

長野県内で発生したヒトアストロウイルス 8 型による 集団胃腸炎事例

¹⁾ 長野県環境保全研究所感染症部, ²⁾ 東京都健康安全研究センター微生物部, ³⁾ 横浜市衛生研究所微生物検査研究課,
⁴⁾ 長野県健康福祉部食品・生活衛生課

塚田 竜介¹⁾ 森 功次²⁾ 宇宿 秀三³⁾
熊崎 真琴³⁾ 吉田 徹也⁴⁾

(令和元年 11 月 14 日受付)

(令和 2 年 6 月 22 日受理)

Key words: human astrovirus, serotype 8, outbreak

要 旨

2008 年 3 月に長野県内の宿泊施設において, 集団胃腸炎事例が発生した. 患者は当該施設を利用した 7 グループ 57 名中の 4 グループ 29 名で, 主な臨床症状は下痢 (75.9%), 吐き気 (72.4%), 発熱 (65.5%), 腹痛 (62.1%) であった. 14 名の患者便を検査試料として, Human astrovirus (HAstV) 遺伝子の検出を試みたところ, 12 名 (85.7%) が HAstV 陽性であった. 一方, 5 名の調理従事者便も同様にウイルス検索を行ったところ, 発症していた従事者 1 名を含む 4 名が HAstV 陽性であった. さらに, 血清型別を行ったところ, いずれも HAstV 8 型と同定された.

本集団胃腸炎事例はウイルス検査において, 患者便から優位に HAstV 遺伝子が検出されたことから, 主体となる病因微生物は HAstV であると推定された.

わが国で分離される HAstV の主な血清型は 1 型, 3 型および 4 型で, 8 型による集団感染事例の報告は, 渉猟したところこれが初めての事例と考えられた.

[感染症誌 94: 808~813, 2020]

序 文

ヒトアストロウイルス (Human astrovirus: HAstV) は, 1975 年に小児の下痢便から初めて発見された直径 28~30nm の球形ウイルスで¹⁾, 約 6.1~7.4kb のプラス 1 本鎖のゲノムを有する²⁾.

ヒトに感染する HAstV として, アストロウイルス科 *Mamastrovirus* 属に classic HAstV, HAstV-MLB, HAstV-VA/HMO の 3 種が報告されている³⁾. 中でも classic HAstV は, 小児の非細菌性下痢の約 2.0~9.0% に関連し⁴⁾, 乳幼児や高齢者, あるいは免疫不全患者に対して, 下痢や嘔吐などの胃腸炎症状を引き起こす病原体として重要とされている⁵⁾. classic HAstV は血清型が 1 型から 8 型 (HAstV-1 から HAstV-8) に分類され, ゲノムの ORF2 領域 (カプシド領域) の塩基配列に基づく遺伝子型 (1~8 型) と一致する²⁾⁶⁾⁷⁾. 2001~2016 年までのアストロウイルス検出報告数は,

年間 14~147 件で推移しており⁸⁾, 小児の感染を中心とした散発事例が多く, 検出される血清型は HAstV-1 が最も高い⁶⁾. 一方, HAstV-4 および HAstV-5 による保育所や小学校における集団感染事例ならびに HAstV-6 による集団食中毒様事例も報告され⁹⁾¹⁰⁾, HAstV-1 以外の血清型による感染は, 拡大しやすいことが推測されている⁵⁾.

2008 年 3 月に長野県内の宿泊定員約 160 名の宿泊施設において集団胃腸炎事例が発生し, 微生物学的検索を行ったところ, HAstV-8 が病因微生物であると推定された. 渉猟したところわが国ではこれまで HAstV-8 による集団発生事例の報告がないことから, 本集団胃腸炎事例について疫学的な検討を行ったので報告する.

材料と方法

1. 疫学調査

本集団胃腸炎事例の発生状況および喫食調査等の疫学調査, ならびに当該施設における調理室内の衛生管

別刷請求先: (〒380-0944) 長野県長野市安茂里米村 178
長野県環境保全研究所感染症部 塚田 竜介

Table 1 Epidemiological data of seven groups of guests.

Group	No. of guests	No. of investigated guests	No. of patients	Attack Rate (%) ^a	Clinical symptoms (patients with symptoms (%) ^b)							
					Diarrhea	Nausea	Fever	Abdominal pain	Vomiting	Chill	Headache	Fatigue
A	30	24	18	75.0	14 (77.8)	15 (83.3)	10 (55.6)	12 (66.7)	9 (50.0)	10 (55.6)	8 (44.4)	7 (38.9)
B	5	5	3	60.0	1 (33.3)	3 (100.0)	3 (100.0)	0	2 (66.7)	0	0	0
C	5	5	3	60.0	3 (100.0)	0	2 (66.7)	1 (33.3)	0	0	0	0
D	5	5	0	0.0	-	-	-	-	-	-	-	-
E	2	2	0	0.0	-	-	-	-	-	-	-	-
F	14	12	5	41.7	4 (80.0)	3 (60.0)	4 (80.0)	5 (100.0)	2 (40.0)	2 (40.0)	3 (60.0)	0
G	4	4	0	0.0	-	-	-	-	-	-	-	-
Total	65	57	29	50.9	22 (75.9)	21 (72.4)	19 (65.5)	18 (62.1)	13 (44.8)	12 (41.4)	11 (37.9)	7 (24.1)

a: No. of patients/No. of investigated guests; b: No. of patients with symptom/No. of patients

理状況の調査は、管轄する保健所で行われた。

2. 検査試料

2008年3月25日から3月28日の間に当該施設を利用し胃腸炎症状を呈した患者15名および当該施設の調理従事者5名から採取された糞便20検体を検査試料とした。なお、詳細な検体採取日に関する情報は不明であった。

3. ウイルス検査

1) ウイルス RNA の抽出

糞便はリン酸緩衝生理食塩水 (PBS (-)) で 10% 程度の乳剤を作製後、4℃ で 10,509 × g、20 分間遠心分離し、その上清を RNA 抽出用試料とした。

ウイルス RNA は、QIAamp Viral RNA Mini Kit (QIAGEN) を用い、使用説明書に従い、前述 RNA 抽出用試料 140 μL から抽出を行った。

2) DNase 処理および逆転写反応による cDNA 作製
鈴木ら¹¹⁾の報告に準じて、DNase 処理および逆転写反応による cDNA の作製を行った。

3) アストロウイルス検査

HAstV 遺伝子 RNA の検出は、Sakon ら¹²⁾の報告した RT-PCR 法 (プライマー AC1/AC230) で行い、型別は、Sakamoto ら⁶⁾の報告した RT-PCR 法 (型別用プライマー AST-S1~AST-A8/END)、あるいはダイレクトシーケンス法を用いた塩基配列の決定により行った。系統樹解析は、Mega6 (<https://www.megasoftware.net/>) を用いた近隣結合法により行い、遺伝子系統解析に使用した遺伝子配列データの GenBank Accession No. は以下のとおりである。HAstV-1 [L23513], HAstV-2 [L13745], HAstV-3 [AF141381], HAstV-4 [AY720891], HAstV-5 [DQ028633], HAstV-6 [HM237363], HAstV-7 [AF248738], HAstV-8 [AF260508]。

4) ノロウイルス (NoV) 検査およびサボウイルス (SaV) 検査

NoV 遺伝子 RNA の検出は、Kageyama ら¹³⁾の報告

した Real-time RT-PCR 法に準じて行い、SaV 遺伝子 RNA の検出は、Oka ら¹⁴⁾の報告した Real-time RT-PCR 法、あるいは Okada ら¹⁵⁾の報告した RT-PCR 法に準じて行った。

4. 倫理的配慮

本集団胃腸炎事例を報告するにあたり、長野県環境保全研究所倫理審査委員会に諮問し、許諾を得た。

成 績

1. 患者発生状況および臨床症状

聞き取り調査等の対象としたのは、当該施設を 2008 年 3 月 25 日から 3 月 28 日の間に利用した 7 グループ (A~G) 65 名のうち調査可能であった 7 グループ 57 名とした (Table 1)。

患者は 7 グループ 57 名中 4 グループ 29 名 (発症率 50.9%) で、グループ別の発症率は、グループ A が 24 名中 18 名 (75.0%) で最も高く、次いでグループ B および C の 60.0%、グループ F の 41.7% と続いた。残り 3 グループ 11 名は非発症で、グループにより発症率にバラつきがあった (Table 1)。

患者らの主な臨床症状は、下痢 (75.9%)、吐き気 (72.4%)、発熱 (65.5%)、腹痛 (62.1%) であった。グループ別の臨床症状に特徴的な傾向は認められなかった (Table 1)。

また、患者らの日別発生状況は、3 月 27 日午後から 3 月 31 日午前にかけて明瞭なピークを示さず発生していた。グループ別の初発患者の発生順序は、グループ F、グループ A および B、グループ C の順であり、施設利用開始日時の順序と一致した (Fig. 1)。グループ F の患者 1 名は、正確な発症時間が不明であった。

当該施設で提供された食事に関する喫食状況調査を行ったところ、すべての患者に共通する献立もしくは、統計学的に有意差の認められた献立はなかった。

2. 施設への立ち入り調査結果

調理室内における調理器具等の洗浄・消毒といった衛生管理は概ね適切に実施されていた。施設の調理従

Fig. 1 Epidemic curve of gastroenteritis cases with the ascertained date of onset of illness for each group.

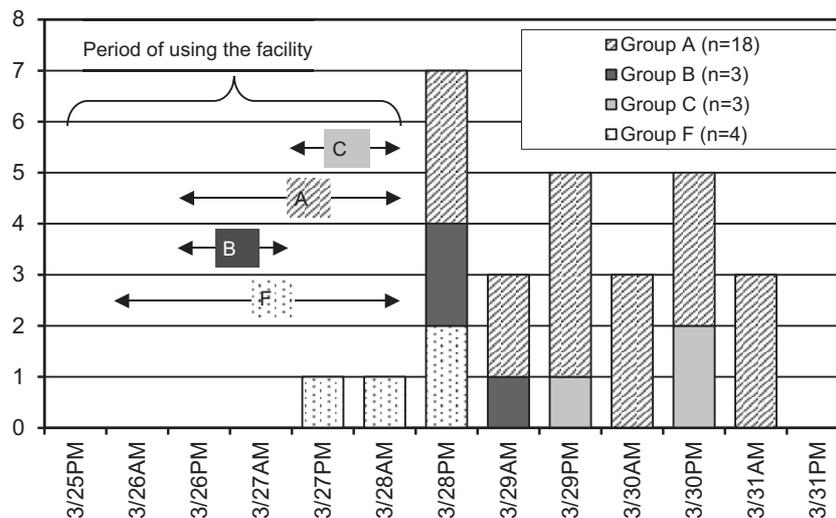


Table 2 Results of virological examinations.

Specimens		No. of sample	Positive			HAstV Negative
			HAstV ^a	SaV ^b	NoV ^c	
Guest fecal samples (symptomatic)	Group A	12	11	5	3	1
	Group C	1	NT ^d	0	0	NT ^d
	Group F	2	1	NT ^d	1	1
	Subtotal	15	12	5	4	2
Food handler fecal samples	Symptomatic	1	1	0	0	0
	Asymptomatic	4	3	0	0	1
	Subtotal	5	4	0	0	1
Total		20	16	5	4	3

a: Human astrovirus; b: Sapovirus; c: Norovirus; d: Not tested

事者5名については、1名が3月30日から、頭痛・発熱（38.3℃）・下痢の症状を呈していた。調理従事者家族の胃腸炎症状の有無等は不明であった。また、患者グループの利用期間内において、施設内の部屋や廊下などが嘔吐物によって汚染されていたとの情報は得られなかった。

3. ウイルス等検査結果

患者から採取された15名の糞便（グループA：18名中12名、グループC：3名中1名およびグループF：5名中2名）をNoV検査に供した。さらに、グループAおよびグループFの14名についてはHAstV遺伝子の検出を、グループAおよびグループCの13名についてはSaV遺伝子の検出を試みた。その結果、NoV陽性は15名中4名（26.7%）、SaV陽性は13名中5名（38.5%）であったのに比べ、HAstV陽性は14名中12名（85.7%）と高率であった（Table 2）。また6名は複数のウイルス遺伝子が陽性となり、その検

出パターンは、HAstVおよびSaV陽性が3名、HAstV、SaVおよびNoV陽性が2名、ならびにHAstVおよびNoV陽性が1名であった（Table 3）。HAstV遺伝子が検出されなかった患者は、HAstV未検査であったグループCの1名を除くとNoVのみ陽性のグループFの1名とウイルス検査がすべて陰性のグループAの1名の合計2名だけであった（Table 3）。5名の調理従事者便も同様にNoV、SaVおよびHAstV検査を行ったところ、発症していた従事者1名を含む4名からHAstV遺伝子のみ検出された（Table 2）。

なお、グループAおよびグループCの患者について、A群ロタウイルスおよびC群ロタウイルス遺伝子の検出を試みたが、不検出であった。患者便および調理従事者便を検体として細菌検査を実施したが、いずれも既知の食中毒起因菌は不検出であった。

4. HAstV遺伝子解析結果

HAstVの型別を行ったところ、いずれも600bp付

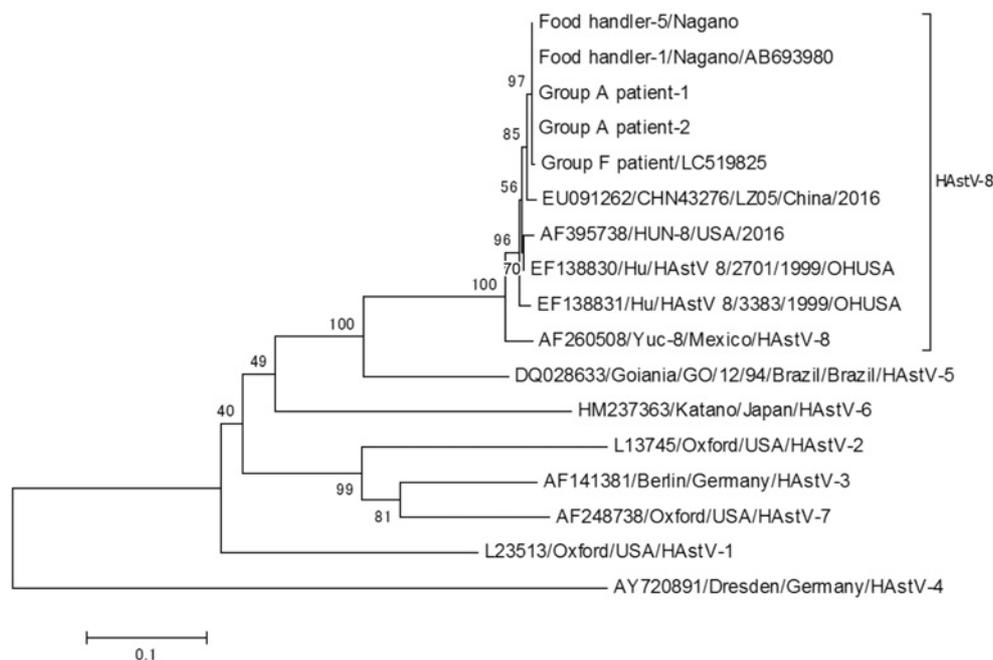
Table 3 Virus-positive patterns in the guest fecal samples.

Specimens	No. of sample	Virus-positive pattern					All negative	
		Only HAstV ^a	HAstV & SaV ^b	HAstV, SaV & NoV ^c	HAstV & NoV	Only NoV		
Guest fecal samples (symptomatic)	Group A	12	5	3	2	1	0	1
	Group C ^d	1	–	–	–	–	0	1 ^e
	Group F ^f	2	1	–	–	0	1	0
	Subtotal	15	6	3	2	1	1	2
Food handler fecal samples	Symptomatic	1	1	0	0	0	0	0
	Asymptomatic	4	3	0	0	0	0	1
	Subtotal	5	4	0	0	0	0	1
Total	20	10	3	2	1	1	3	

a: Human astrovirus; b: Sapovirus; c: Norovirus genogroup II; d: Human astrovirus was not tested;

e: Sapovirus and norovirus were negative; f: Sapovirus was not tested.

Fig. 2 Phylogenetic tree based on a 557-nt region of the 3' end of ORF2. The tree was reconstructed using the neighbor-joining method, and bootstrap was conducted 1,000 times.



近に PCR 増幅産物を認めたことから、HAstV-8 と同定された。

調理従事者由来 2 株および患者由来 3 株の計 5 株を用い、型別を行うために PCR 法によって増幅した ORF2 の 3' 末端付近における領域 (557nt) の塩基配列について相同性解析したところ、グループ F 患者由来 1 株のみ 1 塩基に変異が認められた。変異が認められた塩基配列は C-T 変異で、アミノ酸変異 (Thr-Ile) を伴う非同義置換であり、塩基配列の変異の位置は、Yuc-8 株における 6,161 番目であった。調理従事者由来 2 株およびグループ A 患者由来 2 株は 100% 一致した。調理従事者由来 2 株のうち、発症した調理従事

者由来株を No.AB693980、調理従事者由来株およびグループ A の患者由来株の配列と 1 塩基異なる配列を有するグループ F の患者由来株を No. LC519825 として GenBank/EMBL/DBJ に登録した。

今回解析を行った 5 株について系統樹解析を行ったところ、中国で解析された CHN43276/LZ05 株 (No. EU091262) に最も近縁で、98.7% (550/557) の相同性を認めた (Fig. 2)。

考 察

本集団胃腸炎事例は、ウイルス検査において、14 名中 12 名 (85.7%) の患者便から HAstV 遺伝子が検出されたことから、主体となる病因微生物は HAstV

であると推定された。また、感染経路としては、ヒトからヒトへの感染あるいは汚染した環境からの感染が疑われた。さらに、HAstVが検出された調理従事者の4名中3名は、不顕性感染であったことから、これらの調理従事者が感染源となり調理中に飲食物を汚染し感染が広がったいわゆる食中毒の可能性も疑われたが、断定には至らなかった。なお、発症していた調理従事者1名は、当該施設利用者より後に発症しており、この調理従事者が起点となって感染を広げた可能性は低いと考えられた。これらのことから、本集団胃腸炎事例においては、曝露点(日時)を推測できなかったため、患者らの潜伏期間を推定できなかった。

これまでの報告によるとHAstV感染症は、NoVやSaVなどの下痢症ウイルスとの混合感染事例が多く¹⁶⁾¹⁷⁾、本件においてもNoV、SaVとの混合感染が認められた事例であった。また患者の主な臨床症状は、下痢、嘔吐、発熱、腹痛等のウイルスが原因とされる感染性胃腸炎の典型的な症状²⁾を呈しており、患者の多くはNoVやSaVなどの混合感染であったものの、HAstV感染症の一般的な臨床症状と同様であった。

海外におけるHAstV検出状況は、HAstV-1が最も高いのに比べ、HAstV-8の検出割合は0.0~11.0%と低率である¹⁸⁾¹⁹⁾。この傾向はわが国においても同様で、検出されるHAstVの血清型は、ほとんどがHAstV-1、HAstV-3およびHAstV-4であり、HAstV-8は本集団胃腸炎事例が発生した2008年以前には報告が認められなかった⁸⁾。しかし、2008年に3件報告されて以来、2010年に1件、2011~2013年にそれぞれ2件ずつ、2016年に1件と、2008年以降は少数ではあるが検出報告が続いている⁸⁾。血清型以外の検出株に関する詳細な情報は不明だが、2008年以降HAstV-8が国内へ継続的に侵入しているか、あるいは一度国内に侵入したHAstV-8が定着している可能性が推察された。

検出頻度の最も高いHAstV-1に対する抗体保有率は、ほとんどの年齢層で高いのに比べ、稀な血清型に対する抗体保有率は極めて低い²⁰⁾。HAstVは血清型間の相互免疫は成立しないと考えられていることから²¹⁾¹⁸⁾、HAstV-1以外の血清型は感染が拡大しやすいことが推測されている⁵⁾。わが国では現在までにHAstV-1以外の集団胃腸炎事例として、HAstV-4あるいはHAstV-5による保育所や小学校などでの若年層を中心にした集団感染事例や、稀にしか検出されないHAstV-6による集団食中毒様事例の報告がある⁹⁾¹⁰⁾。渉獵したところ、HAstV-8による集団胃腸炎の報告はこれまでないことから、本集団胃腸炎事例は、わが国で初めての報告であると考えられた。

HAstVは一般的に小児の下痢症の原因ウイルスとして知られ、成人から検出されることは稀である。と

ころが、本集団胃腸炎事例はHAstV-8という稀な血清型であったことから、18歳未満と18歳以上で患者の発症率に差が認められなかったのは、このためであると推察された(データ示さず)。

HAstVはNoV等の感染性胃腸炎ウイルスと混合感染していることが多く、胃腸炎患者の発生時にはNoVやSaVなど検出頻度の高いウイルスの検索が先行され、HAstVによる感染が見逃される可能性やHAstVによる感染を探知したとしてもそのタイミングが遅れる可能性が高いと考えられる。従って、HAstV感染症の実態を正確に把握できておらず、未だ不明な点が多い。本事例においても、当初、NoVやSaVを中心に検索を行ったものの、患者便等からの前述ウイルス遺伝子の検出率が低く、本事例の主たる病因微生物を推定するに至らなかった。しかし、後日あらためて原因究明のためHAstVの検索を実施したところ、調理従事者便および患者便から当該ウイルス遺伝子が高率に検出されたことから、本事例の主な病因微生物はHAstVであったと推定できた事例であった。

AstVは、NoVやSaVと比較し、検出頻度は乳幼児下痢便検体の約1.3~2.4%と低い²⁾、これまでにHAstVによる食中毒を含む感染性胃腸炎の集団発生を引き起こした事例も報告されていることから、感染実態の把握のため疫学情報の蓄積が今後も重要であろう。

謝辞：本集団胃腸炎事例の疫学調査は、担当保健所等を中心にして実施された。関係各位に深謝いたします。

非学会員共同研究者：永野美由紀(東京都健康安全研究センター)、和田純子(長野県環境保全研究所)

利益相反自己申告：申告すべきものなし

文 献

- 1) Appleton H, Higgins PG : Letter : Viruses and gastroenteritis in infants. *Lancet*. 1975 ; 1 : 1297.
- 2) 沖津祥子, 牛島廣治 : アストロウイルス. 田代真人, 牛島廣治編, ウイルス感染症の検査・診断スタンダード. 羊土社, 東京, 2011 ; p. 138-42.
- 3) Zhou N, Lin X, Wang S, Wang H, Bi Z, Wang P, et al. : Molecular characterization of classic human astrovirus in eastern China, as revealed by environmental sewage surveillance. *J Appl Microbiol*. 2016 ; 120 : 1436-44.
- 4) De Benedictis P, Schultz-Cherry S, Burnham A, Cattoli G : Astrovirus infections in humans and animals-molecular biology, genetic diversity, and interspecies transmissions. *Infect Genet Evol*. 2011 ; 7 : 1529-44.
- 5) 荒木和子, 小林祥子, 宇田川悦子, 小林正明, 篠崎立彦, 阿部敏明 : 一定点におけるアストロウイルスおよびその血清型の流行疫学1991~1996年の成績. *感染症誌* 1998 ; 72 : 12-6.

- 6) Sakamoto T, Negishi H, Wang QH, Akihara S, Kim B, Nishimura S, *et al.* : Molecular epidemiology of astroviruses in Japan from 1995 to 1998 by reverse transcription-polymerase chain reaction with serotype-specific primers (1 to 8). *J Med Virol.* 2000 ; 61 : 326-31.
- 7) Taylor MB, Walter J, Berke T, Cubitt WD, Mitchell DK, Matson DO : Characterization of a South African human astrovirus as type 8 by antigenic and genetic analyses. *J Med Virol.* 2001 ; 64 : 256-61.
- 8) 国立感染症研究所 : 過去の集計表ウイルス東京. 病原微生物検出情報 (IASR) [Internet]. Available from : <https://www.niid.go.jp/niid/ja/typhi-m/iasr-reference/230-iasr-data/5492-iasr-table-v-p.html>.
- 9) 堀田千恵美, 小倉 惇, 仁和岳史, 平良雅克, 小川知子, 岡本恵子, 他 : アストロウイルスによる胃腸炎集団事例—千葉県, 病原微生物検出情報 2013 ; 34 : 205-6.
- 10) Oishi I, Yamazaki K, Kimoto T, Minekawa Y, Utagawa E, Yamazaki S, *et al.* : A large outbreak of acute gastroenteritis associated with astrovirus among students and teachers in Osaka, Japan. *J Infect Dis.* 1994 ; 170 : 439-43.
- 11) 鈴木理恵子, 片山 丘, 古屋由美子 : 神奈川県域の感染性胃腸炎患者からのパレコウイルスの検出. *感染症誌* 2012 ; 86 : 393-9.
- 12) Sakon N, Yamazaki K, Utagawa E, Okuno Y, Oishi I : Genomic characterization of human astrovirus type 6 Katano virus and the establishment of a rapid and effective reverse transcription-polymerase chain reaction to detect all serotypes of human astrovirus. *J Med Virol.* 2000 ; 61 : 125-31.
- 13) Kageyama T, Kojima S, Shinohara M, Uchida K, Fukushi S, Hoshino FB, *et al.* : Broadly reactive and highly sensitive assay for Norwalk-like viruses based on real-time quantitative reverse transcription-PCR. *J Clin Microbiol.* 2003 ; 41 : 1548-57.
- 14) Oka T, Katayama K, Hansman GS, Kageyama T, Ogawa S, Wu FT, *et al.* : Detection of human sapovirus by real-time reverse transcription-polymerase chain reaction. *J Med Virol.* 2006 ; 78 : 1347-53.
- 15) Okada M, Yamashita Y, Oseto M, Shinozaki K : The detection of human sapoviruses with universal and genogroup-specific primers. *Arch Virol.* 2006 ; 151 : 2503-9.
- 16) Maunula L, Kalso S, Von Bonsdorff CH, Ponka A : Wading pool water contaminated with both noroviruses and astroviruses as the source of a gastroenteritis outbreak. *Epidemiol Infect.* 2004 ; 737-43.
- 17) Nozawa CM, Vaz MG, Guimaraes MA : Detection of astrovirus-like in diarrhoeic stool and its coexistence with rotavirus. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo.* 1985 ; 27 : 238-41.
- 18) Guix S, Caballero S, Villena C, Bartolomé R, Latorre C, Rabella N, *et al.* : Molecular epidemiology of astrovirus infection in Barcelona, Spain. *J Clin Microbiol.* 2002 ; 40 : 133-9.
- 19) Jeong HS, Jeong A, Cheon DS : Epidemiology of astrovirus infection in children. *Korean J Pediatr.* 2012 ; 55 : 77-82.
- 20) Koopmans MP, Bijen MH, Monroe SS, Vinjé J : Age-stratified seroprevalence of neutralizing antibodies to astrovirus types 1 to 7 in humans in The Netherlands. *Clin Diagn Lab Immunol.* 1998 ; 5 : 33-7.

An Outbreak of Gastroenteritis Caused by Human Astrovirus Serotype 8 in Nagano Prefecture, Japan.

Ryusuke TSUKADA¹⁾, Kohji MORI²⁾, Shuzo USUKU³⁾, Makoto KUMAZAKI³⁾ & Tetsuya YOSHIDA⁴⁾

¹⁾Infectious Diseases Division, Nagano Environmental Conservation Research Institute, ²⁾Department of Microbiology, Tokyo Metropolitan Institute of Public Health, ³⁾Microbiological Testing and Research Division, Yokohama City Institute of Public Health, ⁴⁾Health and Welfare Department of Food, Public Health and Sanitation Division

In March 2008, an outbreak of gastroenteritis occurred in a hotel in Nagano Prefecture, central Japan. There were 29 patients from four groups out of 57 guests in seven groups. The main clinical symptoms were diarrhea (75.9%), nausea (72.4%), fever (65.5%), and abdominal pain (62.1%). Fecal samples of 14 patients were examined, and human astrovirus (HAstV) genes were detected in 12 (85.7%) of them. Fecal samples of five persons who were engaged in preparing meals were examined as well: four of them were HAstV-positive, including one person who was symptomatic. The virus was identified by serotyping as HAstV serotype 8 (HAstV-8).

We presumed that the main causative virus in this case was HAstV, because HAstV was detected predominantly from the fecal samples of the patients.

The main serotypes of HAstV isolated in Japan until now are type 1, type 3, and type 4. This is the first report of a case of mass infection caused by HAstV-8 in Japan.