

A(H5)亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスの遺伝子解析

研究分担者 高山 郁代

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

本研究は、A(H5)亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスの流行状況を把握し、日本におけるヒトでの鳥インフルエンザウイルス感染の発生に備えることを目的とし遂行した。具体的には、日本国内で鳥類から分離された A(H5)亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスの遺伝子解析を実施し、世界各地で分離されたウイルスと配列比較を行い、主に抗原性に関わる領域に変異が見られないか解析を行った。

A. 研究目的

鳥インフルエンザウイルスのヒト感染例は、日本国内では未だ確認されていないが、特に直近数年は、A(H5)亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスへのヒト感染例が、ロシア、中国、インドなどの周辺諸国で報告され、その数は増加傾向にある。そのような背景から、我が国でもヒトでの鳥インフルエンザウイルス感染の発生に備えることは一層重要となっている。本研究では、最新の国内分離株を入手し、世界各地で流行したウイルスとの間でウイルスゲノム配列の比較を行い、主に抗原性に関わる領域に変異が見られないか解析を実施するものである。

B. 研究方法

本研究では、2021/22 シーズンに日本国内で鳥類から分離された 3 ウイルス(A/chicken/Akita/7C/2021 (H5N8), A/chicken/Kagoshima/21A6T/2021 (H5N1), A/hooted crane/Kagoshima/KU-5T/2021 (H5N8))を入手し、鶏卵により増殖後、その増殖株のウイルスゲノムを次世代シーケンス法により決定した。

また、これら流行株と同 clade の最新のワクチン候補株 A/Astrakhan/3212/2020 (H5N8)も

入手し、鶏卵ならびに培養細胞で増殖後、その増殖株と受入株のウイルスゲノムを次世代シーケンス法により決定した。

本研究で得られたウイルスゲノム配列は、公共データベース上の過去の同 clade のウイルスゲノム配列と系統樹解析やアミノ酸配列比較を行った。

（倫理面への配慮）

該当なし

C. 研究結果

国内分離株 3 ウイルスの増殖株のゲノム配列については、分与元による分与株のゲノム配列情報と比較し、完全なアミノ酸変異を伴う変異は見られなかった。また、A/Astrakhan/3212/2020 の受入株と増殖株のウイルスゲノム配列の比較結果では、全部で 5 ヶ所で 2 アミノ酸の混合が検出されたが、受入株と比較して、増殖株で 20%以上混合割合が変化することはなかった。以上の結果から、ウイルス増殖によって、ウイルスの性状は変化していないと考えられた。

系統樹解析の結果から、国内分離株 3 ウイルスの HA 遺伝子は、clade 2.3.4.4 b に分類され、同時期に韓国や中国、ヨーロッパで検出された

ウイルスと近縁であった。また、clade 2.3.4.4 のワクチン候補株の中では、A/Astrakhan/3212/2020 が最も近縁であった。

アミノ酸配列を A/Astrakhan/3212/2020 と比較したところ、3～5 アミノ酸が異なっており、A/chicken/Akita/7C/2021 と A/hooted crane/Kagoshima/KU-5T/2021 では、Antigenic site B で T188I 変異が見られ、A/chicken/Kagoshima/21A6T/2021 では、Antigenic site B で E185K ならびに N189D 変異が見られた。

D. 研究発表

1. 論文発表

該当なし

2. 学会発表

該当なし

E. 知的財産権の出願・登録状況

該当なし