

厚生労働科学研究委託費（新興・再興感染症に対する革新的医薬品等開発推進研究事業）
委託業務成果報告（業務項目）

下痢症ウイルスの高感度検出法の確立と分子疫学に関する共同研究

担当責任者 片山 和彦 国立感染症研究所ウイルス第二部
研究協力者 岡 智一郎 国立感染症研究所ウイルス第二部
研究協力者 戸高 玲子 国立感染症研究所ウイルス第二部

カウンターパート：
Thailand NIH, Vietnam NIHE

研究要旨：本年度は、下痢症ウイルス（ノロウイルス、サポウイルス、ロタウイルス）の全ゲノム配列解析技術の研修と、配列解析の共同研究をJ-GRID拠点を通じて実施するための職員研修を中心に行った。

A. 研究目的

ヒトに感染するノロウイルス（HuNoV）、サポウイルス、ロタウイルス等の下痢症ウイルスは、毎年、我が国のみならず全世界的な流行を引き起こすため社会問題となっている。上記ウイルス感染症は、交通機関の発達によるヒトの移動がウイルスを運び、流行を引き起こすと考えられている。本研究は、我が国の近隣諸国における上記ウイルスの流行動向を調べ、アジア地域の分子疫学を推進することで、アジア地域における上記ウイルスの流行動向を把握して、予測プログラム構築に役立てる。さらに、ワクチンや、抗ウイルス薬の開発を通じて下痢症ウイルスの感染制御に貢献する。

今年度は、下痢症ウイルス（ノロウイルス、サポウイルス、ロタウイルス）の全ゲノム配列解析技術の研修と、配列解析の共同研究をJ-GRID拠点を通じて実施するための職員研修を中心に行った。今後、現地に流行株の全塩基配列を利用した時系列解析ゲノム解析を導入し、流行状況を互いに把握し、下痢症ウイルスの感染制御に結びつけることを目的とする。

B. 研究方法

1. タイNIH職員の研修

大阪大学タイJ-GRID拠点を通じ、タイNIH職員2名を受け入れた。同時にタイNIHからは下痢症ウイルス感染者の便検体48サンプルが持ち込まれた。

研修は、コンベンショナルなRT-PCRによるノロウイルス、サポウイルス、ロタウイルスの検出、次世代シーケンサーによる全ゲノム塩基配列解析を実施した。

2. ベトナムでの感染研若手職員の研修
国立感染症研究所より、岡智一郎主任研究官を、長崎大学J-GRID拠点を通じてNIHEの下痢症ウイルスセクションと地元の大学との共同研究体制の調査、協力関係樹立のために現地に約1週間派遣した。

C. 研究結果・考察

1. タイNIH職員の研修

研修は、順調に進み、48サンプルの解析が終了する予定。大阪大学J-GRID対拠点には、ライフテクノロジーズ社のイオンプロトン次世代シーケンサーが導入され、稼働している。感染研では、イルミナ社のMiSeqが稼働している。両マシンは作動原理、シーケンス原理が異なるが、データ処理手法、解析手法については共通点が多く、双方でのデータ共有が可能である。そこで、本研修では、RNA抽出からcDNAライブラリー作製、

次世代シーケンスランをMiSeqに対応した方法で行い、データを持ち帰ることにより、タイNIHに隣接した大阪大学タイ拠点のスタッフと共に配列解析ができるようにトレーニングを行うこととした。

2. ベトナムでの感染研若手職員の研修
長崎大学J-GRID拠点を通じてNIHEの下痢症ウイルスセクションと地元の大学との共同研究体制の調査、協力関係樹立のために現地に約1週間派遣した岡智一郎主任研究官により、NIHEとの共同研究がスタートすることとなった。NIHEのカウンターパートとして、J-GRIDベトナム拠点の長崎大学山城教授を通じて紹介を受けたDr. Nguyen Van Trangが対応することとなった。3者間の協議により、2000年以降にベトナムで流行したノロウイルス、サボウイルス、ロタウイルスを中心とした下痢症ウイルスの全ゲノム塩基配列解析を実施し、ベトナム国内での下痢症ウイルスの流行の変遷をレトロスペクティブに解析することとした。すでに検体の選択が始まっており、今年度中にNIHEからJ-GRID拠点を通じて感染研に検体の輸送搬入が行われる予定である。また、来年度は、カウンターパートであるDr. Nguyen Van Trangが来日し、感染研にて次世代シーケンサー（イルミナ社MiSeq）に関する研修、分子系統解析手法にかかる研修を実施する予定である。

D. 結論

従来より交流が有り、共同研究が稼働している台湾に加え、本年度は、別プロジェクトではあるが、インド国立研究所NICEDとの協力体制がスタートした。さらに、本プロジェクトで、タイNIH、ベトナムNIHEとの共同研究がJ-GRID拠点を通じて稼働し始めた。さらに、来年度は神戸大学インドネシアJ-GRID拠点が、本プロジェクトへの合流を目指している。全ての拠点が本プロジェクトに合流すると、アジア領域における下痢症ウイルスの流行とその変遷について、時系列データが収集、共有化できるようになる。また、感染研による次世代シーケンスで、ゲノム全長に渡る配列データが供給される事と成る。今後、これらのプロジェクトが、順調に推移することで、下痢症ウイルスの流行の把握、より確率の高い流行予測システムの構築に効果を発揮すると考えられる。

E. 健康危険情報

なし

F. 論文発表

なし

G. 知的財産権の出願・登録状況

なし

1. 特許取得

なし

2. 実用新案

なし