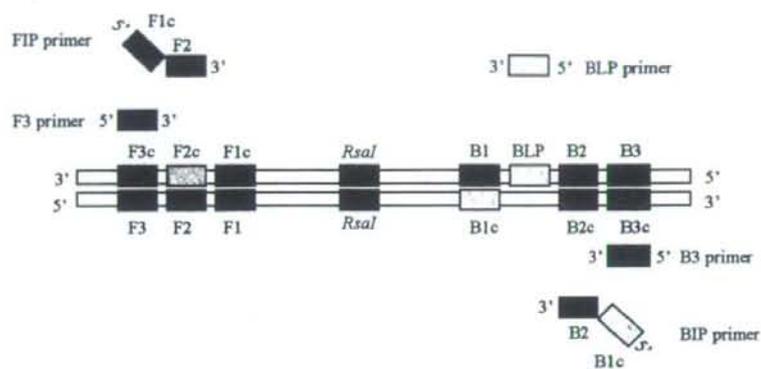


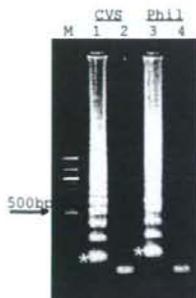
表 4. Sensitivity of RT-LAMP and RT-PCR using of CVS primers

copy no ¹⁾	RT-LAMP ²⁾			RT-PCR ³⁾		
	exp 1	exp 2	exp 3	exp 1	exp 2	exp 3
10 ⁸	+	+	+	+	+	+
10 ⁷	+	+	+	+	+	+
10 ⁶	+	+	+	+	+	+
10 ⁵	+	+	+	+	+	+
10 ⁴	+	+	+	+	+	+
10 ³	+	+	+	-	-	-
10 ²	-	-	-	-	-	-

- 1) Copy number of synthetic viral RNA (1x10³copy/ul) transcribed from the N-gene of CVS-11 strain inserted into the pGEM-T-Easy.
- 2) CVS primer sets designed based on the N-gene sequence of CVS-11 strain was used.
- 3) C-F3 and C-B3 primers of the CVS primer set were used for the RT-PCR reaction (Table 2).

图 1. 靶基因上的引物位置。





⊠ 2. Specificity of RT-LAMP products. RT-LAMP products amplified from RNA extracted from CVS-11 infected cells (lane 1) and the brain sample from the Kyoto patient (lane 3) were digested with *RsaI* (lanes 2 and 4). DNA size marker (lane M) were run simultaneously. White asterisk shows target product for sequencing.

厚生労働科学研究費補助金（新興再興感染症研究事業）
分担研究報告書

アジアの研究機関との連携におけるラボラトリーネットワークの強化に関する研究
狂犬病ウイルスの分子疫学に関する研究

研究分担者	井上 智	国立感染症研究所・獣医科学部	室長
研究協力者	山田章雄	国立感染症研究所・獣医科学部	部長
	黒田 誠	国立感染症研究所・病原体ゲノム解析研究センター	室長
	関塚剛史	国立感染症研究所・病原体ゲノム解析研究センター	研究員
	野口 章	国立感染症研究所・獣医科学部	主任研究官
	杉浦尚子	国立感染症研究所・獣医科学部	研究生
海外研究 協力者	Bordbaatar	国立感染症研究所・獣医科学部	研究生
	Bazartseren		
	Nguyen Thi Kieu Anh	The National Institute of Hygiene and Epidemiology, Hanoi (NIHE)	Laboratory Chief
	Beatriz Quiambao	Research Institute for Tropical Medicine	Head of Rabies Team
	Qing Tang	Institute for Viral Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention (China CDC)	Professor

研究要旨 本研究では、アジアの CDC 機能を持つ国立の研究機関等との連携による狂犬病ウイルスの最新のゲノムデータベース構築とこれを活用した分子疫学的解析手法の開発を目的とした。今回、アジアで流行している狂犬病ウイルスの分子疫学的解析をフルゲノムで可能とするために必要となる増幅プライマーの設計とこのプライマーを利用して実験株 (CVS-11 株) と野外株 (フィリピン由来株) のフルゲノムシーケンスを行った。現在、委託研究を行っているフィリピンの熱帯医学研究所 (RITM)、ベトナムの国立衛生疫学研究所 (NIHE)、中国の疾病制御センター (China CDC) の狂犬病研究部とともにゲノムデータを利用した診断用プライマーの設計、分子疫学データベース構築についてラボラトリーネットワークの強化を行っている。

A. 研究目的

世界では毎年 55,000 人が狂犬病で死亡

し、その 56%がアジア諸国の地方都市や
辺境地で発生している。また、毎年世界
中で 2億 5,000 万人が狂犬病ウイルスの

感染にさらされ、800~1,000万人が曝露後予防(PEP:post-exposure prophylaxis)を受けているとも言われている。

アジアでは、患者の95%以上がイヌの咬傷が原因で発症しており、15歳以下の子供が30~50%を占めている。2005年7月に上海で開催されたAsian Rabies Expert Bureau (AREB)の会議報告によると、2004年の狂犬病発生率の幅は、タイの0.03/10万人からインドの2-3/10万人となっている。インドは狂犬病の発生率と人口数を考えれば明らかに世界の狂犬病患者発生国である。また、2004年は中国で2,651人、フィリピンで248人、インドネシアで99人、スリランカで97人、ベトナムで81人、タイで19人が狂犬病で死亡したと報告されている。中国は、1998年来、急激に増加傾向にあり、ここ数年感染症による死亡者の1位が狂犬病となっている。

アジアにおける狂犬病対策の課題として、各国で流行している狂犬病ウイルスの実験室内診断システムが確立していないため、流行原因となっているウイルス株の疫学解析が十分に行えていないことである。

そこで、本研究では、アジア各国のCDC機能を持つ国立の研究機関等と狂犬病ウイルスのラボラトリーネットワークを構築して狂犬病ラボ間で情報と技術の共有と、ネットワーク参加ラボとの連携によるアジア広域の狂犬病分子疫学解析を目的とした。

B. 研究方法

本研究の目的は、アジアのCDC機能を持つ国立の研究機関等と連携して、各地域で流行している狂犬病ウイルスの分離、

分離ウイルスの遺伝子配列決定、これを利用した最新のゲノムデータベース構築である。

- (1) 狂犬病の疫学情報、ウイルス分離、ゲノム情報、診断システム等について連携協同研究を効果的に行うために、委託研究先であるフィリピンの熱帯医学研究所(RITM)、ベトナムの国立衛生疫学研究所(NIHE)、中国の疾病制御センター(China CDC)の狂犬病の狂犬病専門家とラボラトリーネットワーク構築に関する研究打ち合わせを行った。
- (2) アジアで流行している狂犬病ウイルスの分子疫学をフルゲノムで解析可能とするために必要な増幅プライマーの設計を行い、実験株と野外株についてフルゲノムシーケンスを試みた。

プライマーデザイン: データベース(GenBank)に登録されている5つのフルゲノムデータ(HEP-Flury(AB085828)、SAD B19(M31046)、SAG 2(EF206719)、PV(M21634、M13215))を利用して株間で最も変異の少ないコンセンサス領域を利用して42個のプライマーを作成した(Table 1)。作成したプライマーのゲノム上における位置と増幅方向をFig. 1に示した。

フルゲノムシーケンス: フルゲノムシーケンス用に作成した42個のプライマーを利用して実験株(CVS-11株)のゲノムシーケンスを行った。また、野外で流行している狂犬病ウイルスに対して作成

したプライマーが有効であるかを
確認するために 2006 年に京都で
発症した患者から分離されたフィ
リピン由来野外株（街上毒）のフ
ルゲノムシーケンスを試みた。シ
ーケンス方法の概要を Fig. 2 に略
記した。

- (3) RITM と連携してフィリピンで分
離されたウイルスの N 遺伝子につ
いて全長の塩基配列決定を行い、
GenBank の登録データを利用して
狂犬病ウイルス N 遺伝子の系統樹
解析を試みた。

C. 研究結果

- (1) 委託研究を進めている RITM、
NIHE、China CDC の狂犬病専門
家とラボラトリーネットワーク
構築に関する研究打ち合わせを
行い、各国で流行している狂
犬病の疫学情報および分離ウ
イルスのゲノム情報等の解析を
可能とした。

平成 20 年 4 月 8 日 - 12 日

ベトナム、ハノイで NIHE の狂
犬病専門家チームと情報交
換：近年のベトナムにおける
狂犬病の流行拡大の現状と課
題について情報交換を行った。
(山田、井上)

平成 20 年 4 月 22 日 - 27 日

ベトナム、ハロンベイで開催
された「ASEAN plus Three ワ
ークショップ」に参加：NIHE
および中国 CDC の狂犬病専門

家と本研究に関わる委託研究
および研究協力について打ち
合わせを行った。同時にアジ
ア諸国参加国における狂犬病
流行の現状把握と情報共有を
行った。

(井上)

平成 20 年 9 月 14 日 - 19 日

ベトナム、ハノイ NIHE の狂犬
病担当リーダーである
Dr. Kieu Anh 博士の研究室に
短期滞在：流行拡大している
狂犬病の診断系の確立とウ
イルス株の分子疫学的解析につ
いて協同研究の展開・方向性
について打ち合わせを行った。
(井上)

平成 20 年 11 月 30 日 - 12 月 6
日

フィリピン、マニラ RITM の狂
犬病研究グループを訪問：狂
犬病部門長 Dr. Quiambao と実
験室内診断系の開発および流
行ウイルス株の分子疫学解析
法の確立に関する研究打ち合
わせを行った。
(井上)

補) フィリピン、ベトナム、
中国における狂犬病の最近の
疫学情報等については託研究
を行っているフィリピンの熱
帯医学研究所 (RITM)、ベトナ
ムの国立衛生疫学研究所
(NIHE)、中国の疾病制御セン
ター (China CDC) の狂犬病研
究部による委託研究報告を参
照されたい。

- (2) CVS 株のシーケンス決定: 狂犬病ウイルス実験株 (CVS-11、CVS-26) を利用してフルゲノムシーケンスを行った。準備したフルゲノム増幅用プライマーは CVS 実験株の配列決定を行えることが示された (Fig. 3)。

狂犬病野外株 (街上毒) のシーケンス決定: 実験株のゲノム増幅に有効なプライマーセットは街上毒のゲノム増幅にも使用可能であることが示された (Table 2) (Fig. 4)。

- (3) フィリピンで分離された狂犬病ウイルスは複数の亜系統に分かれ、他国で分離された株とは明らかに異なる系統群に分類できることが示された (Fig. 5)。しかしながら、GenBank にはアジア地域で分離された狂犬病ウイルス N 遺伝子全長塩基配列データ登録が極めて少ないため広域な分子疫学的比較系統解析が十分に行えていない。

D. 考察

本研究では、アジアの CDC 機能を持つ国立の研究機関等との連携による狂犬病ウイルスの最新のゲノムデータベース構築とこれを活用した分子疫学的解析手法の開発を目的とした。

しかしながら、GenBank に登録されている狂犬病ウイルスのゲノムデータは各研

究者が設計したプライマーによって増幅された一部の塩基配列であることが多いため、登録データを共有しても統一的なゲノムの比較解析が十分に行えなかった。

特に、アジア地域の狂犬病ウイルスについてのゲノム情報は希少であり、流行原因となっているウイルス株の分子疫学的な解析が十分に行えない課題が明らかとなった。

今後、狂犬病のラボラトリーネットワークの構築を行い狂犬病ラボ間でのゲノム情報と分子遺伝学的解析技術の共有が進むと、アジア各国で流行している狂犬病ウイルス変異株の遺伝子診断と分離株に対する分子疫学的比較解析が可能になる。

また、我が国で懸念される輸入狂犬病の発生時には由来が不定のウイルスを正しく特定する必要があり、ラボラトリーネットワークで得たウイルスゲノムデータを利用した診断用プライマーの作成と変異ウイルス株の分子疫学的比較解析は発生事例における迅速診断や輸入経路・感染源動物の特定に大変有効であると考えられた。

E. 結論

本研究では、アジアの CDC 機能を持つ国立の研究機関等との連携によるアジアの狂犬病ラボラトリーネットワーク構築を目的としている。

現在進めているフィリピンの熱帯医学研究所 (RITM)、ベトナムの国立衛生疫学研究所 (NIHE)、中国の疾病制御センター (China CDC) 狂犬病研究部との連携研究は最新の狂犬病ウイルスゲノムデータを利用した診断用プライマーの設計、分子疫学データベース構築を可能にして

アジアの狂犬病ラボラトリーネットワークの強化に大変効果的である。

F. 健康危機情報
特になし

G. 研究発表

1 論文発表

- (1) Kojima, D., Chun-Ho, P., Yusuke, S., Inoue, S., Noguchi, A. and Toshifumi, O. 2008. Pathology of the Spinal Cord of C57BL/6J Mice Infected with Rabies Virus (CVS-II Strain). J.V.M.S. [in press]

2 口頭発表

- (1) Inoue, S. Rabies in Japan. Session 4: Country reports on rabies surveillance, prevention and control, legislation and policies developed, IEC, multi-sectoral collaborations and community-based model in human and animals. Workshop on strengthening cooperation and sharing information on rabies among ASEAN plus three countries. The ASEAN plus three Emerging Infectious Diseases Programme. 23-25 April 2008, Ha Long, Vietnam.
- (2) Inoue, S. and Bazartseren, B. Rabies in Japan. Meeting Salon of The State Central Veterinary Laboratory (SCVL). 22 September 2008, Ulaanbaatar, Mongol.
- (3) Inoue, S. Rabies in Japan. Diagnostic skill and advanced

methods (2nd technical conference). 26 September 2008, Ulaanbaatar, Mongol.

- (4) Orbina, J.R.C., Bajaro, J.D.P., Kamigaki, T., Noguchi, A., Inoue, S., Manalo, D.L., Demetria, C.S., De Guzman, A.S., Quiambao, B.P., Segubre-Mercado, E.M., Saito, M., Suzuki, A., Lupisan, S.P., Olveda, R.M., and Oshitani, H. Molecular epidemiology of rabies in the Philippines. Establishment of methods and preliminary results. The launching of the Tohoku University-RITM collaborating research center for emerging and reemerging infectious diseases. RITM Auditorium. 20 October 2008, Manila, Philippines.
- (5) Kaku, Y., Noguchi, A., Okutani, A., Hotta, K., Bazartseren, B., Yamada, A. and Inoue, S. Inhibition of rabies virus growth by intrabody against phosphoprotein in mouse neuroblastoma cells. 42nd joint working conferece on viral diseases and satellite meeting. US-Japan Cooperative Medical Science Program. 26-28 May, 2008. Nagasaki, Japan.
- (6) Medina, P.B., Acosta, L.P., Jarilla, B., Demetria, C.S., Malbas, F., Inoue, S. and Manalo, D.L. Development of local rabies fluorescent isothiocyanate conjugate (FITC) for direct antigen detection by fluorescent microscopy (FAT)

(Preliminary results). Asian
D Federation of Laboratory
Animal Science. 27-29 September,
2008. China.

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得 なし
2. その他 なし

Table 1. 狂犬病ウイルスのゲノム増幅用プライマーセット

primer name	seq	mer	GC %	Tm	position	length of amplicon
RV-1F	CTACAAATGGATGCGGCAAGATGT	25	44.00	62.239	66	892
RV-1R	CCCACTCAAGGCTATGTAAGCGAAG	25	56.00	65.654	958	
RV-2F	GACTGGTAACTATAAGCAACACTTC	27	37.04	59.316	541	1034
RV-2R	CCCATCTCAAGATCGCCAGACCGGG	25	64.00	69.756	1575	
RV-3F	CTCCGCTTCACTAGGCTTGGCTGGG	25	56.00	65.654	934	1187
RV-3R	TGAGCGATCTCAGCTCCYAGTATAG	26	50.00	63.288	2121	
RV-4F	AGCCGGTCTTGGCGATCTTGGAGATG	25	60.00	69.142	1549	1053
RV-4R	GCGGTTGGAGCCACAGCTCATCG	24	58.33	63.104	2802	
RV-5F	TGATCTATCAGTGGAGGCTGAGATCGC	27	48.15	63.441	2092	964
RV-5R	CTGAAGAGACATCTCAACACCATAG	24	45.83	58.952	3056	
RV-6F	ATGRCGATGACCTGTGGCTTCACCT	25	52.00	62.751	2575	1126
RV-6R	CATATCTGGGCTGAGCGGCGCTCTTC	26	57.69	67.485	3701	
RV-7F	CTATGGCTGACATGCTCTCTTAG	24	45.83	58.952	3033	1064
RV-7R	CCCATGTTCCATCCATAAGTCTAAG	25	44.00	59.653	4097	
RV-8F	GAGATGGCGGGTGGCCCGAGATATG	26	57.69	67.485	3676	865
RV-8R	CCAACAACTCCATATGTTCCYGGAGG	26	50.00	62.632	4541	
RV-9F	GGCTTGGAAAAGCATATACCATAATTC	27	37.04	59.376	4304	1154
RV-9R	TCAATAGGCTCATGATACCCCTCTCC	28	42.31	59.824	5458	
RV-10F	CTCTCGCAACATATGGAGTTGTTGG	27	50.00	62.632	4516	1284
RV-10R	GACTTGGAAATGAAATGGGCCAAGTCC	26	46.15	62.662	5800	
RV-11F	TGTCCGCAACATCTTGGAGAACTC	24	50.00	63.233	5498	1042
RV-11R	GGTCCGCCAATGCTGTAAACAGC	24	58.33	64.908	6540	
RV-12F	GACTTGGCCATTTCTATTCCAAATCC	26	46.15	62.662	5775	1333
RV-12R	AATCTTAGATTCOCATGACATTAGAGC	26	34.62	57.891	7108	
RV-13F	TGGCTGTTACAGGCAATTGGGGGAC	25	56.00	66.432	6515	1101
RV-13R	AAGCTGGTGTCTGCTTGGCTTAGT	25	48.00	64.476	7616	
RV-14F	CTCTAAATGTCTATGGAAATTAAGAT	25	36.00	57.143	7083	866
RV-14R	AGATTGAGATGTTTCTCCCACTGT	24	45.83	63.345	7949	
RV-15F	TACTACTCTAAGGAGACAACTAGGT	25	48.00	63.718	7591	841
RV-15R	CAGGATTCCTCTCTGAAACTCTGA	24	50.00	63.118	8432	
RV-16F	AGATTGGCAACACTCTCCAAATCT	24	45.83	63.345	7926	1102
RV-16R	TGAAAGAGTTTATAGATTTCTTTAAAGC	27	29.63	56.765	9028	
RV-17F	TCAGAGTTTGGAGAGCAATCTCTG	24	50.00	63.118	8409	1187
RV-17R	ACTAAGATTGATATATAAGCCCTGG	26	42.31	60.458	8596	
RV-18F	TGGTTAAAGAACTATAAACCTGGTTC	27	29.63	56.550	9001	1259
RV-18R	AGCTGCATGGGCGACTCTTTGATC	24	58.33	68.562	10280	
RV-19F	CAGCTCAGGGGGCTGTATACTCAATC	26	50.00	63.300	9566	1101
RV-19R	CTCATGATTCCTGAAAGGCGAGTGG	25	52.00	64.466	10667	
RV-20F	GATCAAGAGGTGGCCATGCGAGCT	24	58.33	68.562	10237	922
RV-20R	AAGGAAAGGACTCTCTTGCATCTCA	25	52.00	65.184	11159	
RV-21F	CCCACTGCCCTTCCAGCAATCATG	25	52.00	65.891	10841	1016
RV-21R	ATCAAGCTGATCCAGTGGATGACAG	26	46.15	63.013	11657	

Fig 1. フルゲノム増幅用プライマーのゲノム上の位置

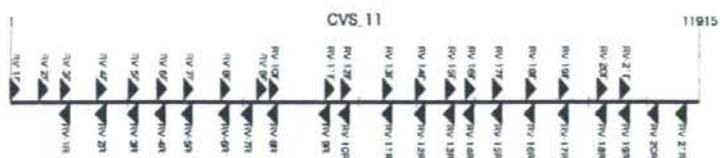
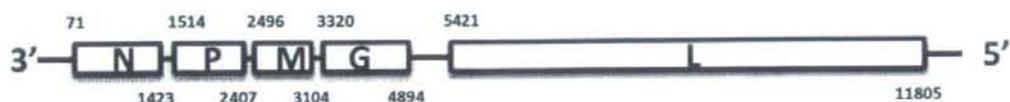


Fig 2. 狂犬病ウイルスのフルゲノムシーケンス

狂犬病ウイルスのゲノム模式図

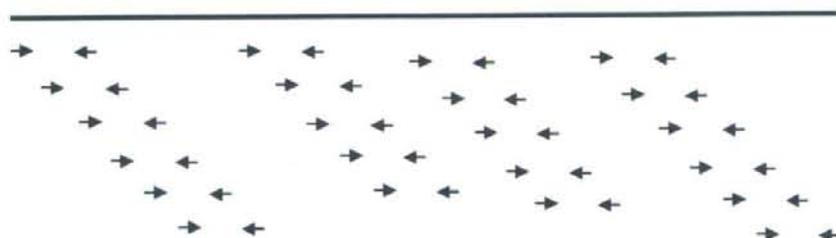


フルゲノムシーケンスの手順

1: RT-PCR



2: Direct sequencing 法による塩基配列の決定



3: RACE 法によるゲノム両末端の塩基配列決定



4: Assembleによるゲノム配列の確定

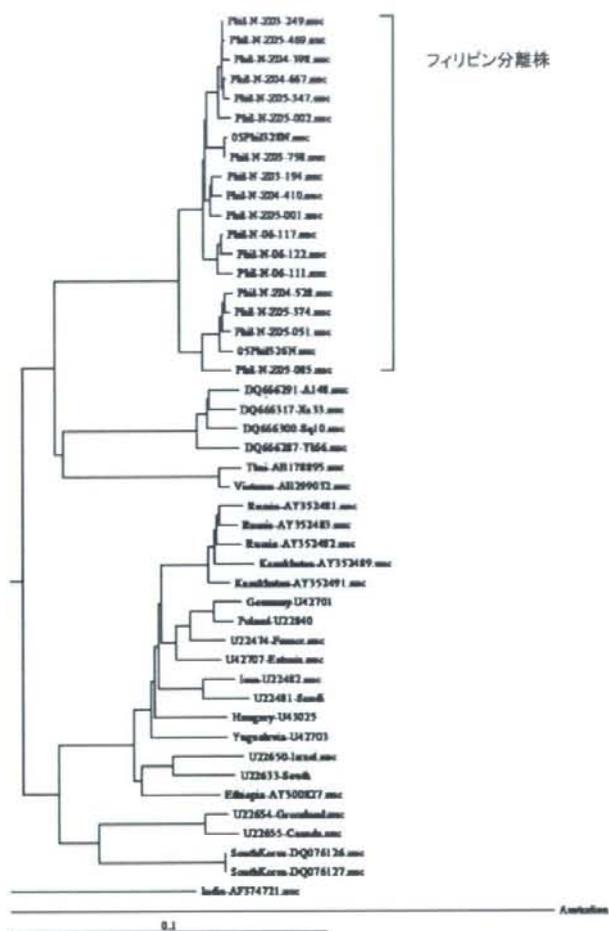


Table 2. 狂犬病ウイルス(街上毒)に対するゲノム増幅用プライマーの増幅

Program LYSSA-D (95°C 30sec, 50°C 20sec, 72°C 60sec)

	1533	958	1575	2121	2602	3056	3701	4097	4541	5458	5800	6540	7108	7616	7949	8432	9028	9596	10290	10967	11159	11887	
	304	RV-1R	RV-2R	RV-3R	RV-4R	RV-5R	RV-6R	RV-7R	RV-8R	RV-9R	RV-10R	RV-11R	RV-12R	RV-13R	RV-14R	RV-15R	RV-16R	RV-17R	RV-18R	RV-19R	RV-20R	RV-21R	
28	P1	*																					
55	JW12	*																					
66	RV-1F	***		-																			
541	RV-2F		***	-																			
934	RV-3F			-	-	-	-																
1549	RV-4F			***	**	*	*			**													
2092	RV-5F						*	-															
2575	RV-6F					**	-	**	-	**													
3033	RV-7F						***	***	***														
3676	RV-8F								***				*										
4304	RV-9F									***													
4516	RV-10F										**												
5498	RV-11F											***	-										
5775	RV-12F											***	-	*	**								
6515	RV-13F												-	***									
7038	RV-14F														**		-						
7591	RV-15F															***	*	-	*				
7926	RV-16F															***	-	-	-				
8409	RV-17F																-	-	-	-			
9001	RV-18F																***	*	-	-			
9566	RV-19F																	***	-	**	**	**	
10237	RV-20F																				-	*	
10641	RV-21F																					**	**

Fig 5. アジアで分離された狂犬病ウイルスのN遺伝子を利用した系統樹



厚生労働科学研究費補助金（新興再興感染症研究事業）
分担研究報告書

アジアの研究機関との連携におけるラボラトリーネットワークの強化に関する研究
狂犬病ウイルスの迅速抗原検出系に関する研究

分担研究者	朴 天鎬	北里大学・獣医病理学教室	
研究協力者	井上 智	国立感染症研究所・獣医科学部	
	Boldbaatar	国立感染症研究所・獣医科学部	研究生
	Bazartseren		
	杉浦尚子	国立感染症研究所・獣医科学部	研究生
	小嶋大享	北里大学・獣医病理学教室	
海外研究	野口 章	国立感染症研究所・獣医科学部	
協力者	Beatriz Quiambao	Research Institute for Tropical Medicine Head of Rabies Team	
	Catalino Demetria	Research Institute for Tropical Medicine Chief of Rabies Diagnosis Laboratory	

研究要旨 本研究は、アジアの CDC 機能を持つ国立の研究機関等との連携による狂犬病ラボラトリーネットワークの構築が到達目標である。今回、狂犬病ウイルスの迅速抗原検出法「DRIT 法(a direct, rapid immunohistochemical test)」を、実験株 (CVS11 株) 由来の組換え N 蛋白をウサギに免疫して得られた抗 N 蛋白 monospecific-polyclonal Abs (mpAbs) を利用して確立した (mpAbs-DRIT 法)。検出用 mpAbs をビオチン標識後、Streptavidin-Peroxidase と AEC 基質による発色系で狂犬病ウイルス N 抗原の検出を行った。狂犬病ウイルス感染マウス脳の塗抹標本を陽性検体として N 抗原の検出を mpAbs-DRIT 法で行ったところ、市販の蛍光標識診断用抗体と遜色なく抗原を検出できることが示された。なお、mpAbs-DRIT 法の特異性等については、フィリピン熱帯医学研究所 (RITM) 狂犬病診断チームと連携して野外での調査等を委託研究で行った。

A. 研究目的

本研究では、蛍光顕微鏡を使用せず、狂犬病ウイルスの迅速抗原検出法「DRIT 法 (a direct, rapid immunohistochemical test)」を確立することによりアジア地域で簡便かつ迅速な狂犬病ウイルスの抗原検査系を普及させることが目的である。

B. 研究方法

狂犬病ウイルスの迅速抗原検出法「DRIT 法 (a direct, rapid immunohistochemical test)」を、実験株 (CVS11 株) 由来の組換え N 蛋白をウサギに免疫して得られた抗 N 蛋白 monospecific-polyclonal Abs (mpAbs) を利用して確立した (mpAbs-DRIT 法)。検出用 mpAbs をビオチン標識後、Streptavidin-Peroxidase と AEC 基質に

よる発色系で狂犬病ウイルス N 抗原の検出を行った (Fig. 1)。

DRIT 関連参考文献

Lembo T, Niezgodna M, Velasco-Villa A, Cleaveland S, Ernest E, Rupprecht CE. 2006. Evaluation of a direct, rapid immunohistochemical test for rabies diagnosis.

Feb;12(2):310-3. Emerg Infect Dis.

Dürr S, Natssengar S, Mindekem R, Diguimbye C, Niezgodna M, Kuzmin I, Rupprecht CE, Zinsstag J. 2008. Rabies diagnosis for developing countries.

26;2(3):e206. PLoS Negl Trop Dis

C. 研究結果

狂犬病ウイルス感染マウス脳の塗沫標本を陽性検体として N 抗原の検出を mpAbs-DRIT 法で行ったところ、市販の蛍光標識診断用抗体と遜色なく抗原を検出できることが示された (Fig. 1)。

D. 考察

簡便で高価な蛍光顕微鏡を必要としない mpAbs-DRIT 法はアジア地域での狂犬病検査系として大変有効であると考えられた。

今回、RITM への委託研究によって野外検体を用いた狂犬病ウイルス抗原検出においても既存の直接蛍光抗体法と同等またはそれ以上の成績を得ている。今後は、フィリピンの RITM 狂犬病診断チームと協同して野外の検体を利用した検査

系の検証と普及が必要と考えられた。

E. 結論

本研究は、アジアの CDC 機能を持つ国立の研究機関等との連携による狂犬病ラボラトリーネットワークの構築が到達目的である。

簡便で高価な蛍光顕微鏡を必要としない mpAbs-DRIT 法はアジア地域での狂犬病検査系として大変有効である。現在、RITM 狂犬病診断チームと協同して野外での使用に耐える mpAbs-DRIT 法の改良を行っており、他のアジアの CDC 機能を持つ国立の研究機関等に普及啓発して狂犬病ラボラトリーネットワークの構築に活用することが期待された。

F. 健康危機情報

特になし

G. 研究発表

1 論文発表
なし

2 口頭発表
なし

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得 なし
2. その他 なし

Fig. 1 DRIT の染色方法概要

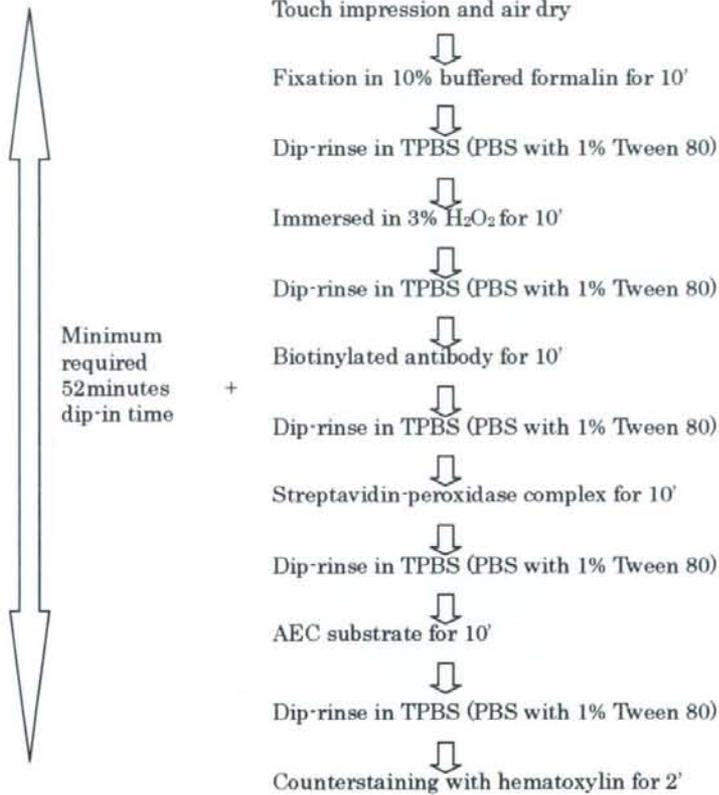
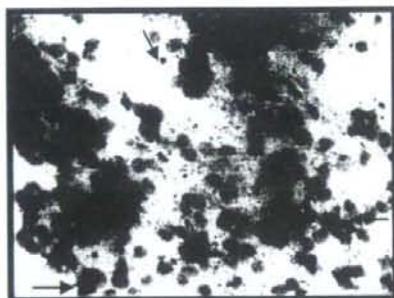


Fig. 2 DRIT の染色像

A. 陽性像



→: 狂犬病ウイルス N 蛋白の陽性を示す

B. 陰性像

