からはGI.2 が検出された。県内では 2011/12~2012/13 シーズンに SaV GI.2 を原因とした食中毒事例が 3 事例発生しており<sup>2)</sup>、今後も食中毒の原因としても注視する必要があると考えられた。

HPeV が検出された小児散発症例由来の 3 例は、2 例が 3 型 (HPeV-3)、1 例が 1 型に分類された。HPeV-3 は胃腸炎の原因となって稀に集団感染を引き起こすほか、呼吸器症状や発疹、神経症状など多岐にわたる症状が報告されており<sup>15)</sup>、当所でも成人における筋痛症や新生児における不明熱等の症例から HPeV-3 を検出している。これらの多様な臨床症状を示す症例の原因究明に際しては、検討すべきウイルスであると考えられた。また、NoV や RVA 以外の比較的検出例の少ない胃腸炎ウイルスについても、起因病原体を特定し継続的なサーベイランスを行うことが、今後の感染拡大予防に重要であると考えられる。

## IV 結 論

2016 年 9 月から 2019 年 8 月までに病原体定点医療機関で採取された小児散発症例由来の 204 検体及び当所に検体が搬入された感染性胃腸炎の集団事例 (主に食中毒) 82 事例由来検体についてウイルス検査を実施し、小児散発症例 114 例及び集団事例 61 事例から胃腸炎ウイルスを検出した。このうち小児散発症例 48 例及び集団事例 60 例から NoV が検出された。2018/19 シーズンに検出した NoV GII.4 のうち、小児散発症例由来の 4 株及び集団事例由来の 1 株は GII.P16-GII.4 Sydney 2012 であり、このキメラウイルスの県内侵入及び感染拡大の

Table 3 G and P genotypes of RVA detected from sporadic cases of children (2014/15-2018/19 season)

Genotype	Number of detection			Total
	2016/17	2017/18	2018/19	
G2P[4]	2			2
G3P[8]	23	1		24
G8P[8]			4	4
G9P[8]		3	2	5
Total	25	4	6	35

可能性が示唆された。また、RVA の遺伝子解析を行い、非定型的な DS-1 類似株である G3P[8]及び G8P[8]株の県内流行を確認した。

分子疫学解析により継続的に感染性胃腸炎原因ウイルスの流行状況を把握することは、感染症対策や今後のワクチン対策に有用な情報になると思われる。

## 謝 辞

本研究を実施するにあたりご協力いただいた県健康福祉部健康局疾病対策課、生活衛生課、健康福祉事務所及び検体採取にご協力いただいた関係機関の皆様方に深謝いたします。

## 文 献

- 1) 国立感染症研究所感染症疫学センター：感染症発生动向調査週報 (IDWR), **5**, 第 11 号, 14-16 (2003)
- 2) 高井伝仕, 榎本美貴, 押部智宏, 近平雅嗣：兵庫県における胃腸炎ウイルス検出状況と遺伝子解析 (2011/12-2012/13 シーズン). 兵庫県立健康科学研究所健康科学研究センター研究報告, **5**, 24-28 (2014)
- 3) Zhou, Y., Nakayama, M., Hasegawa, A., Kim, B., Nishio, O., Ushijima, H.: Serotypes of human rotaviruses in 7 regions of Japan from 1984 to 1997. 感染症学雑誌, **73** (1), 35-42 (1999)
- 4) 高井伝仕, 榎本美貴, 押部智宏, 近平雅嗣：兵庫県における A 群ロタウイルス検出状況と遺伝子解析の有用性 (2012/13-2015/16 シーズン). 兵庫県立健康科学研究所健康科学研究センター研究報告, **8**, 16-21 (2017)
- 5) Pham, N. T., Trinh, Q. D., Khamrin, P.: Diversity samples collected from Thai Children with Acute of human parechoviruses isolated from stool Gastroenteritis. *J. Clin. Microbiol.*, **48**(1), 115-119 (2010)
- 6) 国立感染症研究所感染症疫学センター：病原微生物検出情報 (IASR), **38**, 38-39 (2017)
- 7) 国立感染症研究所感染症疫学センター：病原微生物検出情報 (IASR), **39**, 11-13 (2018)
- 8) 国立感染症研究所感染症疫学センター：病原微生物検出情報 (IASR), **37**, 136-137 (2016)
- 9) HATA, M., Nakamura, N., Kobayashi, S., Minagawa, H.: Emergence of New Recombinant Noroviruses G II .P16-G II .2 and G II .P16-G II .4 in Aichi, Japan, during the 2016/17 Season. *Jpn. J. Infect. Dis.*, **71**(4), 319-322 (2018)
- 10) Lun, J. H., Hewitt, J., White, P. A.: Recombinant G II .P16/G II .4 Sydney 2012 was the Dominant Norovirus Identified in Australia and New Zealand in 2017. *Viruses.*, **10**(10), 548 (2018)
- 11) 国立感染症研究所感染症疫学センター：病原微生物検出情報 (IASR), **38**, 172-174 (2017)
- 12) Kamiya, H., Tacharoenmuang, R., Ide, T., Komoto, S.: Characterization of an Unusual DS-1-Like G8P[8] Rotavirus Strain from Japan in 2017. *Jpn. J. Infect. Dis.*, **72**(4), 256-260 (2019)
- 13) Tacharoenmuang, R., Komoto, S., Taniguchi, K.: Full Genome Characterization of Novel DS-1-Like G8P[8] Rotavirus Strains that Have Emerged in Thailand. *PLoS One.*, **11**(11), (2016)
- 14) 国立感染症研究所感染症疫学センター：病原微生物検出情報 (IASR), **40**, 109 (2019)
- 15) 国立感染症研究所感染症疫学センター：病原微生物検出情報 (IASR), **39**, 203-204 (2018)

(令和2年2月28日受理)