

下痢症ウイルスレファレンス 会議

2014年6月26日 (東京・船堀)

ウイルス第二部 片山和彦

ノーウォークウイルス（ノロウイルス）の遺伝子型2014年版

Archives of Virology

October 2013, Volume 158, Issue 10, pp 2059-2068

Proposal for a Unified Norovirus Genotyping and Strain Nomenclature

Annelies Kroneman, Harry Vennema, Jan Vinjé, , Peter A. White, Grant Hansman, Kim Green, Vito Martella, Kazuhiko Katayama, Marion Koopmans

- **ORF1-ORF2** リコンビネーション, キメラウイルスの増加
- **SK** シリーズプライマーセットとペアワイズディスタンスは依然として良い方法であるが、タイピングできない株が増加しつつある（報告数が劇的に増加しているため）
- **ORF2 (VPI)** 領域全長の塩基配列を最尤法（Maximum likelihood）または、ベイジアン法（Bayesian Markov chain Monte Carlo methods; MCMC）で分子系統解析を行うことを推奨

ノーウォークウイルス（ノロウイルス）の株名登録方法

A cryptogram previously proposed for caliciviruses would further facilitate communication by inclusion of the genogroup and genotype assignment as follows:

Host / Hu (human) Bo (bovine), Mu (murine), Po(porcine), Ca (canine). A list of the host name abbreviations is published on the norovirus typing tool website.

NoroNet: <http://www.rivm.nl/mpf/norovirus/typingtool>

Country code (ISO) / FR, DE, US, JP, etc

year of sampling / .

genogroup and genotype /
(ORF1 and ORF2)

GII.P4_GII.4, or if only the
ORF2 sequence is known:

GII.4 variant name city, if necessary followed by a serial number.

norovirus GII/Hu/FR/2004/GII.P12-GII.3/Paris23

norovirus GII/Hu/GB/2010/GII.P4_GII.4_New-Orleans2009/London48,

or if only the capsid sequence is known:

norovirus GII/Hu/FR/2004/GII.12/Paris25.

Norovirus Typing Tool - (Open access)

<http://www.rivm.nl/mpf/norovirus/typingtool>

NoV Genotyping Tool

www.rivm.nl/mpf/norovirus/typingtool

Norton Norton Secured

National Institute for Public Health and the Environment
Ministry of Health, Welfare and Sport

Norovirus Genotyping Tool Version 1.0

Submit Job Monitor job How to cite Introduction How to use (Sub)typing process Example sequences

Norovirus Genotyping Tool Version 1.0

This tool is designed to use phylogenetic methods in order to identify the norovirus genotype of a nucleotide sequence.
Note for batch analysis: The genotypetool accepts up to 20000 sequences at a time.

You may either:

- A. paste one or more sequences in FASTA format in the input field.
- B. upload a FASTA file.
- C. revisit results of a previous run

A) Paste nucleotide sequence(s) in FASTA format:

```
>TCDC8
CTGGAACGGGGAGTCCCTTACAGGCAAGCTGGCAGACCAGGCTTCCAAGGCCAACCTGATGTTTGAAGAAGGGGAAGAAC
ATGACCCCGAGTCTACACAGCTGCGCTCAAGGATGAGTTAGTTAAACTGACAAAATTTATGGTAAGATCAAGAAGAGCGTT
CTCTGGGGCTCGGACCTGGCGACCATGATCCGGTGTGCTCGAGCATTCCGAGGCTAATGGATGAACTCAAAGCACACTG
TGTCACACTTCTATTAGAGTTGGCATGAATGAATGAGGATGGCCCATCATCTCGAGAGGCATTCCAGGTACACATAT
CACTATGATGCTGATTAATCTCGATGGGATTCAACACAACAGAGAGCCGTGCTGGCAGCAGCTCTAGAAATCATGGTTAAA
TTCTCCCCAGAACACACTTGGCTCAGGTAGTCCGGAGGACCTTCTCTCCTAGCGTGGTGGACGTGGGGCACTTCCAC
AATATCAATCAACGAGGGTCTTCCCTCTGGGGTGGCCCTGCACCTCCCAATGGAATCCATCGCCCACTGGCTTCTCACTCT
CTGCCCGCTCTCTGAAGTCACAAAACCTGCCCCGATACCATAACAGGCTAACTCCCTCTTCTCTTTTATGGTGATGATGAA
ATTGTTAGTACAGACATAAAATGGACCCAGAAAATTCACAGCAAAGCTCAGAGAATATGGGTTAAGACCAACCCGCC
TGACAAAACGAAGGACCCCTTGTCACTCTGAAGACCTGAATGGCCTAACTTCTCTGGGAGAACTGTGACTCGCGACC
CAGCTGGTTGGTTGGAAAACGGAGCAGAGTTCAATACTCAGGCAAAATGTACTGGACTAGGGGTCCTCAACCATGGAGAC
CCATCTGAAACAATGATTCACACTCCCAAAGACCCATCAATGATGTCCTACTGGGGAGGGCCCTCCACGGGCC
AGCATTCTACAGCAAATCAGCAAATGGTCAATTCAGAGCTAAAAGAGGGTGGCATGGATTTTACGTGCCAGACAAG
AGCCAATGTTTCAGATGGATGATTCAGATCTGAGCACGTGGGAGGGCGATCGCAATCTGGCTCCCAAGTTTGTGAATG
```

Start! Clear

B) Or, upload a FASTA with nucleotide sequences:

ファイルを選択 ファイル未選択

C) Or, revisit results from a previous run:

Job-id: Go!

Developed by: [RIVM](#) (Harry Vennema, Annelies Kroneman, Marion Koopmans) and [MyBioData](#) byba.

Contact: noronet@rivm.nl

ここに株名と塩基配列をコピーする

塩基配列は、RdRpからCapsid領域を含むようにすれば、ORF1, ORF2のタイピング結果が得られる

塩基配列は、RdRp領域のみでもよい

塩基配列は、Capsid領域のみでもよい

スタートボタンを押す

ノロウイルスの遺伝子型 新旧対応表 2014年版

	VP1全長塩基配列に基づく遺伝子型と標準株			Capsid N/S regionの塩基配列に基づく遺伝子型と標準株		
	Genotype number	Accession number	Strain name	Genotype number	Accession number	Strain name
Genogroup I	GI.1	M87661	Norwalk/68/US*	GI/1	M87661	Norwalk/68/US*
	GI.2	L07418	Southampton/91/UK*	GI/2	L07418	Southampton/91/UK*
	GI.3	U04469	DesertShield/90/US	GI/3	U04469	DesertShield/90/US
				GI/11	AB058547	SaitamaKU8GI/99/JP
	GI.4	AB042808	Chiba407/87/JP*	GI/14	AB112100	SaitamaT25GI/01/JP
				GI/4	AB042808	Chiba407/87/JP*
	GI.5	AJ277614	Musgrove/89/UK	GI/5	AJ277614	Musgrove/89/UK
				GI/9	AB039774	SaitamaSzUG1/99/JP*
	GI.6	AF093797	Hesse (BS5) /98/GE*	GI/6	AF093797	Hesse (BS5) /98/GE*
				GI/8	AB081723	WUG1/00/JP*
GI.7	AJ277609	Winchester/94/UK	GI/7	AJ277609	Winchester/94/UK	
GI.8	AF538679	Boxer/01/US**	GI/10	AF538679	Boxer/01/US**	
GI.9	HQ637267	Vancouver730/2004/CA	GI/13	AB112132	SaitamaT35aGI/01/JP	
Genogroup II	GII.1	U07611	Hawaii*	GII/1	U07611	Hawaii*
	GII.2	X81879	Melksham	GII/2	X81879	Melksham
	GII.3	U02030	Tronto	GII/3	AB067542	SaitamaU201*
	GII.4	X76716	Bristol	GII/4	X86557	Lordsdale/93/UK*
	GII.5	AJ277607	Hillingdon/90/UK	GII/5	AJ277607	Hillingdon/90/UK
	GII.6	AJ277620	Seacroft/90/UK	GII/6	AB039776	SaitamaU3*
	GII.7	AJ277608	Leeds/90/UK	GII/7	AJ277608	Leeds/90/UK
	GII.8	AF195848	Amsterdam	GII/8	AB067543	SaitamaU25*
	GII.9	AY038599	VA97207/97	GII/9	AY054299	IdahoFalls
	GII.10	AF427118	Erfurt/546/00/DE	GII/10	AY237415	Mc37*
	GII.11	AB074893	SwNoV/Sw918/97/JP			
	GII.12	AJ277618	Wortley/90/UK			
	GII.13	AY113106	Fayettevil/98/US**	GII/14	AB078334	Kashiwa47
	GII.14	AY130761	M7/99/US**	GII/13	AY130761	M7/99/US
	GII.15	AY130762	J23/1999/US**	GII/19	EF630529	Hokkaido299
	GII.16	AY502010	Triffin/1999/US	GII/15	AB058582	SaitamaKU80aGII
				GI/12	AB058525	SaitamaKU19aGI/00/JP
	GII.17	AY502009	CSE1/2002/US	GII/11	AB112221	SaitamaT29GII
	GII.18	AY823304	SwNoV/OHQW101/2003/US			
	GII.19	AY823306	SwNoV/OHQW170/2003/US			
	GII.20	EU373815	Luckenwalde591/2002/DE			
	GII.21	AY675554	IF1998/2003/IR	GII/16	AB112260	SaitamaT53GII
GII.22	AB083780	YURI/JP	GII/18	AB083780	Akita-Yuri	

*Full-length genome sequence

**Unpublished

***GIV

It represented by red characters that a strains showed different genotype between new typing system and previous typing system.

GII.4 variant name (亜株名) と標準配列

Proposed epidemic variant name	Accession number	Nucleotide sequence
US95_96	AJ004864	ORF2
Farmington_Hills_2002	AY485642	Complete
Asia_2003	AB220921	Complete
Hunter_2004	AY883096	ORF2
Yerseke_2006a	EF126963	ORF2
Den Haag_2006b	EF126965	ORF2
NewOrleans_2009	GU445325	Complete
Sydney_2012	JX459908	Complete

Standard NoV-Plasmids version I



COG, SK series primer set に対応した歴史あるスタンダード

NoV・SaV陽性コントロール分与依頼先

(Noro, Sapo standard plasmid version.1)

北海道東北ブロック
北海道立衛生研究所

(感染症部ウイルスグループ主査 吉澄 志磨 先生 yoshizum@iph.pref.hokkaido.jp)

宮城県保健環境センター

(微生物部主任研究員 植木 洋 先生 ueki-yo529@pref.miyagi.jp)

関東甲信静ブロック
神奈川県衛生研究所

(微生物部主任研究員 鈴木 理恵子 先生 suzuki.s3df@pref.kanagawa.jp)

北陸東海ブロック
富山県衛生研究所

(ウイルス部長 滝澤 剛則 先生 takenori.takizawa@pref.toyama.lg.jp)

近畿ブロック

大阪府立公衆衛生研究所

(感染症部ウイルス課主任研究員 左近 直美 先生 nsakon@iph.pref.osaka.jp)

中国四国ブロック

広島県立総合技術研究所保健環境センター

(保健研究部副主任研究員 重本 直樹 先生 n-shigemoto81161@pref.hiroshima.lg.jp)

九州沖縄ブロック

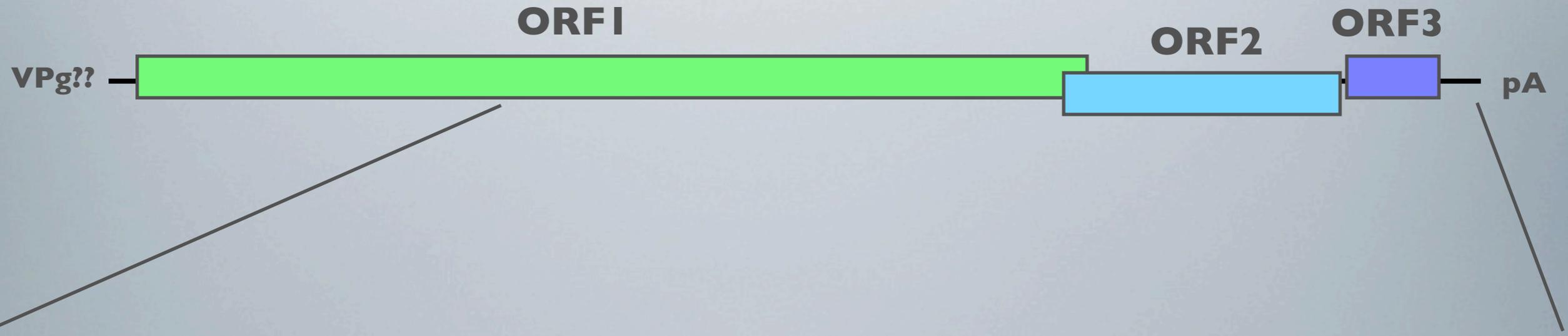
福岡県保健環境研究所

(保健科学部長心得兼ウイルス課長 堀川 和美 先生 horikawa@fihes.pref.fukuoka.jp)

NoVコントロール作成・分与:国立感染症研究所感染症疫学センター第6室 (木村博一)

SaVコントロール作成・分与:ウイルス第2部第1室 (岡智一郎) (片山和彦)

Standard NoV-Plasmids version 3



GI/1 NV68 prototype 3000-genome end 4600nt
GII/4 2006b Saga I strain 3000-genome end 4500nt

既報のRT-PCR用プライマーが全て使用できる

UniKY seriesにも完全に対応

ノロウイルスレファレンスセンター

宮城県保健環境センター（植木先生）

埼玉県衛生研究所（篠原先生）

千葉県環境保健研究所 健康科学科（田中先生）

愛知県衛生研究所（小林先生）

名古屋市衛生研究所（柴田先生）

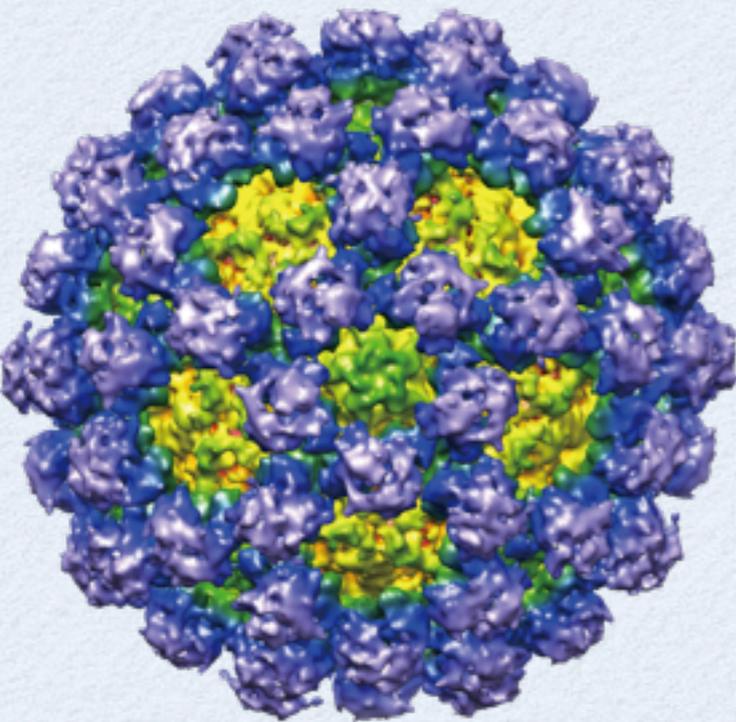
大阪市立環境科学研究所（入谷先生）

堺市衛生研究所（三好先生）

広島県衛生研究所（重本先生）

長崎市保健環境試験所（飯田先生）

佐賀県衛生薬業センター（増本先生）



担当委員の変更がある場合、お知らせください

katayama@nih.go.jp