

インフルエンザウイルス分離株についての遺伝子解析

研究分担者 藤崎 誠一郎

国立感染症研究所・インフルエンザ・呼吸器系ウイルス研究センター・主任研究官

研究要旨

2020/21, 2021/22 シーズンのインフルエンザウイルス分離株について遺伝子解析を実施した。A(H1N1)pdm09 ウイルスは全て 6B.1A クレード内の 6B.1A サブクレードに属した。A(H3N2)ウイルスはクレード 3C.2a1 に属し、ほとんどは更に分岐したサブクレード 3C.2a1b.2a に属した。B 型では、Victoria 系統は全てクレード 1A.3 に属した。Yamagata 系統は報告されなかった。例年に比ベインフルエンザウイルスの検出数は減っているが、遺伝子的には抗原性部位を含め変異を蓄積していることから、ウイルス伝播の動向に注意が必要である。

A. 研究目的

国内外から流行株を収集し、それらの遺伝子配列に基づいた進化系統樹解析、抗原性および薬剤耐性アミノ酸の検出を行う。これらの結果から、特定のアミノ酸が抗原性や薬剤耐性に与える影響を解析し次シーズンの流行予測および適切なワクチン株の選定に役立てる。

B. 研究方法

2019/20, 2020/21 シーズンに国内および海外（ラオス、ミャンマー、ネパール）から収集した分離株または臨床検体について遺伝子配列を決定し、アミノ酸解析、遺伝子系統樹解析を実施した。具体的には、2019/20 シーズンには A(H3N2) を 34 株、B 型を 4 株、2021/22 シーズンには A(H3N2) を 15 株、B 型を 6 株、解析を行った（2022 年 3 月時点）。またデータベース GISAID から海外のインフルエンザウイルス塩基配列を入手し解析を行った。

（倫理面への配慮）

なし

C. 研究結果

A(H1N1)pdm09 ウイルス:HA 遺伝子系統樹上

で、近年の流行株は S183P アミノ酸置換を含む 6B.1A から派生した複数の群のうちの一つで N260D を特徴として有する 6B.1A.5a に属する。国内株は解析されていないが、海外報告株はほとんどが 6B.1A.5a.1(N129D, T185I, D187A, Q189E)または 6B.1A.5a.2(N129D, T185I, N156K, V250A, K130N, L161I, E506D)に属した。

A(H3N2)ウイルス:ほとんどの株が HA 遺伝子系統樹上の 3C.2a1 (N171K+I406V+G484E、代表株: A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016) 内の 3C.2a1b (N121K+K92R+H311Q) に属した。3C.2a1b 内では多くが、分岐した 3C.2a1b.2(T131K, V529I, K83E, Y94N, I522M)に属した。さらに、3C.2a1b.2 は 3C.2a1b.2a (K83E, Y94N, F193S, Y195F, I522M)と 3C.2a1b.2b (Q197R, S219F, V347M, E484G)に分岐した。

B 型ウイルス: Yamagata 系統は国内外含め報告されていない。Victoria 系統の分離株は、B/Brisbane/60/2008 株を代表とする V1A に属し、V1A.3 (3 アミノ酸 (162-164 位) 欠損 +K136E) 内の V1A.3a(N150K, G184E, N197D, R279K)に属する株がほとんどであっ

た。

D. 研究発表

1. 論文発表

なし

2. 学会発表

なし

E. 知的財産権の出願・登録状況

なし