

【調査研究】

2018/19年シーズンに岡山県で初めて主流型となった ロタウイルス A G8及びG9型の遺伝子解析

Genetic Analysis of Rotavirus A type G8 and G9 Identified as the Major Epidemic-type
First-ever during the 2018/19 Season in Okayama Prefecture

松岡保博, 石井 学, 長尾和彦, 森重李南*, 濱野雅子, 木田浩司

*現 岡山県備北保健所

MATSUOKA Yasuhiro, ISHII Manabu, NAGAO Kazuhiko,

MORISHIGE Rina*, HAMANO Masako, KIDA Kouji

要 旨

2018/19年シーズンに岡山県で検出されたロタウイルス A の遺伝子型は、G8 及び G9 型のみという過去に例のない偏った流行であり、これは全国的にも同様であった。我々は、新たなリアソータント（遺伝子再集合体）の出現や遺伝子変異がその一因である可能性があると考え、検出株について、ゲノム全 11 分節の詳細な遺伝子解析を実施した。その結果、G8 型 5 株については、新たなリアソータントは認められず、うち 4 株は 2014 年に北海道でアウトブレイクを起こした G8 型株の近縁株、1 株はウシを本来の宿主とする株であると推察された。G9 型 8 株については、うち 5 株は従来株であり、3 株は 2018 年に東京で報告されたものと同様の、単一のゲノム分節のみ組み換わったモノリアソータントであった。本調査では、近年又は新規に出現したリアソータントの急激な拡大は認められず、流行が G8 及び G9 型株に偏った原因の特定には至らなかった。しかしながら、2020 年にはワクチンの定期接種が開始され、今回以上に偏った遺伝子型の流行や新たなリアソータントの出現が懸念される。そのため、我々は今後もゲノム全 11 分節を対象とした遺伝子解析を実施し、ロタウイルス A の正確な流行把握に努める予定である。

[キーワード：ロタウイルス A, 胃腸炎, 遺伝子再集合体, ワクチン, 系統樹解析]

[Key words : Rotavirus A, Gastroenteritis, Reassortant, Vaccine, Phylogenetic analysis]

1 はじめに

ロタウイルス A（以下「RVA」という。）は、小児の主要な胃腸炎起因ウイルスであり、重篤な症状を引き起こすこともあるが、本邦では、2011年11月に単価の Rotarix[®]（グラクソ・スミスクライン社製）、2012年7月に5価の RotaTeq[®]（メルク社製）が導入されて以降、患者は減少しつつある^{1)~3)}。RVAは、レオウイルス科に属し、ゲノムに11分節の2本鎖RNAを有する⁴⁾。このうち第9分節にコードされた外殻糖たん白（VP7）の塩基配列に基づきG遺伝子型が、第4分節にコードされた外殻スパイクたん白（VP4）の塩基配列に基づきP遺伝子型が分類されており、ヒトから検出される主要な型は、ワクチン導入前はG1P[8]、G2P[4]、G3P[8]、G4P[8]及びG9P[8]の5種類であるとされてきた^{4), 5)}。ところが、ワクチン導入以降、新たな遺伝子型のRVAが相次いで報告されている。国内における代表的な株は、2012年の DS-1-likeG1P[8]^{6), 7)}、2014年に北海道でアウトブレイク

を起こしたG8P[8]⁸⁾及び2015年のDS-1-likeG3P[8]^{9)~11)}である。これらの株は、リアソータメント（遺伝子再集合）によって誕生したリアソータント（遺伝子再集合体）と考えられ、特に2014年のG8P[8]及び2015年のDS-1-likeG3P[8]については、動物のRVA由来と考えられる遺伝子を保有しており、それぞれbovine-like G8（ウシRVAとのリアソータント）、equine-like G3（ウマRVAとのリアソータント）とも呼ばれている。さらに近年では、2017年に千葉県及び岡山県において、北海道でアウトブレイクを起こしたG8P[8]株のRNA依存性RNAポリメラーゼ（VP1）をコードする第1分節のみがDS-1-likeG1P[8]株由来のものに組み換わったと考えられるモノリアソータントが報告されている^{12), 13)}。また、2018年に東京都において、G9P[8]株の非構造たん白（NSP4）をコードする第10分節のみがG2P[4]株由来のものに組み換わったと考えられるモノリアソータントが報告されている¹⁴⁾。

これまで我々は、県内におけるRVA流行状況及び感染性胃腸炎患者を継続的に調査し、ワクチン導入前後のRVA遺伝子検出率、G遺伝子型、感染性胃腸炎患者数を比較解析することで、ワクチンの効果及び流行遺伝子型への影響を把握してきた^{13), 15)~22)}。2018/19年シーズン(2018年9月~2019年8月)についてもこれまで同様に調査を実施したところ、検出されたG遺伝子型がG8及びG9型のみという過去に例のない偏った流行であることが判明した。この傾向は全国的にも同様であり、特にG8型については、ヒトから検出されること自体が少なく、2014年に北海道でアウトブレイクを起こした株についても、これまで他地域への流行拡大は認められていなかった。そこで今回我々は、これらの流行変化が新たなリアソータントの出現や遺伝子変異に起因する可能性があると考え、検出されたG8及びG9型について、ゲノム全11分節の詳細な遺伝子解析を実施した。

2 方法

2.1 対象

2019年2月~7月に、岡山県感染症発生動向調査事業において、感染性胃腸炎患者から検出されたRVAの14株全てを調査対象とした。これらの株のG遺伝子型の内訳は、G8型が5株及びG9型が9株であった(表1)。

2.2 遺伝子型の決定と近縁株の推定

病原体検出マニュアル「ロタウイルス」²³⁾に従い、ゲノム全11分節それぞれのほぼ全長を標的としたPCR法を実施し、得られた増幅産物の一部について、PCRで使用したプライマーを用いたダイレクトシーケンス法により塩基配列を解読し、Rotavirus A Genotype

Determination (<https://www.viprbrc.org/brc/rvaGenotyper.spg?method=ShowCleanInputPage&decorator=reo>)により遺伝子型を決定した。また、近縁株を特定するため、BLAST検索(<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>)を実施した。

2.3 系統樹解析

G8型株のVP1遺伝子並びにG9型株のVP7遺伝子及びVP4遺伝子のそれぞれ一部について、MEGA7を用い、Maxmum likelihood method(以下「ML法」という。)による系統樹解析を実施した。

3 結果

3.1 遺伝子型構成の決定

検出株におけるゲノム全11分節の遺伝子型構成の解析結果を表2に示す。G8型5株のうち4株(Human/JPN/OK8-1~4/2019/G8P8)は、2014年に北海道でアウトブレイク⁸⁾を起こして以降、国内で報告されている株

表1 調査対象としたロタウイルス胃腸炎患者検体

G遺伝子型	検体番号	検体採取日	検体の種類
G8	38-2911	2019. 3. 9	ふん便
	38-2921	2019. 5. 23	ふん便
	38-2922	2019. 5. 29	ふん便
	38-2927	2019. 6. 20	ふん便
	22-502	2019. 7. 30	ふん便
G9	22-494	2019. 2. 12	ふん便
	41-138	2019. 2. 28	ふん便
	41-139	2019. 3. 11	ふん便
	41-141	2019. 3. 15	ふん便
	13-5	2019. 4. 5	直腸拭い液
	13-6	2019. 4. 5	直腸拭い液
	38-2917	2019. 4. 25	ふん便
	22-499	2019. 4. 25	ふん便
	38-2920	2019. 5. 16	ふん便

表2 遺伝子型構成解析結果

G遺伝子型	検体番号	株名	遺伝子型構成
G8型	38-2921	Human/JPN/OK8-1/2019/G8P8	G8-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2
	38-2922	Human/JPN/OK8-2/2019/G8P8	G8-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2
	38-2927	Human/JPN/OK8-3/2019/G8P8	G8-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2
	22-502	Human/JPN/OK8-4/2019/G8P8	G8-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2
	38-2911	Human/JPN/OK8-5/2019/G8P14	G8-P[14]-I2-R2-C2-M2-A3-N2-T9-E2-H3
G9型	41-138	Human/JPN/OK9-1/2019/G9P8-E1	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1
	41-139	Human/JPN/OK9-2/2019/G9P8-E1	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1
	41-141	Human/JPN/OK9-3/2019/G9P8-E1	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1
	38-2917	Human/JPN/OK9-4/2019/G9P8-E1	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1
	13-6	Human/JPN/OK9-5/2019/G9P8-E1	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1
	22-494	Human/JPN/OK9-6/2019/G9P8-E2	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E2-H1
	22-499	Human/JPN/OK9-7/2019/G9P8-E2	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E2-H1
	38-2920	Human/JPN/OK9-8/2019/G9P8-E2	G9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E2-H1
	13-5	Human/JPN/OK9-9/2019/G9	解析不能

と同じG8-P[8]-I2-R2-C2-M2-A2-N2-T2-E2-H2であり、1株 (Human/JPN/OK8-5/2019/G8P14) はG8-P[14]-I2-R2-C2-M2-A3-N2-T9-E2-H3であった。一方、G9型9株のうち5株 (Human/JPN/OK9-1~5/2019/G9P8-E1) は従来から流行しているG9型と同じG9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E1-H1であり、3株 (Human/JPN/OK9-6~8/2019/G9P8-E2) は2018年に東京で検出されたモノリアソータント¹⁴⁾であるG9型と同じG9-P[8]-I1-R1-C1-M1-A1-N1-T1-E2-H1 (以下「G9P[8]-E2型」という。)であった。なお、G9型の1株 (Human/JPN/OK9-9/2019/G9) はPCRにおいて一部のゲノム分節が増幅されなかったため解析不能であった。

3.2 近縁株の推定及び系統樹解析

RVAについては、2017年に千葉県及び岡山県で検出されたモノリアソータントG8型株^{12), 13)}のように、同じ遺伝子型構成であるにもかかわらず由来の異なるゲノム分節を有することがあるため、検出株の性状を正確に把握するためには詳細な遺伝子解析が必要である。そこで、検出されたG8型5株及びG9型8株のゲノム全11分節の塩基配列について、BLAST検索による近縁株の推定を行い、一部のゲノム分節については系統樹解析を実施した。

BLAST検索の結果、G8型については、5株のうち4株 (Human/JPN/OK8-1~4/2019/G8P8) は、11分節のゲノム全てが北海道アウトブレイク株と99%以上の高い一致率を示した (データは示さず)。また、残りの1株 (Human/JPN/OK8-5/2019/G8P14) は、11分節のゲノム全体が高い一致率を示す株はデータベース上に存在せず、6分節はヒト由来株3株、5分節はウシ由来株4株と最も一致率が高かった (表3)。

一方、G9型の遺伝子型構成については、8株のうち5

株 (Human/JPN/OK9-1~5/2019/G9P8-E1) は従来型、3株 (Human/JPN/OK9-6~8/2019/G9P8-E2) はG9P[8]-E2型であった。VP7遺伝子の一部 (833塩基) のML法による系統樹解析の結果 (図1)、従来型の5株のうち4株 (Human/JPN/OK9-1~4/2019/G9P8-E1) はPhanらの提唱する²⁴⁾ Lineage3のクレードに属し、1株 (Human/JPN/OK9-5/2019/G9P8-E1) はG9P[8]-E2型の3株 (Human/JPN/OK9-6~8/2019/G9P8-E2) とともに、Lineage6のクレードに属していた。次に、G9P[8]-E2型でリアソートメントを起こしていたNSP4遺伝子の一部 (621塩基) についてML法による系統樹解析を実施した結果 (図2)、従来型の5株 (Human/JPN/OK9-1~5/2019/G9P8-E1) とG9P[8]-E2型の3株 (Human/JPN/OK9-6~8/2019/G9P8-E2) は異なるクレードに属していた。さらに詳細にみると、従来型の5株 (Human/JPN/OK9-1~5/2019/G9P8-E1) は、VP7遺伝子の系統樹解析の結果と同様に、4株 (Human/JPN/OK9-1~4/2019/G9P8-E1) と1株 (Human/JPN/OK9-5/2019/G9P8-E1) の間に遺伝的距離が認められた。また、G9P[8]-E2型の3株 (Human/JPN/OK9-6~8/2019/G9P8-E2) は、東京で検出されたG9P[8]-E2型と同じクレードに属していた。G9型8株のその他9分節のゲノムについては、BLAST検索の結果、VP7遺伝子の系統樹解析の結果と同様に、Lineage3と同じクレードに属する4株 (Human/JPN/OK9-1~4/2019/G9P8-E1) とLineage6と同じクレードに属する4株 (Human/JPN/OK9-5~8/2019/G9P8-E1) がそれぞれ近縁であった。

4 考察

2018/19年シーズンに岡山県内において感染性胃腸炎患者から検出されたRVAはG8及びG9型のみと偏って

表3 Human/JPN/OK8-5/2019/G8P14ゲノム全11分節の近縁株

遺伝子	最も近縁な株	一致率
VP7	Human-wt/JPN/Tokyo/12-1375/2012/G8P[14]	97.28%
VP4	Cow-wt/JPN/Tottori-SG/2013/G15P[14]	97.80%
VP6	Cow-wt/JPN/Tottori-SG/2013/G15P[14]	98.09%
VP1	Human-wt/JPN/12597/2014/G8P[14]	97.36%
VP2	Cow-tc/USA/WC3/1981/G6P[5]	95.21%
VP3	Human-wt/JPN/Ni17-46/2017/G15P[14]	96.59%
NSP1	Human-wt/JPN/Tokyo/12-1375/2012/G8P[14]	96.28%
NSP2	Cow-tc/JPN/GB14-45/2007/G6P[11]	98.41%
NSP3	Human-wt/JPN/Ni17-46/2017/G15P[14]	95.81%
NSP4	Cow-tc/THA/A44/1989/G10P[11]	96.35%
NSP5	Human-wt/JPN/Tokyo/12-1375/2012/G8P[14]	99.20%

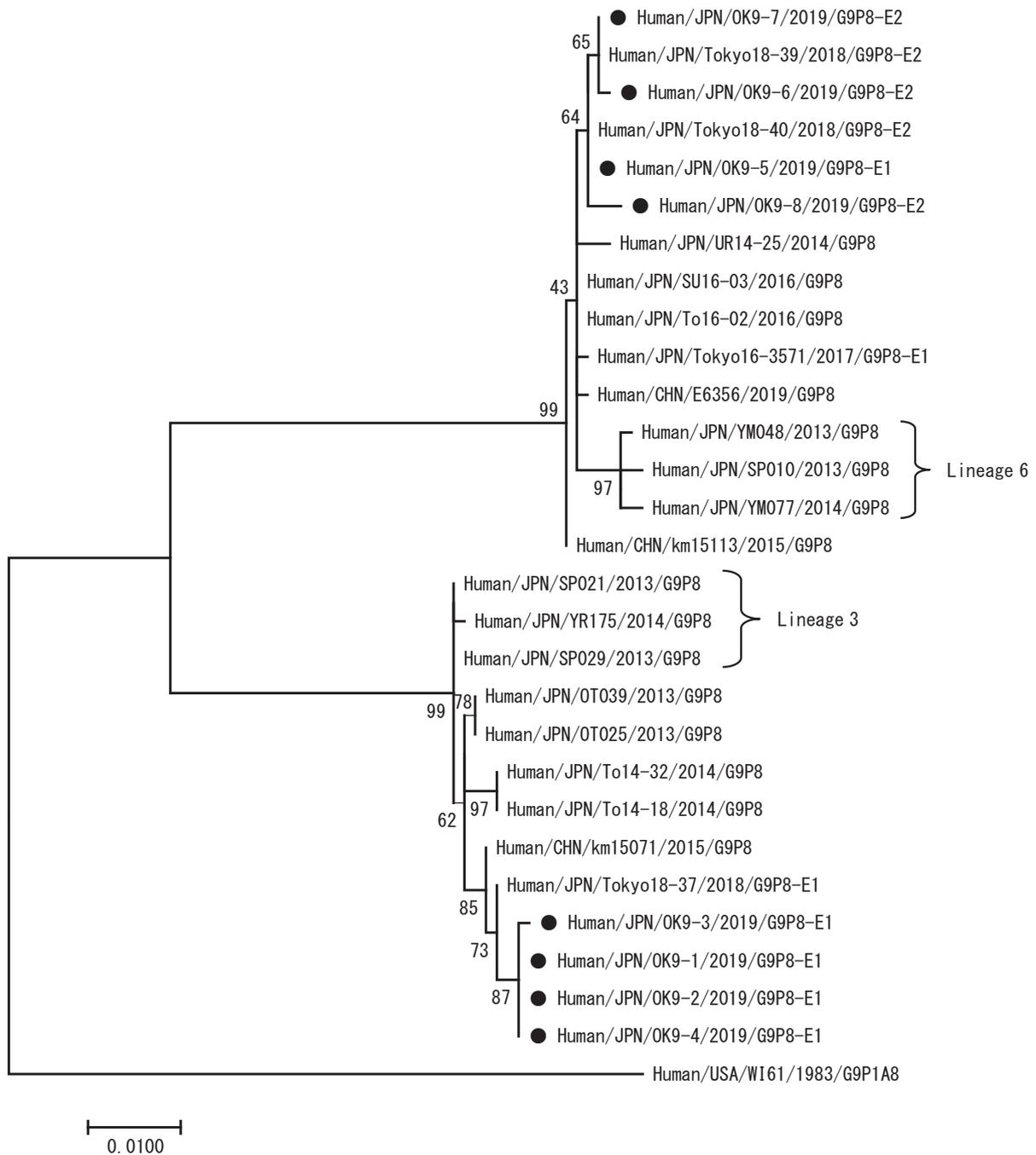


図1 G9型8株のVP7遺伝子領域系統樹

VP7遺伝子の一部（833塩基）について、ML法による系統樹解析を実施した（1,000 bootstrap）。

●：本調査検出株

いたため、その原因究明を目的として、これらの検出株について、11分節ゲノム全ての詳細な遺伝子解析を実施した。

その結果、G8型株については、新たなリアソータントは認められず、5株のうち4株が2014年に北海道でアウトブレイクを起こしたG8型株⁸⁾と近縁な株であり、2017年に千葉県及び岡山県で報告され、流行拡大が懸念されていたモノリアソータント^{12), 13)}については検出

されなかった。残りの1株（Human/JPN/OK8-5/2019/G8P14）は、表3に示すとおり、6分節はヒト由来3株、5分節はウシ由来4株と最も一致率が高かったが、ヒト由来3株については動物株がヒトへ感染したと考えられており^{25)~27)}、本株についてもウシを本来の宿主とする株がヒトへ感染した可能性がある。動物由来株については、その関連を疑うヒトの集団感染事例も報告されていることから²⁵⁾、本株についても、今後こうした可能性を

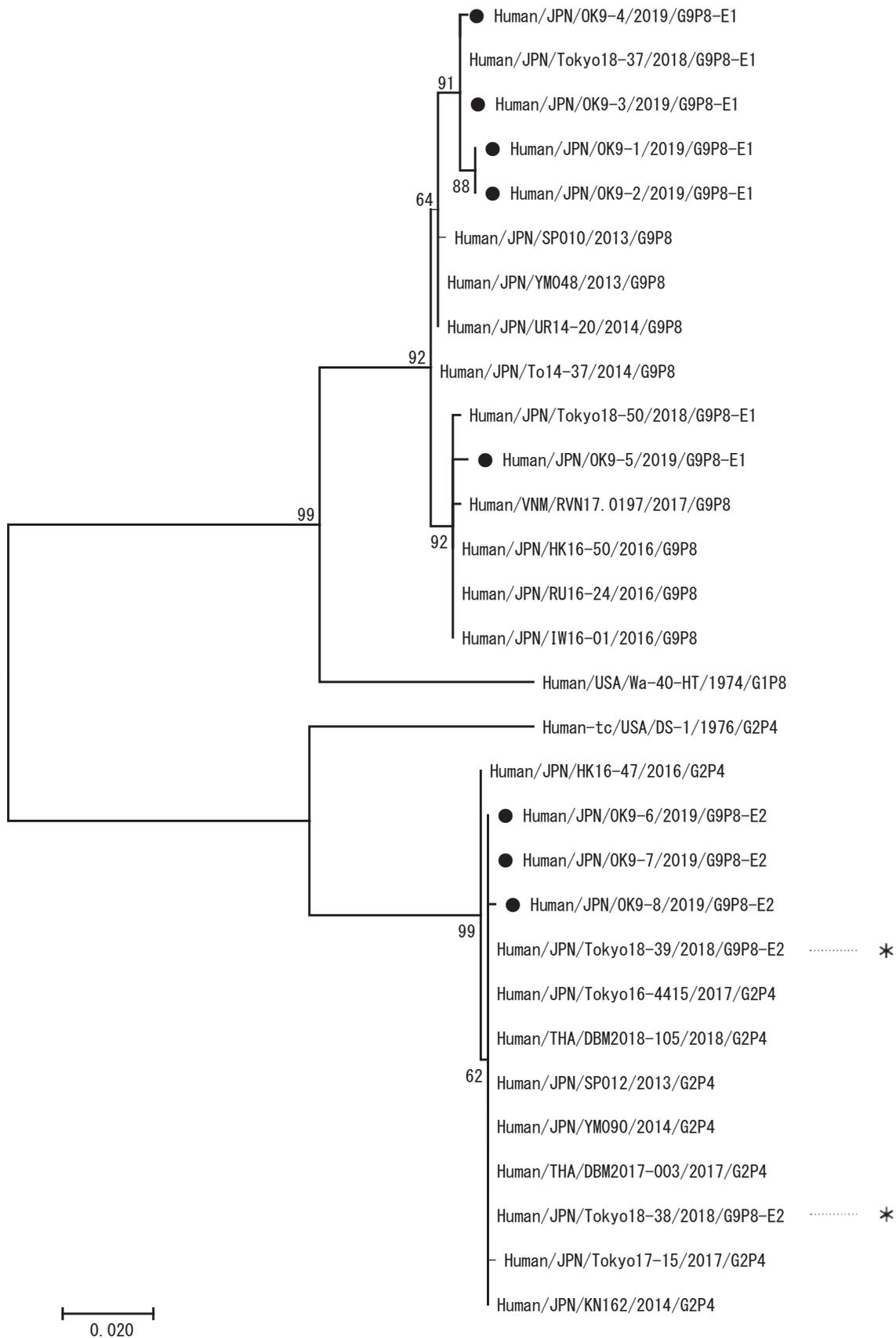


図2 G9型8株のNSP4遺伝子領域系統樹

NSP4遺伝子の一部（621塩基）について、ML法による系統樹解析を実施した（1,000 bootstrap）。

●：本調査検出株

*：2017/18年シーズンに東京で報告されたモノリアソータント

含めて注視していくべきであると考え。

G9型については、8株のうち5株が従来株と同じ遺伝子型構成、3株が2018年に東京で報告されたモノリアソータント¹⁴⁾と同じ遺伝子型構成であった。これら8株は、VP7遺伝子の系統樹解析によりLineage3とLineage6の2種類に分類されたが、NSP4遺伝子の系統樹解析の結果、Lineage6の4株のうち3株が東京株に近縁なG9P[8]-E2型モノリアソータントであることが明らかになった。このことから、県内ではこの株がLineage6内の主流行型になりつつあると考えられる。しかしながら、G9型全体で見ると、その検出数は全8株のうち3株に過ぎず、むしろ従来株の方が5株と多かったことから、この株の県内進入は2018/19年シーズンのG9型の流行拡大の主要因ではないと推察される。

今回の解析では、近年又は新規に出現したRVAのリアソータントの急激な拡大は認められず、流行がG8及びG9型株に偏った原因の特定には至らなかった。しかしながら、過去にG8及びG9型が主流行型になったシーズンはないことから、本流行は、ワクチンによる何らかの影響の結果生じたものと推察される。RVAワクチンについては、2020年10月からの定期予防接種化により、接種率の上昇が予測されることから、今回以上に偏った遺伝子型のRVAの流行や新たなリアソータント出現が懸念される。特に、近年報告されるリアソータントは、リアソートメントを起こす分節ゲノムやその由来となる株の組み合わせが複雑になってきており、これらを正確に把握するためには、ゲノム全11分節を対象とした遺伝子解析が必須となる。そのため、我々は今後も継続的にRVAの遺伝子解析を実施し、流行の正確な把握に努める予定である。

文 献

- 1) Asada K, Kamiya H, Suga S, Nagao M, Ichimi R, et al. : Rotavirus Vaccine and Health-Care Utilization for Rotavirus Gastroenteritis in Tsu City, Japan, *Western Pac. Surveill. Response J.*, 7(4), 28-36, 2016
- 2) Fujii Y, Noguchi A, Miura S, Ishii H, Nakagomi, et al. : Effectiveness of Rotavirus Vaccines Against Hospitalisations in Japan : *BMC Pediatr.*, 17(1), 156, 2017
- 3) Araki K, Hara M, Tsugawa T, Shimanoe C, Nishida Y, et al. : Effectiveness of Monovalent and Pentavalent Rotavirus Vaccines in Japanese Children, *Vaccine*, 36(34), 5187-5193, 2018
- 4) 小林宣道, 浦沢正三 : ロタウイルス, *ウイルス*, 50, 157-172, 2000
- 5) Santos N, Hoshino Y : Global distribution of rotavirus serotypes/genotypes and its implication for the development and implementation of an effective rotavirus vaccine, *Med. Virol.*, 15, 29-56, 2005
- 6) Fujii Y, Nakagomi T, Nishimura N, Noguchi A, Miura S, et al. : Spread and Predominance in Japan of Novel G1P[8] Double-Reassortant Rotavirus Strains Possessing a DS-1-like Genotype Constellation Typical of G2P[4] Strains, *Infect. Genet. Evol.*, 28, 426-33, 2014
- 7) Komoto S, Tacharoenmuang R, Guntapong R, Ide T, Haga K, et al. : Emergence and Characterization of Unusual DS-1-Like G1P[8] Rotavirus Strains in Children With Diarrhea in Thailand, *PLoS One*, 10(11), e0141739, 2015
- 8) Kondo K, Tsugawa T, Ono M, Ohara T, Fujibayashi S, et al. : Clinical and Molecular Characteristics of Human Rotavirus G8P[8] Outbreak Strain, Japan, 2014, *Emerg. Infect. Dis.*, 23(6), 968-970, 2017
- 9) Utsumi T, Wahyuni M R, Doan H Y, Dinana Z, Soegijanto S, et al. : Equine-like G3 Rotavirus Strains as Predominant Strains Among Children in Indonesia in 2015-2016, *Infect. Genet. Evol.*, 61, 224-228, 2018
- 10) Cowley D, Donato M C, Roczo-Farkas S, Kirkwood D C : Emergence of a Novel Equine-Like G3P[8] Inter-Genogroup Reassortant Rotavirus Strain Associated With Gastroenteritis in Australian Children, *J. Gen. Virol.*, 97(2), 403-410, 2016
- 11) Komoto S, Ide T, Negoro M, Tanaka T, Asada K, et al. : Characterization of Unusual DS-1-like G3P[8] Rotavirus Strains in Children With Diarrhea in Japan, *J. Med. Virol.*, 90(5), 890-898, 2018
- 12) Kamiya H, Tacharoenmuang R, Ide T, Negoro M, Tanaka T, et al. : Characterization of an Unusual DS-1-Like G8P[8] Rotavirus Strain From Japan in 2017: Evolution of Emerging DS-1-Like G8P[8] Strains Through Reassortment, *JPN. J. Infect. Dis.*, 72(4), 256-260, 2019
- 13) 松岡保博, 野宮加代子, 梶原香代子, 濱野雅子, 木

- 田浩司ら：胃腸炎ウイルスの疫学的研究－岡山県の散発胃腸炎患者におけるロタウイルスA遺伝子再集合体株の解析（2012-2017）－，岡山県環境保健センター年報，44，57-62，2020
- 14) Fujii Y, Oda M, Somura Y, Shinkai T : Molecular Characteristics of Novel Mono-Reassortant G9P[8] Rotavirus A Strains Possessing the NSP4 Gene of the E2 Genotype Detected in Tokyo, Japan, JPN. J. Infect. Dis., 73, 26-35, 2020
- 15) 葛谷光隆，濱野雅子，藤井理津志，小倉 肇，金谷誠久ら：岡山県におけるA群ロタウイルス検出状況と血清型分布の最近の動向，病原微生物検出情報，26，4-6，2005
- 16) 葛谷光隆，濱野雅子，木田浩司，藤井理津志，岸本壽男ら：岡山県におけるA群ロタウイルスの検出状況と血清型分布の最近の動向，病原微生物検出情報，32，71-72，2011
- 17) 濱野雅子，木田浩司，藤井理津志，岸本壽男，葛谷光隆ら：岡山県におけるA群ロタウイルスの検出状況（2010/11～2012/13シーズン），病原微生物検出情報，35，68-69，2014
- 18) 濱野雅子，藤井理津志，木田浩司，葛谷光隆，榎原幸二ら：胃腸炎ウイルスの疫学的研究－岡山県の散発胃腸炎患者におけるロタウイルスAの流行状況（2012/2013シーズン）－，岡山県環境保健センター年報，38，55-58，2014
- 19) 藤原香代子，藤井理津志，濱野雅子，磯田美穂子，松岡保博ら：胃腸炎ウイルスの疫学的研究－岡山県の散発胃腸炎患者におけるロタウイルスAの流行状況（2013/2014シーズン）－，岡山県環境保健センター年報，39，119-123，2015
- 20) 藤原香代子，藤井理津志，濱野雅子，磯田美穂子，松岡保博ら：胃腸炎ウイルスの疫学的研究－岡山県の散発胃腸炎患者におけるロタウイルスAの流行状況（2014/2015シーズン）－，岡山県環境保健センター年報，40，63-67，2016
- 21) 梶原香代子，濱野雅子，木田浩司，谷川徳行，磯田美穂子ら：胃腸炎ウイルスの疫学的研究－岡山県の散発胃腸炎患者におけるロタウイルスAの流行状況（2015/2016シーズン）－，岡山県環境保健センター年報，41，67-72，2017
- 22) 木田浩司，野宮加代子，松岡保博，梶原香代子，濱野雅子ら：胃腸炎ウイルスの疫学的研究－岡山県の散発胃腸炎患者におけるロタウイルスAの流行状況（2009-2017）－，岡山県環境保健センター年報，43，99-105，2019
- 23) 国立感染症研究所：病原体検出マニュアル「ロタウイルス」，2019
- 24) Phan T G, Okitsu S, Maneekarn N, Ushijima H : Genetic Heterogeneity, Evolution and Recombination in Emerging G9 Rotaviruses, Infect. Genet. Evol., 7, 656-663, 2007
- 25) Mori K, Nakazawa H, Hase S, Nagano M, Kimoto K, et al. : Whole Genomic Analysis of Human G8P[14] Group A Rotavirus Detected from Community Gastroenteritis Outbreak, J. Med. Virol., 90, 1411-1417, 2018
- 26) Okitsu S, Hikita T, Thongprachum A, Khamrin P, Takanashi S, et al. : Detection and Molecular Characterization of Two Rare G8P[14] and G3P[3] Rotavirus Strains Collected from Children with Acute Gastroenteritis in Japan, Infect. Genet. Evol., 62, 95-108, 2018
- 27) Tsugawa T, Fujii Y, Akane Y, Honjo S, Kondo K, et al. : Molecular Characterization of the First Human G15 Rotavirus Strain of Zoonotic Origin from the Bovine Species, J. Gen. Virol., doi:10.1099/jgv.0.001581, 2021