

衛生微生物技術協議会第44回研究会

ノロウイルス（下痢症ウイルス）
レファレンスセンター会議

世話人：染谷 雄一

国立感染症研究所 ウイルス第二部

令和6（2024）年 7月10日（月） 11:00～

於 タワーホール船堀



地方衛生研究所担当者の皆さま

- 日頃よりノロウイルス（下痢症ウイルス）レファレンスセンター活動にご協力頂き、ありがとうございます。
- ノロウイルスレファレンスセンター地区担当者変更の際は、ウイルス第二部 染谷（someya@niid.go.jp）までご一報をお願いします。
- 新型コロナウイルス感染症の流行に伴い、下痢症ウイルスの流行が抑えられています。これにより、下痢症ウイルス感染症に対して免疫力のない、あるいは、低下した人たちが蓄積されていると考えられますので、今後大流行の発生が懸念されます。継続的な注意喚起が必要と考えます。

メーリングリスト novrefctr@nih.go.jp について

- 各下痢症ウイルス担当者を含む感染研職員メーリングリスト
ウイルス第二部 染谷 雄一、岡 智一郎、藤井 克樹、林 豪士
感染症危機管理研究センター 岡本 貴世子、村上 耕介
 - サポウイルス、ロタウイルス検査用標準プラスミド（陽性コントロール）の請求にご使用ください
 - 下痢症ウイルス検査法に関するご意見やご要望を承ります
- ★ @nih.go.jp です。感染研職員等の個人のアドレス (@niid.go.jp) とは異なりますので、ご注意ください。

話題提供

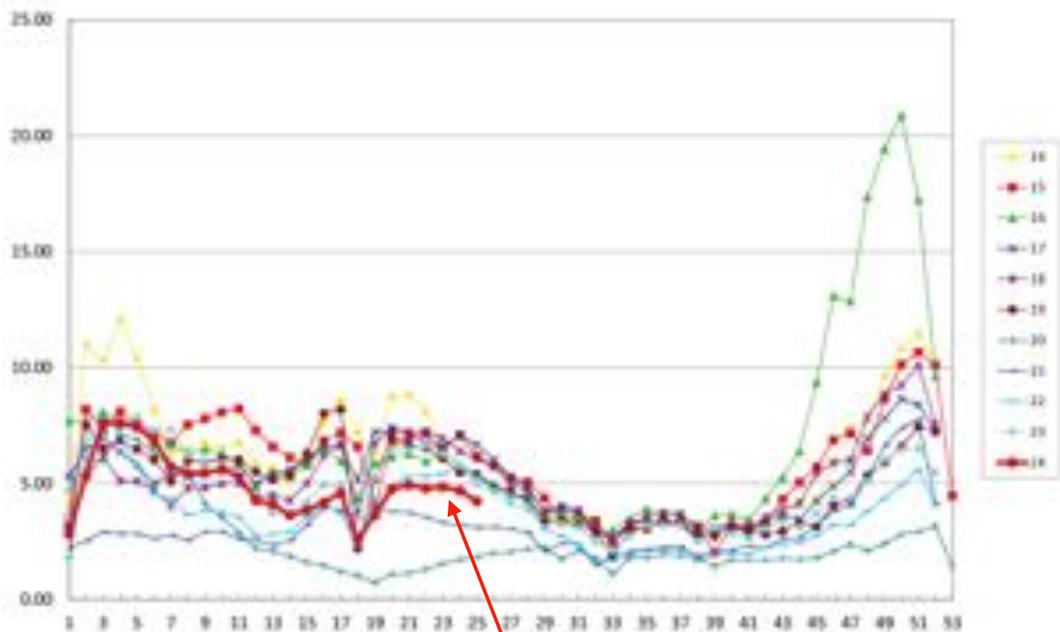
- 下痢症ウイルスの流行状況について（感染研 染谷）
- ロタウイルス検出マニュアルの改訂、RNA標準品配布開始について（感染研 藤井）

下痢症ウイルスの流行状況について

感染性胃腸炎～感染症発生動向調査 週報

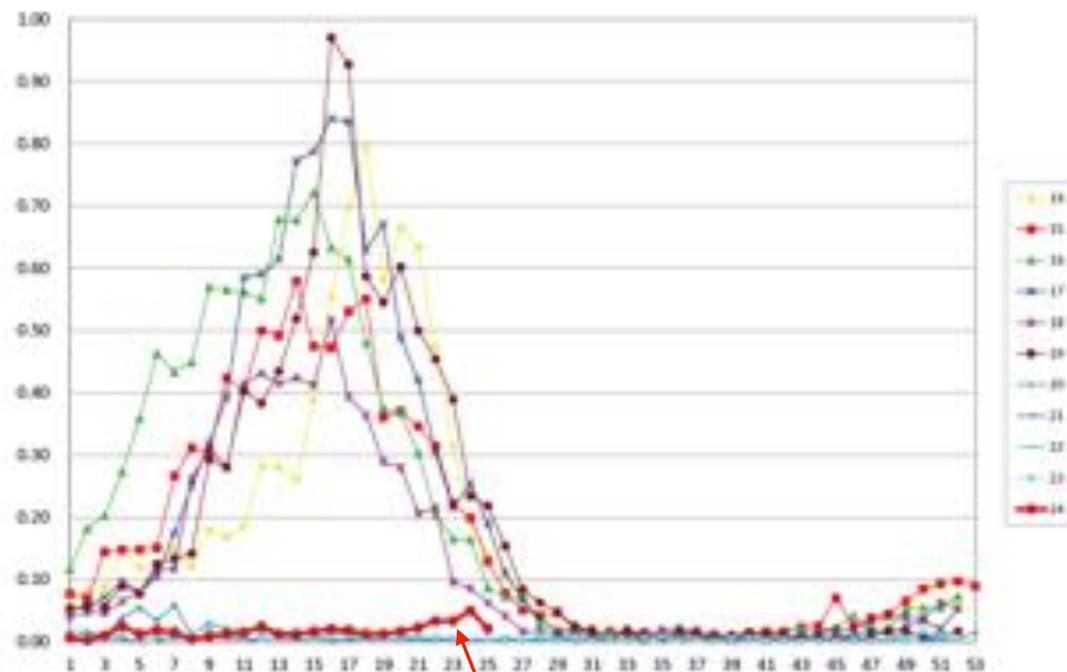
Data from Infectious Diseases Weekly Report (IDWR)

感染性胃腸炎
Infectious gastroenteritis



2024年

感染性胃腸炎（病原体がロタウイルスであるものに限る）
Infectious gastroenteritis (only by Rotavirus)



2024年



Genogroup I ノロウイルスの検出状況

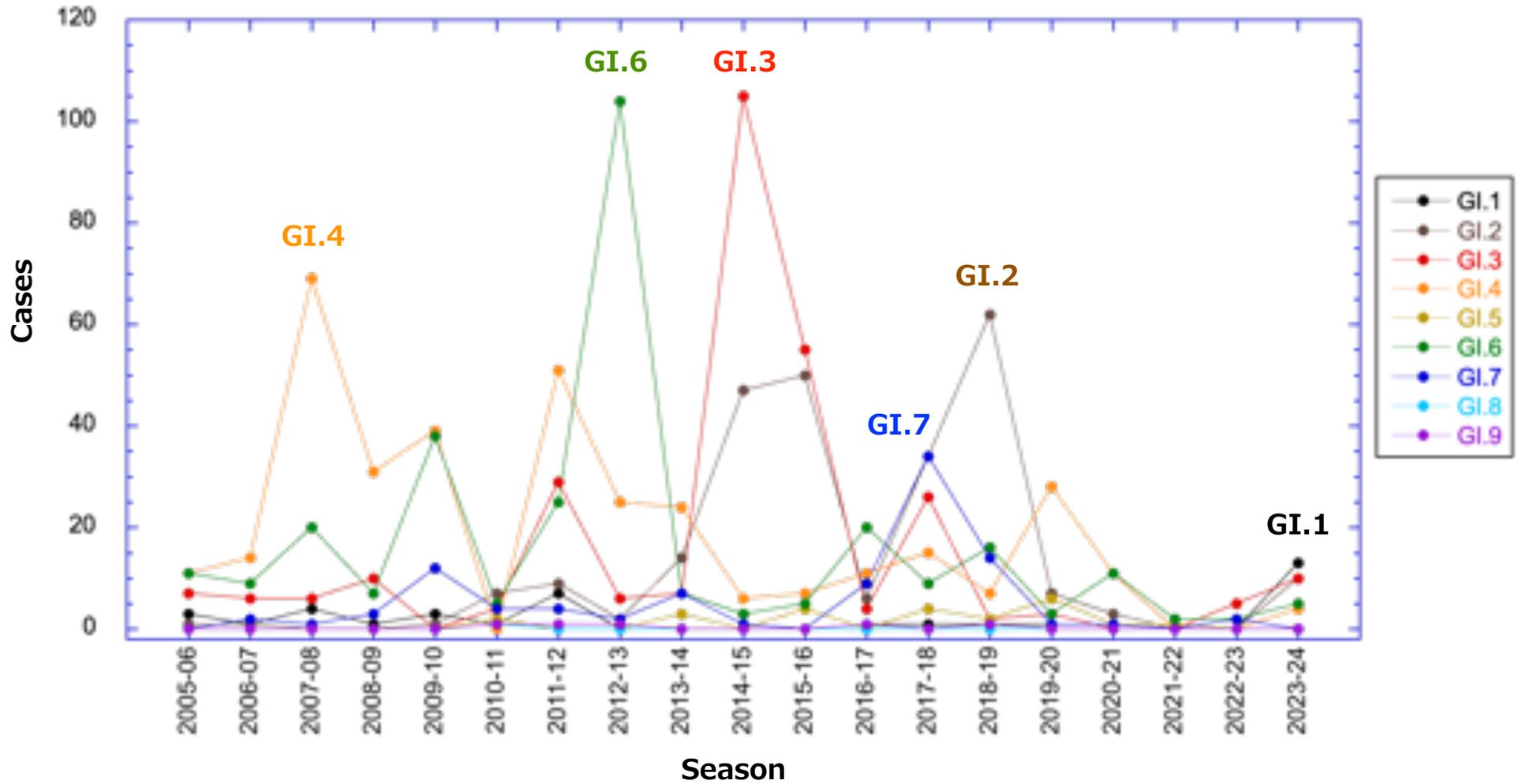
Genotype	2004-2005	2005-2006	2006-2007	2007-2008	2008-2009	2009-2010	2010-2011	2011-2012	2012-2013	2013-2014	2014-2015	2015-2016	2016-2017	2017-2018	2018-2019	2019-2020	2020-2021	2021-2022	2022-2023	2023-2024	合計
GI.1	-	3	1	4	1	3	1	7	-	-	-	-	1	1	1	1	1	1	-	13	39
GI.2	-	1	1	-	-	1	7	9	2	14	47	50	6	34	62	7	3	-	-	10	254
GI.3	1	7	6	6	10	-	4	29	6	7	105	55	4	26	2	3	-	-	5	10	286
GI.4	-	11	14	69	31	39	-	51	25	24	6	7	11	15	7	28	11	-	-	4	353
GI.5	-	-	-	-	-	-	2	-	-	3	-	4	-	4	2	6	1	1	-	-	23
GI.6	-	11	9	20	7	38	5	25	104	7	3	5	20	9	16	3	11	2	3	6	304
GI.7	-	-	2	1	3	12	4	4	2	7	1	-	9	34	14	1	1	-	2	-	97
GI.8	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1
GI.9	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-	-	-	1	-	1	-	-	-	-	-	5
Untyped GI	228	199	81	184	130	185	57	155	137	106	384	76	75	29	80	18	10	14	6	56	2210
Total	229	232	114	284	182	278	82	281	277	168	546	197	127	152	185	67	38	18	16	99	3572

シーズン：9月～翌年8月

2024年（令和6年）7月 5日現在

国立感染症研究所 病原体検出情報（IASR）<http://www.nih.go.jp/niid/ja/iasr-noro.html> 掲載のデータを一部改変
 地方衛生研究所からNESID病原体検出情報に報告された情報に基づく。
 感染症発生動向調査の定点およびその他の医療機関、保健所等で採取された検体から検出された病原体の情報が含まれる。

Genogroup I ノロウイルスの検出状況



Genogroup II ノロウイルスの検出状況

Genotype	2004-2005	2005-2006	2006-2007	2007-2008	2008-2009	2009-2010	2010-2011	2011-2012	2012-2013	2013-2014	2014-2015	2015-2016	2016-2017	2017-2018	2018-2019	2019-2020	2020-2021	2021-2022	2022-2023	2023-2024	合計
GII.1	-	4	-	2	-	2	-	1	1	1	-	1	-	1	5	7	-	-	-	-	25
GII.2	1	10	5	30	30	345	165	89	63	29	3	78	1378	508	406	301	347	161	200	96	4245
GII.3	1	39	12	83	37	67	531	29	20	63	283	295	47	50	224	122	12	19	44	103	2081
GII.4	7	91	1129	577	369	654	437	517	1099	641	528	839	393	765	614	333	131	421	427	443	10415
GII.5	-	-	-	1	-	-	-	9	-	-	2	1	2	2	-	-	-	-	-	-	17
GII.6	2	18	11	3	141	19	4	27	27	357	8	43	116	24	100	42	11	-	24	26	1003
GII.7	-	11	-	1	-	10	5	4	19	5	1	15	9	4	2	-	-	-	20	171	277
GII.8	-	2	1	-	-	-	-	-	-	-	3	1	-	3	11	1	-	1	-	-	23
GII.9	-	-	5	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	6
GII.10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	4	-	-	-	-	4
GII.12	-	-	-	-	8	31	45	44	4	-	2	-	-	-	-	-	-	-	-	2	136
GII.13	-	-	-	-	-	14	-	3	3	12	30	6	1	2	-	1	-	-	1	-	73
GII.14	-	1	50	40	1	26	66	97	53	56	7	-	-	1	2	2	-	-	-	-	402
GII.16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	1
GII.17	-	-	-	-	1	-	-	-	2	4	220	329	106	146	87	53	65	21	9	15	1058
GII.21	-	-	-	1	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2
GII.22	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	1
Untyped GII	1988	2492	3289	1953	1767	1776	1936	1645	2013	2015	1581	1059	1205	885	942	404	348	352	358	489	28497
Total	1999	2668	4502	2692	2354	2944	3189	2465	3304	3184	2668	2667	3258	2391	2393	1270	915	975	1083	1345	48266

シーズン：9月～翌年8月

国立感染症研究所 病原体検出情報 (IASR) <http://www.nih.go.jp/niid/ja/iasr-noro.html> 掲載のデータを一部改変

英国での下痢症ウイルス流行状況

Figure 1. Norovirus laboratory reports in England by week during the 2023/2024 season, compared with 5-season average

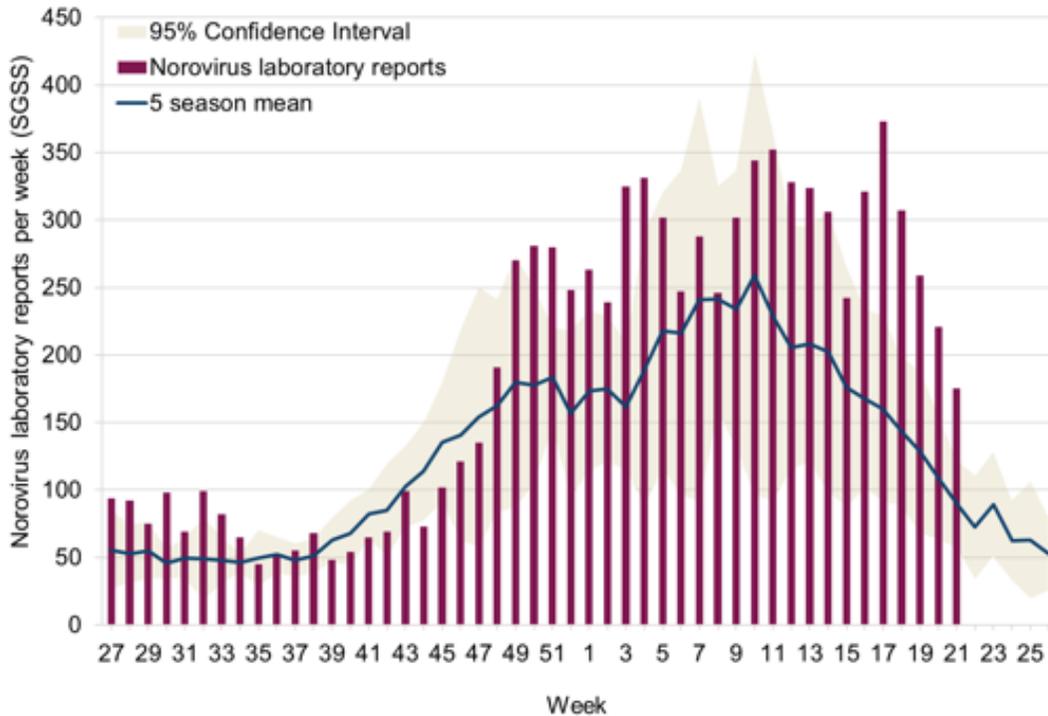
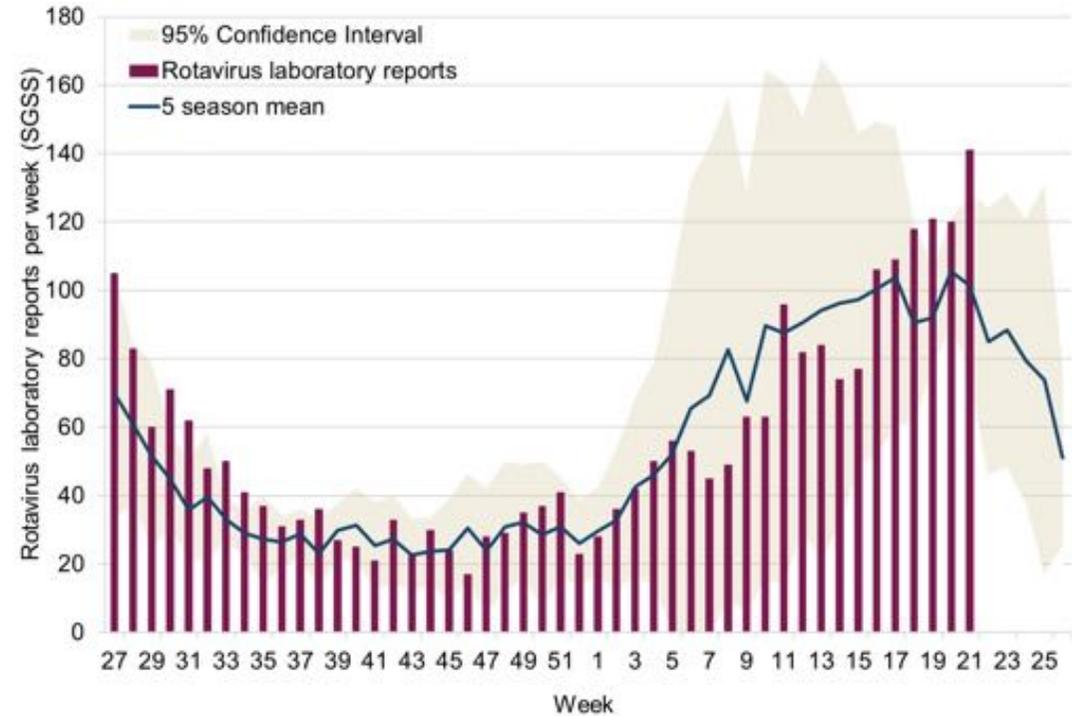
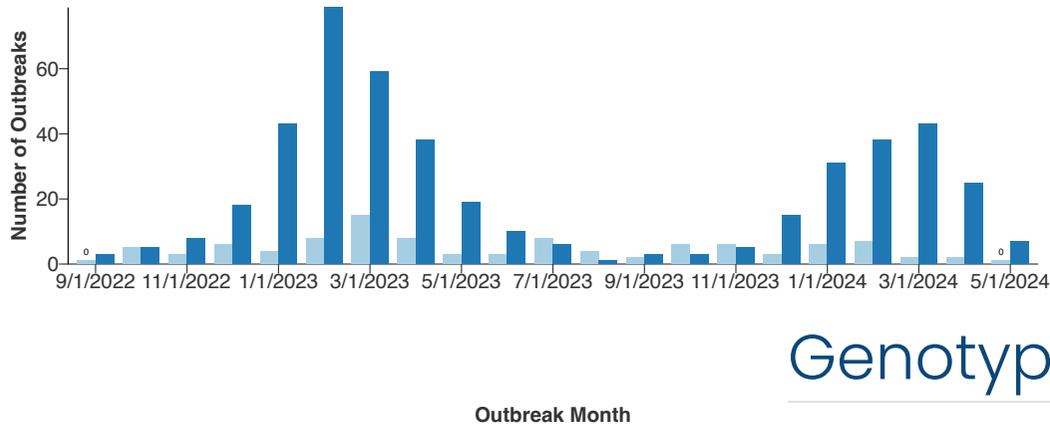


Figure 2. Rotavirus laboratory reports in England by week during the 2023/2024 seasons, compared with the 5-season average



Confirmed norovirus outbreaks submitted by genogroup

September 1, 2022 – May 31, 2024

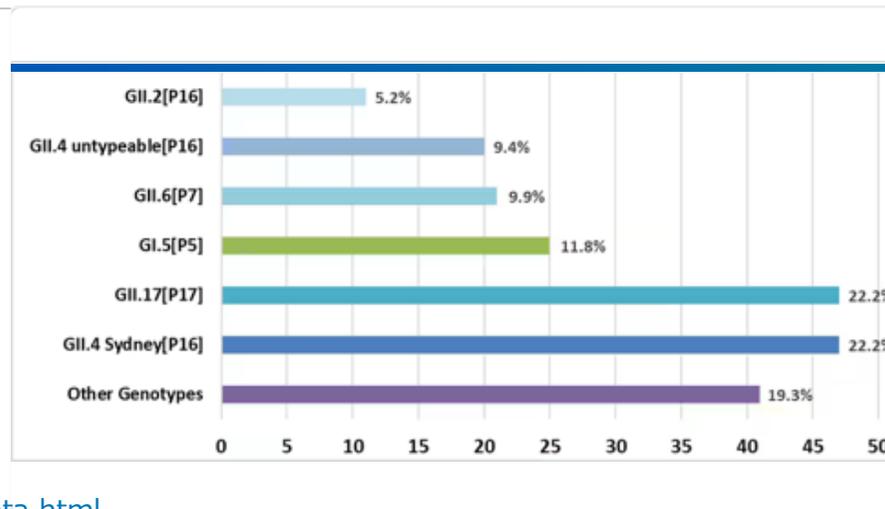


米国でのノロウイルス流行状況

Genotype distribution of norovirus outbreaks

September 1, 2023 – May 31, 2024 (n=204)

● Norovirus GI ● Norovirus GII



<https://www.cdc.gov/norovirus/php/reporting/calicinet-data.html>

病原体検出マニュアル ロタウイルス(第3版)

NIID 国立感染症研究所
NATIONAL INSTITUTE OF INFECTIOUS DISEASES

文字の大きさ 標準 大きく

ホーム 研究所の概要 所長挨拶 アクセス 関連リンク お問い合わせ メンテナンス 記事一覧

日本語 ENGLISH

お知らせ

- 採用情報
- 調達情報
- 情報公開
- 公開講座・研修
- その他

感染症情報

- 疾患名で探す
- 感染源や特徴で探す
- 予防接種情報
- 災害と感染症
- 大規模イベントと感染症

研究・検査・病原体管理

- 研究情報
- 検定検査情報
- 病原体検査

病原体検出マニュアル

カテゴリー: 病原体検出マニュアル 最終更新日: 2024年5月20日

印刷

病原体検出マニュアルは、感染症法に基づいて感染症の報告がなされる際の検査の標準化のために、国立感染症研究所と全国地方衛生研究所の共同作業で作成されたものであり、感染症対策に係る行政対応における大きな根拠となっております。本マニュアルを使用し、常に評価し、科学の進歩にあったものに改善していくことが常に求められています。

更新情報

- 2024.05.20 5類感染症 「**感染性胃腸炎-ロタウイルス-**」を更新しました
- 2024.05.02 4類感染症 の「重症熱性血小板減少症候群（病原体がフレボウイルス属 SFTSウイルスであるものに限る。）」を更新しました
- 2024.03.28 5類感染症 の「百日咳」を更新しました
- 2024.03.21 5類感染症 の「薬剤耐性菌感染症」（ペニシリン耐性肺炎球菌感染症、バンコマイシン耐性腸球菌感染症、薬剤耐性緑膿菌感染症、薬剤耐性アシネトバクター感染症、カルバペネム耐性腸内細菌目細菌感染症）を更新しました
- 2024.03.18 5類感染症 の「メチシリン耐性黄色ブドウ球菌感染症」を更新しました
- 2024.03.18 5類感染症 の「バンコマイシン耐性黄色ブドウ球菌感染症」を追加しました

【関連記事】

- 2012-01-16 - 病原体等の分号に関する手続さについて
- 2016-08-01 - 衛生微生物技術協議会第37回研究会（広島） レファレンスセンター等報告
- 2015-08-03 - 衛生微生物技術協議会第36回研究会（仙台） レファレンスセンター等報告
- 2014-07-07 - 衛生微生物技術協議会第35回研究会（東京） レファレンスセンター等報告
- 2014-12-22 - 便抽出液からポリオウイルスを直接検出するための、カプシドコーディング全領域の最高効率増殖法の開発

5類感染症 定点把握

- R Sウイルス感染症 2023年8月版
- 咽頭結膜熱 2023年1月版
- A 群溶血性レンサ球菌咽頭炎 2024年1月版
- 感染性胃腸炎
 - **ロタウイルス 2024年5月版**
 - ノロウイルス 2019年6月版
 - サポウイルス 2021年7月版
 - アデノウイルス下痢症 2022年5月版
- 水痘 2011年10月版
- 手足口病 2023年7月版
- 伝染性紅斑
- 突発性発疹 2015年8月版
- ヘルパンギーナ 2018年2月版
- 流行性耳下腺炎 2015年1月版

変更点:リアルタイムPCR法のプライマー・プローブを一本化

<RVA用のプライマーおよびプローブの配列>

参考文献: Journal of Medical Virology 80 (2008) 1489-1496

Target	Primer name	5'- sequence -3'	Position	Product size
NSP3	NSP3-FDeg	ACCATCTWCACRTRACCCTC	988-1007	87
	NSP3-R1	GGTCACATAACGCCCTATA	1055-1074	
	NSP3-Probe*	ATGAGCACAATAGTTAAAAGCTAACACTGTCAA	1009-1035	

参考文献: Journal of Virological Methods 155 (2009) 126-131

Target	Primer name	5' - sequence -3'	Position	Product size
NSP3	JVKF	CAGTGGTTGATGCTCAAGATGGA	17-39	131
	JVKR	TCATTGTAATCATATTGAATACCCA	123-147	
	JVKP*	ACAACTGCAGCTTCAAAGAAGWGT	72-96	

➤ 検出可能な遺伝子型の範囲が狭いため、マニュアルから削除。

- RVCのプライマー・プローブを新たに追加。

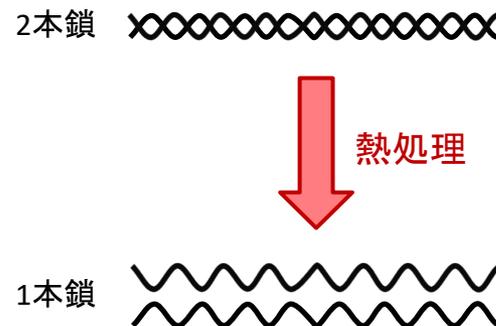
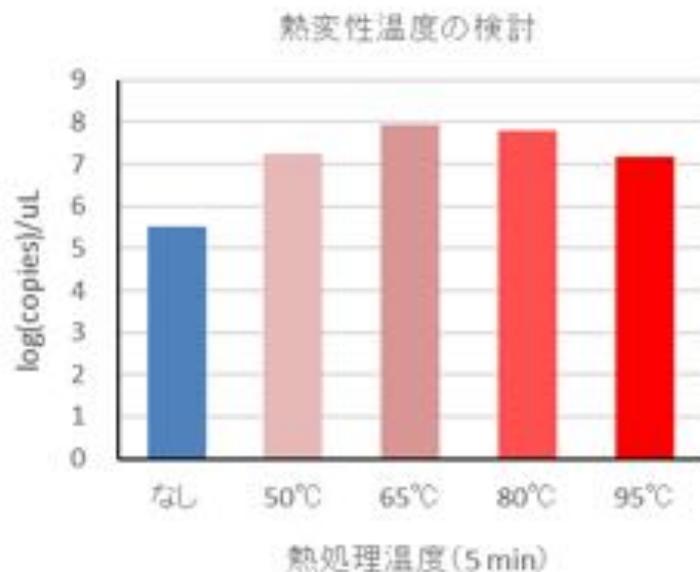
<RVCの検出に用いるプライマー・プローブの配列>

Target	Primer name	5'- sequence -3'	Position	Product size
VP7	RVC-VP7-616F	GCTGCATTTGGTAGTACTGYGA	616-638	90
	RVC-VP7-705R	AGTTTCTGTACTAGCTGGTGAACA	682-705	
	RVC-VP7-649P(29)	TGTCCATTAGATACTACAAGTAATGGAAT	649-677	

変更点: 逆転写反応前の熱変性条件を変更

マニュアル第2版: 65°C、5min → 第3版: 95°C、2min

- ロタウイルスのゲノムは2本鎖RNAなので、逆転写反応前に熱変性処理を実施しないと検出感度が大幅に(2オーダー程度)低下する。



熱変性条件に対する疑問

- 昨年の本会議において、大阪健康安全基盤研究所の白井先生、左近先生から「熱変性は65°Cでは不十分で、95°Cまで上げる必要があるのではないか？」との指摘があり、改めて検証することになった。
- 使用機器、試薬等の影響を検証した結果、RNA抽出キット(溶出バッファー)の違いが熱変性に必要な温度に影響すると考えられた。

RNA抽出キット

Direct-zol RNA MiniPrep Kit (ZymoResearch)

DWで溶出

→ 65°Cで十分

QIAamp Viral RNA Mini Kit (Qiagen)

Buffer AVEで溶出

→ 95°Cでないとダメ

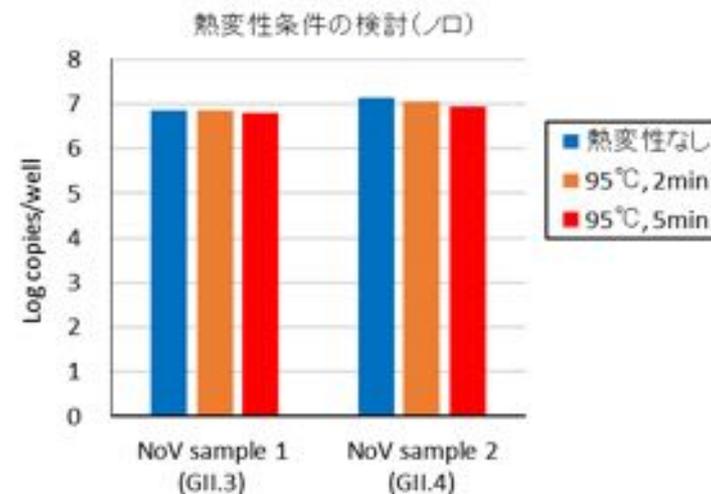
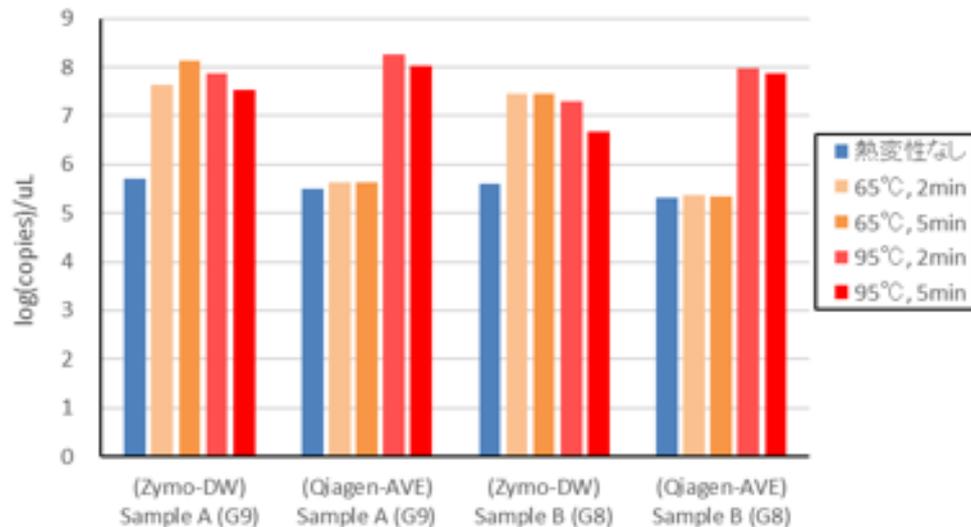


Direct-zol RNA kit (ZYMO Research)



QIAamp Viral RNA kit (QIAGEN)

熱変性条件の検討



- ロタウイルスのゲノムRNAについて、逆転写反応前に実施する熱変性処理条件は、RNA抽出キット(特に溶出バッファー)の種類に依存することが判明した(データは割愛)。
- 65°Cでは不十分なキットが存在するため、**温度は95°Cに統一**するのが妥当と考えられる。
- しかし、95°CではRNAの分解が起こるため処理時間は短い方が好ましい。
- 検証の結果(左グラフ)、Qiagenキットでも「95°C、2 min」で**必要十分**と考えられた。
- ノロウイルスの場合(右グラフ)でも「95°C、2 min」処理で検出感度はほとんど下がらなかった。
- 2-step法でロタ以外のウイルスを同時に検出する場合でも「95°C、2 min」で問題ないと考えられる。

ロタウイルスの陽性コントロールRNAを作製し、配布可能になりました。

Ⅲ-9. 標準品

ロタウイルスの検査に利用可能な標準品（陽性コントロール）として、国立感染症研究所では以下のものを配布している。必要に応じて下記の請求先に連絡（メール）すれば入手可能である。

- ・ RVA (NSP3) 陽性コントロール RNA：リアルタイム PCR、コンベンショナル PCR 兼用
- ・ RVA (NSP3) 陽性コントロール DNA：リアルタイム PCR、コンベンショナル PCR 兼用
- ・ RVC (VP7) 陽性コントロール DNA：リアルタイム PCR、コンベンショナル PCR 兼用

内容

- RVA (NSP3) 陽性コントロールRNA: NSP3遺伝子の一部で構成されるssRNA。
- RVA (NSP3) 陽性コントロールDNA: NSP3遺伝子の全長を含むプラスミドDNA。
- RVC (VP7) 陽性コントロールDNA: VP7遺伝子の全長を含むプラスミドDNA。

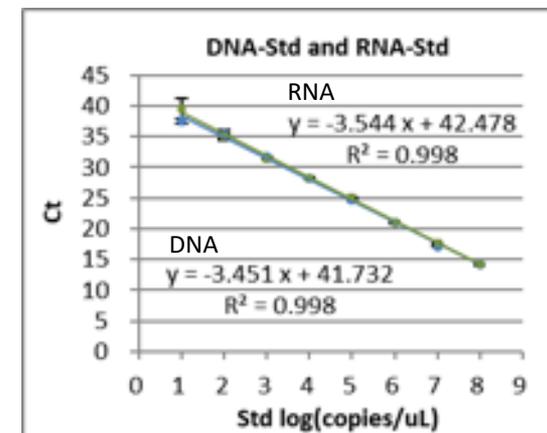
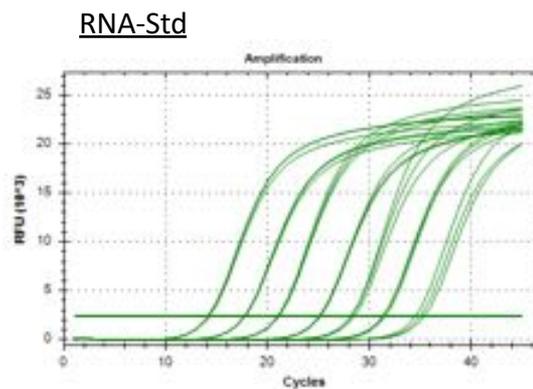
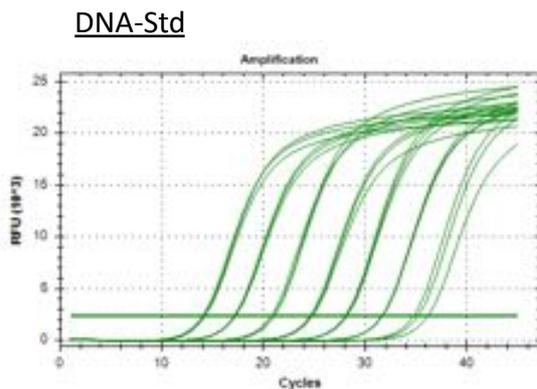
RVA (NSP3) 陽性コントロールRNA

- マニュアル記載のプライマー・プローブセットを用いるリアルタイムPCRに利用可能。

参考文献: Journal of Medical Virology 80 (2008) 1489-1496

Target	Primer name	5'- sequence -3'	Position	Product size
NSP3	NSP3-FDeg	ACCATCTWCACRTRACCCTC	988-1007	
	NSP3-R1	GGTCACATAACGCCCTATA	1055-1074	87
	NSP3-Probe	ATGAGCACAAATAGTTAAAAGCTAACACTGTCAA	1009-1035	

- 陽性コントロールRNAは、従来の陽性コントロールDNAとほぼ同等の増幅性能がある。
($10^8 \sim 10^1$ コピーの範囲で直線性が得られる)

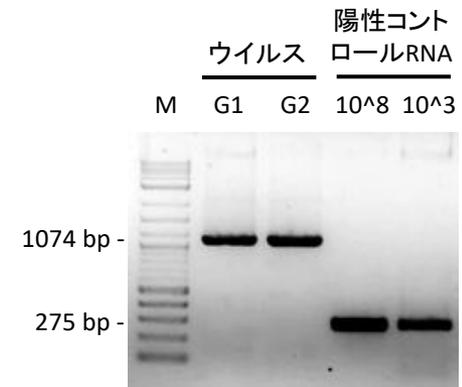


RVA (NSP3) 陽性コントロールRNA

- コンベンショナルRT-PCRの場合、NSP3遺伝子分節の全長増幅用プライマーセットを用いると275 bpの短い増幅産物が得られる。(実際のウイルスの場合は約1074 bp)

参考文献: 病原体検出マニュアル

Primer name	5'- Sequence -3'	Position	Product size (bp)
NSP3 F primer	GGCTTTTAATGCTTTTCAGTGGTTG	1-25	1074
NSP3 R primer	GGTCACATAACGCCCTATAG	1054-1074	



コントロールRNA (561塩基)

リアルタイムPCR増幅部位

コンベンショナルPCR増幅部位

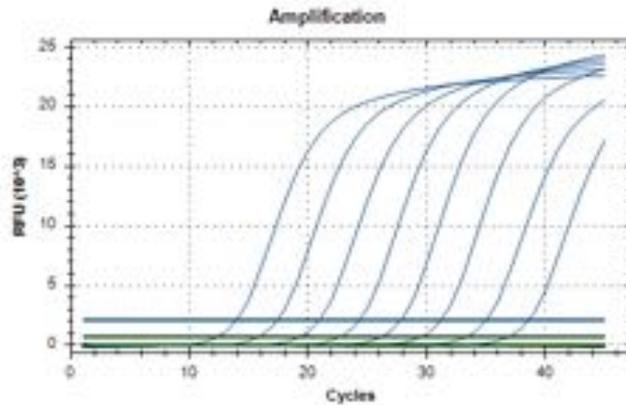
陽性コントロールRNAのコンタミ確認方法1

- ポジコンコンタミチェック用に、マーカーとして下記のPC check配列が挿入されている。

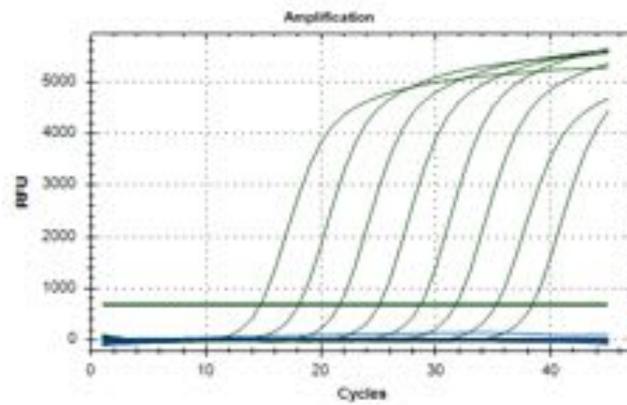
PC check配列: AGCTAGCGCATTGGATCTCG

(ノロ、インフルエンザ、MERSV、SFTSV の陽性コントロールに用いられているものと共通)

NSP3-probe



PC check-probe



コントロールRNA (561塩基)

PC check

リアルタイムPCR増幅部位

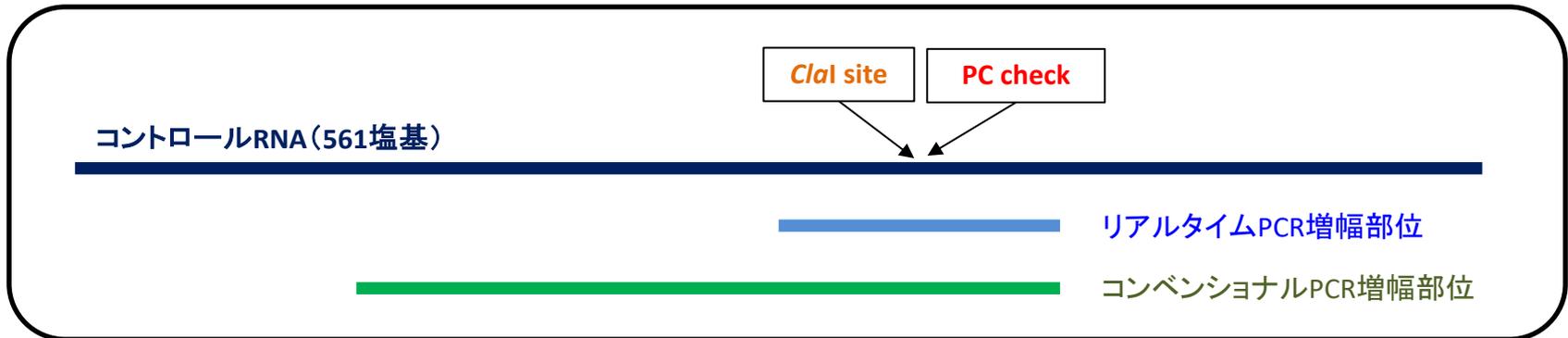
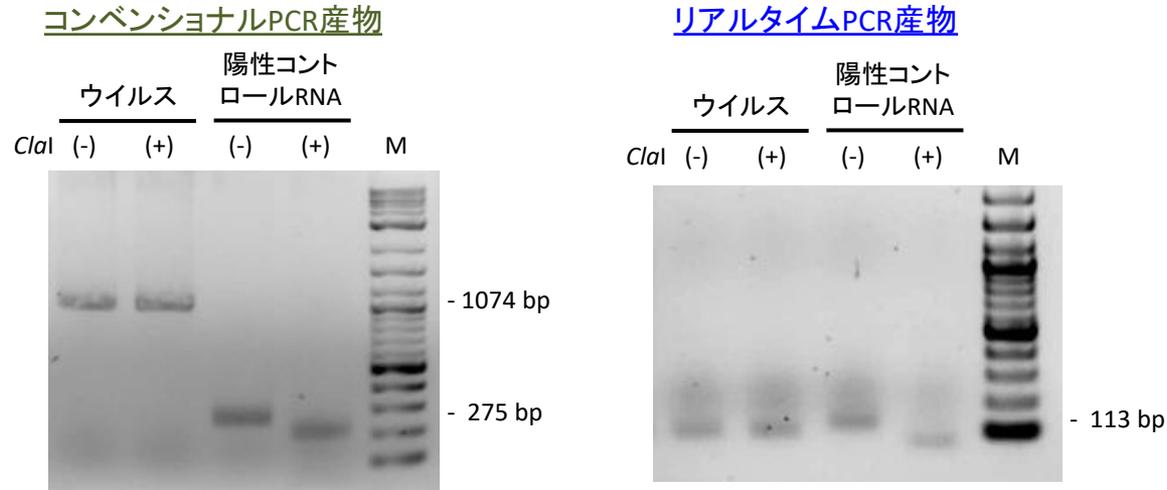
コンベンショナルPCR増幅部位

陽性コントロールRNAのコンタミ確認方法2

- 増幅配列に制限酵素 *Clal* で切断される配列が挿入されているため、*Clal* 処理により増幅産物が切断されてサイズが変わる。(これもノロと共通)

ウイルス由来PCR産物: *Clal* 処理で切断されない。

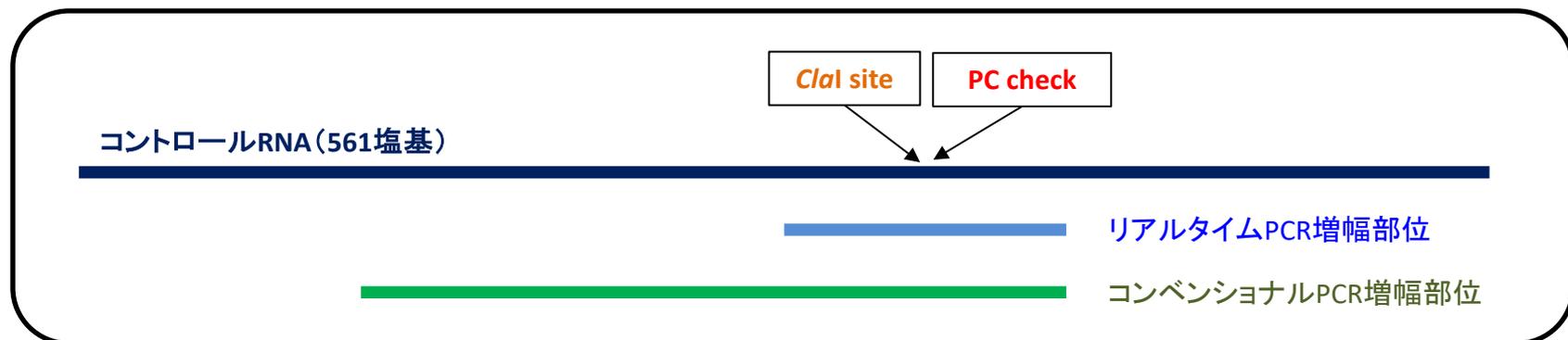
コントロール由来PCR産物: *Clal* 処理でサイズが短くなる。



陽性コントロールRNAのコンタミ確認方法 まとめ

※ RVA (NSP3) 陽性コントロールRNAのコンタミ確認方法

1. リアルタイムqPCRにおいて、コントロールRNAはPC check probeで検出可能。
2. コンベンショナルPCR（NSP3全長増幅用）で得られるPCR産物のサイズが異なる。
3. コントロールRNA由来のPCR産物は、制限酵素 *Clal*により切断される。（リアルタイム、コンベンショナルとも）



ロタウイルスの陽性コントロールをご要望の方は、こちらにご連絡ください。

■-9. 標準品

ロタウイルスの検査に利用可能な標準品（陽性コントロール）として、国立感染症研究所では以下のものを配布している。必要に応じて下記の請求先に連絡（メール）すれば入手可能である。

- ・ RVA (NSP3) 陽性コントロール RNA：リアルタイム PCR、コンベンショナル PCR 兼用
- ・ RVA (NSP3) 陽性コントロール DNA：リアルタイム PCR、コンベンショナル PCR 兼用
- ・ RVC (VP7) 陽性コントロール DNA：リアルタイム PCR、コンベンショナル PCR 兼用

標準品請求先

ノロウイルス（下痢症ウイルス）レファレンスセンター：novrefctr@nih.go.jp

- 検査方法に関して疑問等がありましたら、ぜひお知らせ下さい。可能な限り改良に努めます。

ロタウイルス担当：藤井 (fyoshiki@niid.go.jp)

令和6年7月10日(月)
ノロウイルスレファレンスセンター
タワーホール船堀 研修室

～ノロウイルス～

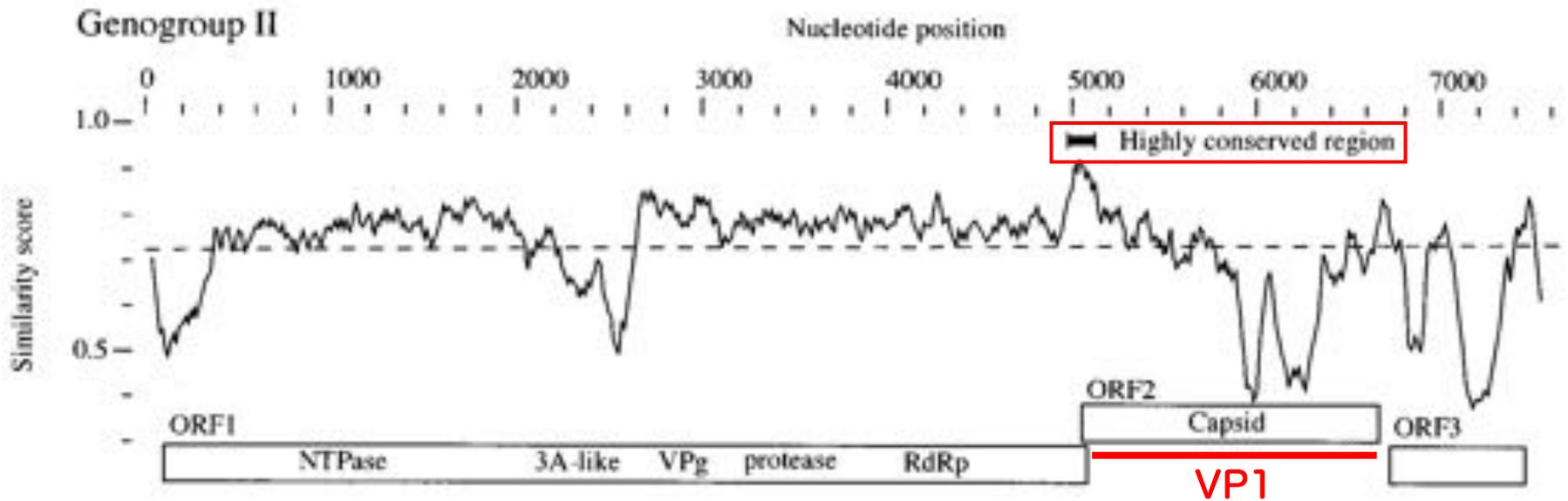
NESIDへの遺伝子型の登録方法について

国立感染症研究所
感染症危機管理研究センター
ウイルス第二部 兼任
村上耕介



再掲

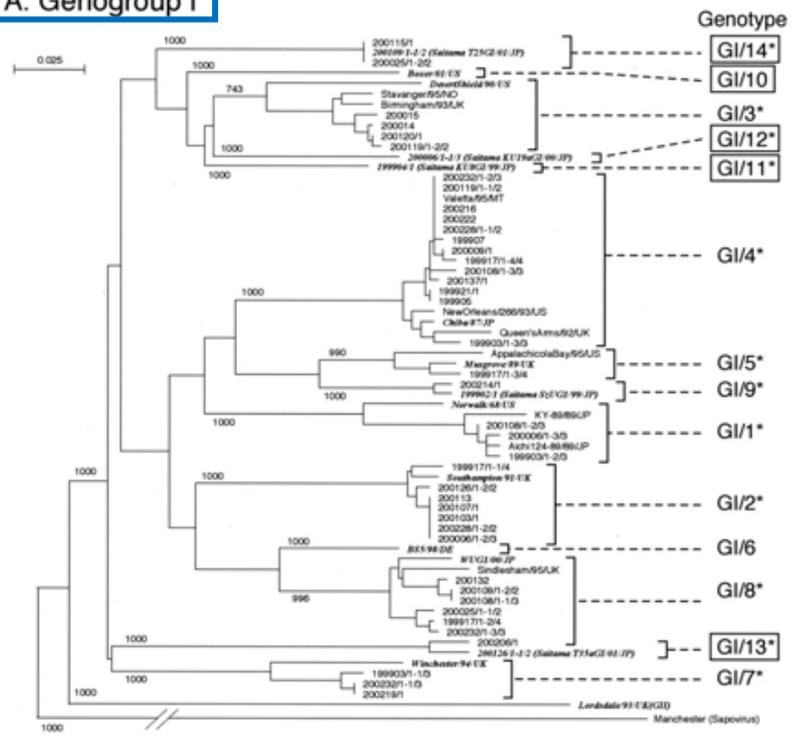
ノロウイルスの遺伝子構造と 遺伝子型内の類似度



抗原性に関するカプシド (VP1) により分類された

ヒトに感染するノロウイルスの遺伝子型

A. Genogroup I



B. Genogroup II



Kageyama et al. J. Clin. Microbiol. 2004; 42:7:2988-2995.

再掲

再掲

遺伝子型の再分類 (2013年当時)

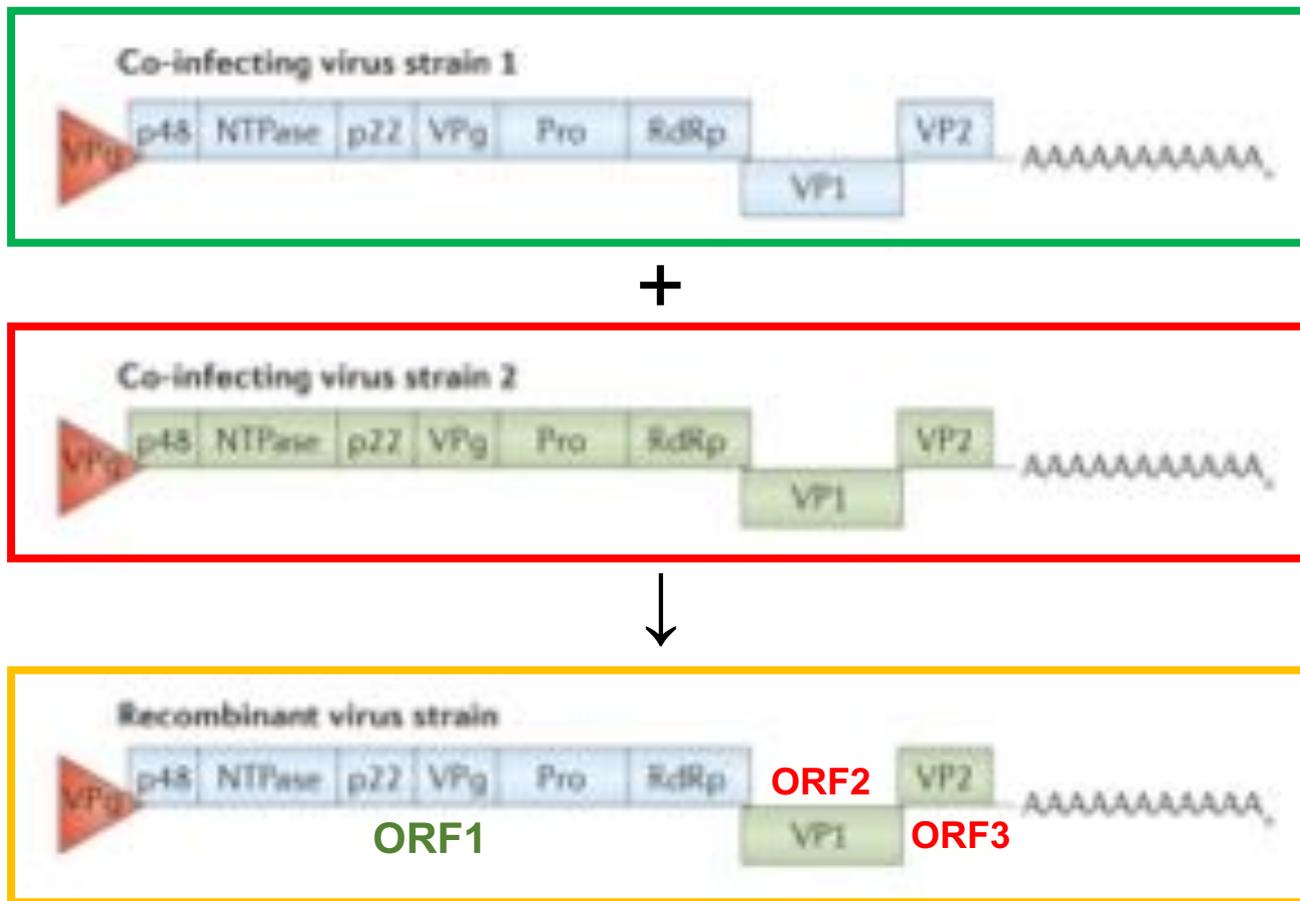
旧表記	新表記
GI/1	GI.1
GI/2	GI.2
GI/3	GI.3
GI/4	GI.4
GI/5	GI.5
GI/6	GI.6
GI/7	GI.7
GI/8	GI.6
GI/9	GI.5
GI/10	GI.8
GI/11	GI.3
GI/12	未定NA
GI/13	GI.9
GI/14	GI.3

旧表記	新表記
GII/1	GII.1
GII/2	GII.2
GII/3	GII.3
GII/4	GII.4
GII/5	GII.5
GII/6	GII.6
GII/7	GII.7
GII/8	GII.8
GII/9	GII.9
GII/10	GII.10
GII/11	GII.17
GII/12	GII.12
GII/13	GII.14
GII/14	GII.13
GII/15	GII.16
GII/16	GII.21
(GII/17=GIV)	-
GII/18	GII.22
GII/19	GII.15
-	GII.11
-	GII.18
-	GII.19
-	GII.20

2013年の再分類で
GII/17がGIVに変更された

再掲

リコンビナント株の登場 (発見)



ORF1とORF2-3が入れ替わっている
→ VP1だけでなくORF (RdRp)による分類も必要

新しい分類法の提案

JOURNAL OF
GENERAL VIROLOGY

RESEARCH ARTICLE

Chhabra et al., *Journal of General Virology* 2019;100:1393–1406
DOI: 10.1099/jgv.0.001318



Updated classification of norovirus genogroups and genotypes

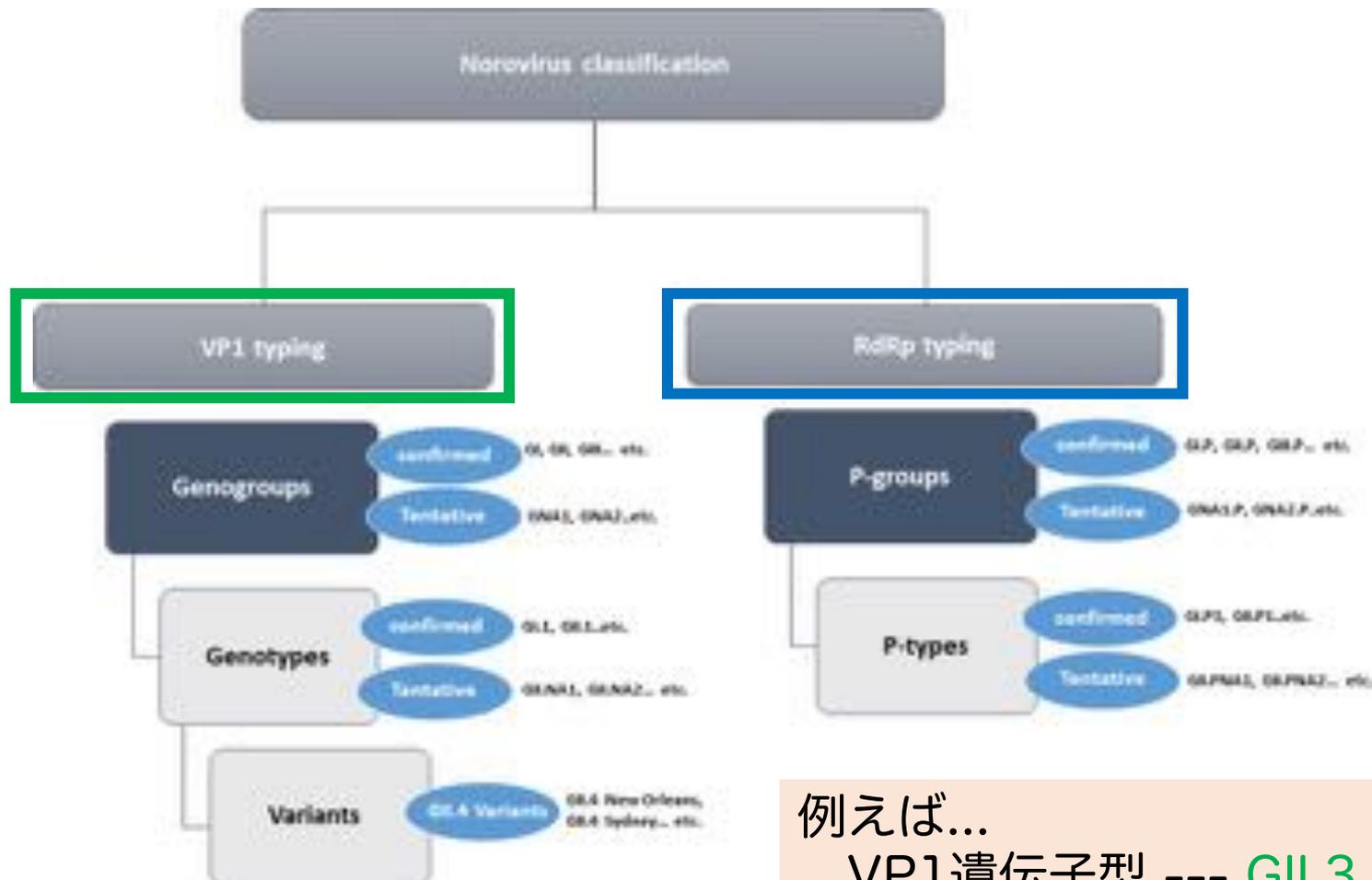
Preeti Chhabra^{1*}, Miranda de Graaf², Gabriel I. Parra³, Martin Chi-Wai Chan⁴, Kim Green⁵, Vito Martella⁶, Qihong Wang⁷, Peter A. White⁸, Kazuhiko Katayama⁹, Harry Vennema¹⁰, Marion P. G. Koopmans² and Jan Vinjé¹

Abstract

Noroviruses are genetically diverse RNA viruses associated with acute gastroenteritis in mammalian hosts. Phylogenetically, they can be segregated into different genogroups as well as P (polymerase)-groups and further into genotypes and P-types based on amino acid diversity of the complete VP1 gene and nucleotide diversity of the RNA-dependent RNA polymerase (RdRp) region of ORF1, respectively. In recent years, several new noroviruses have been reported that warrant an update of the existing classification scheme. Using previously described 2× standard deviation (5σ) criteria to group sequences into separate clusters, we expanded the number of genogroups to 10 (GI–GX) and the number of genotypes to 49 (9 GI, 27 GII, 3 GIII, 2 GIV, 2 GV, 2 GVI and 1 genotype each for GVII, GVIII, GIX [formerly GII.15] and GX). Viruses for which currently only one sequence is available in public databases were classified into tentative new genogroups (GNA1 and GNA2) and genotypes (GII.NA1, GII.NA2 and GIV.NA1) with their definitive assignment awaiting additional related sequences. Based on nucleotide diversity in the RdRp region, noroviruses can be divided into 60 P-types (14 GI, 37 GII, 2 GIII, 1 GIV, 2 GV, 2 GVI, 1 GVII and 1 GX), 2 tentative P-groups and 14 tentative P-types. Future classification and nomenclature updates will be based on complete genome sequences and will be coordinated and disseminated by the international norovirus classification-working group.

再掲

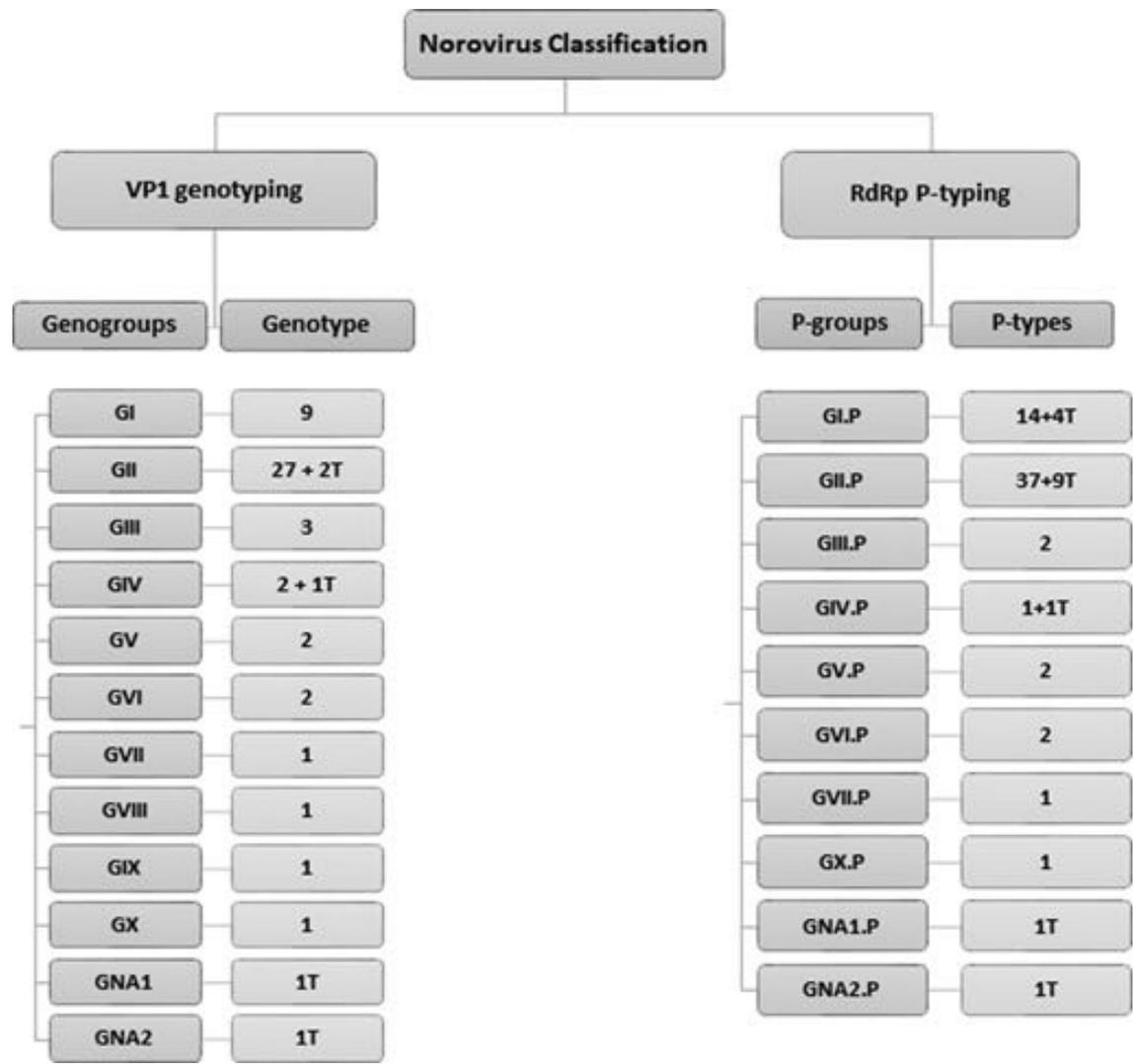
ORF1/ORF2による分類



例えば...
VP1遺伝子型 --- GII.3
RdRp遺伝子型 --- GII.P12
→ GII.3[P12]

再掲

遺伝子群/遺伝子型の新しい分類



再掲

Dual typing法に用いるプライマー

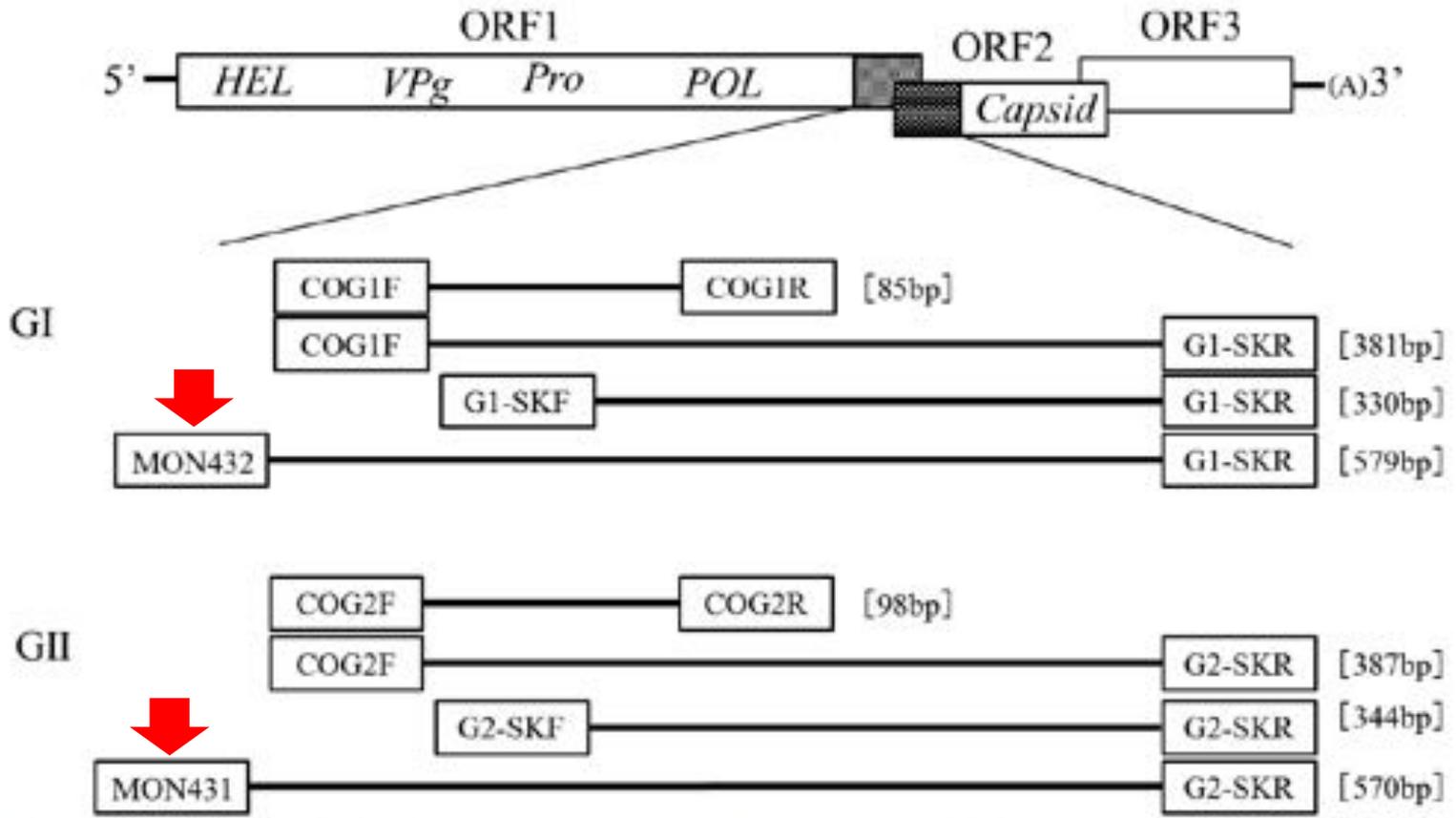


図2. NoV 検査に使用するプライマーとプローブの位置



再掲 ノロウイルス遺伝子型判定ツール

オランダ国立公衆衛生環境研究所による提供
<https://www.rivm.nl/mpf/typingtool/norovirus/>

National Institute for Public Health and the Environment

Norovirus Typing Tool Version 2.0

Submit Job [View job \(2000548895\)](#) [How to site](#) [Introduction](#) [How to use](#) [Subtyping process](#) [Example sequences](#)

Norovirus Genotyping Tool Results

You may bookmark this page to revisit results of this job (2000548895) later.

Name	Length	Family	Genus	Genogroup	BLAST score	polymerase	capsid	Report
AB888882(Norovirus)DC97667	1045	Caliciviridae	Norovirus	GI	83.47826	GI.P34 (GI.P)	GI.2	Report

Download results: [XML File](#) [Table \(Excel format\)](#) [Table \(CSV format\)](#) [Sequences \(Fasta format\)](#)

Developed by: [RIVM](#) (Harry Vennema, Annelies Kroneman) and [Erwin J. de Boer](#)

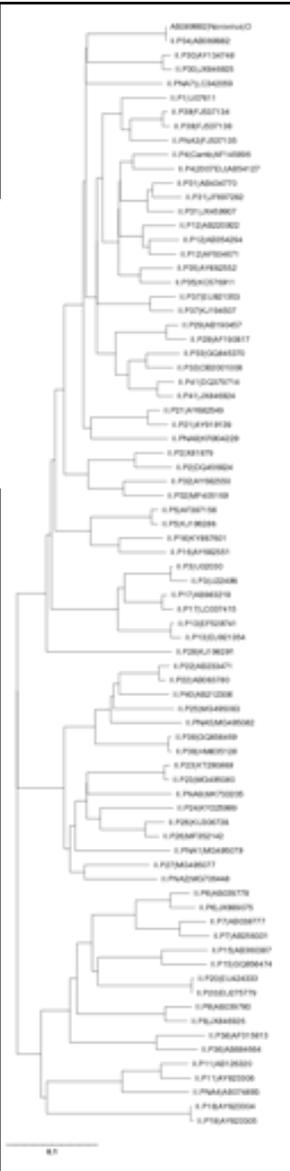
Contact: TBD

C) Or, revisit results from a previous run:

Job-id:

Developed by: [RIVM](#) (Harry Vennema, Annelies Kroneman) and [Erwin J. de Boer](#)

Contact: TBD



病原体検出マニュアルの改訂 (再周知)



再掲

The screenshot shows the NIID website interface. In the left sidebar, the link '病原体検出マニュアル' (Pathogen Detection Manual) is highlighted with a red box. A red arrow points from this link to the right-hand box. The main content area displays various research articles and updates, including '新型コロナウイルスの新規抗体はウイルスの弱点を攻撃することでSARS類ウイルスや変...' and 'ハイスループットな中和試験法によるタイのフラビウイルス中和抗体の血清疫学調査: 201...'.

病原体検出マニュアル
ノロウイルス (第1版)
平成31年6月

1

新しい分類に対応したシーケンス方法等が収録されています

Dual typing法のNESIDへの反映

Q. Dual typing法により得られた遺伝子型を
NESIDに登録するには？

A. 病原体個票における「型別結果」の
「特記すべき生化学的性状等」をお使いください



NESIDへの入力方法について (2)

病原体個票		Page	1
登録機関名	感染症研究所	登録年月日	2024年 7月 8日
検査実施機関	感染研	報告方式	
報告種別	5類定点報告	病原体種別	ウイルス
検体提供者番号	99999	検体採取年月日	2024年 6月 1日 (第22週)
検出病原体	Norovirus GII.2 (←GI1/2)	検出病原体有無	
型別結果		特記すべき生化学的性状等	GII.2 [P16]

手探りで進めておりますので、
ご要望等ありましたらどうぞお知らせください。

発病年月日	年 月 日	転帰	不明
発生動向報告ID			
材料の種類 <input checked="" type="checkbox"/> 糞便 (←腸内容物、直腸ぬぐい液) <input type="checkbox"/> 生検、剖検材料【臓器名】 <input type="checkbox"/> 喀痰・気管吸引液 <input type="checkbox"/> 血液(全血、血清、血漿) <input type="checkbox"/> 穿刺液 (←腹水、胸水、関節液) <input type="checkbox"/> 咽頭ぬぐい液 (←うがい液、鼻汁、鼻腔ぬぐい液) <input type="checkbox"/> 髄液 <input type="checkbox"/> 皮膚病巣 (←水疱内容、痂皮、創傷) <input type="checkbox"/> 結膜ぬぐい液 (←結膜擦過物、眼脂) <input type="checkbox"/> 尿 <input type="checkbox"/> 陰部尿道頸管擦過物/分泌物 <input type="checkbox"/> 吐物 <input type="checkbox"/> その他 ()			
臨床症状・徴候等 (基礎疾患を除く) <input type="checkbox"/> 不詳 <input type="checkbox"/> 無症状 (←健康者) <input type="checkbox"/> ショック症状 (←低血圧、循環不全) <input type="checkbox"/> 頭痛 <input type="checkbox"/> 発熱 (最高体温 _____ °C) <input checked="" type="checkbox"/> 胃腸炎 (<input type="checkbox"/> 下痢 (←水様便等) <input type="checkbox"/> 嘔気、嘔吐) <input type="checkbox"/> 血便 (←粘血便) <input type="checkbox"/> 腹痛 <input type="checkbox"/> 熱性けいれん <input type="checkbox"/> 関節痛、筋肉痛 (←関節炎・筋炎) <input type="checkbox"/> 角膜炎 <input type="checkbox"/> 結膜炎 <input type="checkbox"/> 角結膜炎 <input type="checkbox"/> 口内炎 (←歯肉炎) <input type="checkbox"/> 髄膜炎 (←頂部硬直) <input type="checkbox"/> 意識障害			