



岐阜大学機関リポジトリ

Gifu University Institutional Repository

東南アジアにおける狂犬病及びリッサウイルス感染症の分子疫学

| | |
|-------|--|
| メタデータ | 言語: Japanese 出版者: 公開日: 2008-03-12 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 源, 宣之 メールアドレス: 所属: |
| URL | http://hdl.handle.net/20.500.12099/511 |

東南アジアにおける狂犬病及びリッサウイルス感染症の分子疫学

はしがき

狂犬病は紀元前23世紀頃より既に人類に知られていたにも係わらず、世界における発生状況は現在も惨憺たるもので、ヨーロッパの旧西欧地域を除いてここ数十年ほとんど減少していない。むしろ増加傾向にすらある。特に東南アジアの流行は深刻であり、わが国にウイルスの侵入する恐れが増している。また、突如、狂犬病類似（リッサ）ウイルスが豪州で分離されている。このような状況の基で、東南アジア各国で流行している狂犬病ウイルスの動態を知ることは、東南アジア各国は無論のこと、それらの国々と多くの点で共有している日本にとっても防疫対策上きわめて重要である。

本研究の目的は、東南アジアで流行している狂犬病ウイルスを分子進化学的に解析し、各国内及び各国間における本ウイルスの感染環を解明し、有効な防疫対策を提案することである。また、豪州で分離されるリッサウイルスの東南アジアでの侵淫状況をいち早く検知し、これらのエマージングウイルス感染症に対する対策を講じる。

そこで、まずタイ各地より収集した狂犬病感染動物の脳組織からRT-PCRにより、N遺伝子を増幅させ、それらの塩基配列及び増幅DNAの制限酵素切断パターン(RFLP)の比較から、各地で流行している狂犬病ウイルスの動態を解析した。その結果、タイ北部、中部、南部で流行している狂犬病ウイルスは、およそ2大別され、さらに6つに細分化されていることが明らかになった。それらは、各地域独自のタイプと、北部と中部及び南部と中部にそれぞれ共通のタイプがあり、首都バンコクには種々のタイプが集まっていた。タイ東北部におけるウイルスは、他の地域のそれらと類似していたが、同じものではなく4つに分類された。そのうちの一部はラオス国境に集中していた。ついで、上記の4地域で流行している狂犬病ウイルスのG遺伝子の塩基配列を決定し、日本及び世界の代表的なワクチン製造株のそれらと比較した。その結果、タイで流行している狂犬病ウイルスのG蛋白質の推定アミノ酸は、4地域間で97～98%の高い相同性を示し、日本の人体用ワクチン株、HEP-Flury株を含む世界の代表的なワクチン株とは、90～92%で、日本の動物用ワクチン株、RC-HL株とは88～89%と、やや低いことが明らかになった。つぎに、タイ南部における野生のネズミ及びコウモリそれぞれ50例からリッサウイルス遺伝子の検出をRT-PCRで試みたが、全て陰性であった。リッサウイルスがタイに侵淫しているか否かの結論を出すためには、さらに多くの例数を調べる必要がある。

現在、インドネシアの各地から収集した140例の狂犬病ウイルスの遺伝子解析を進め

ている。インドネシアは、多くの島で構成されているので、島毎に特異な遺伝子型の狂犬病ウイルスの流行している可能性が高い。また、豪州と近い島があるので、リッサウイルスの侵淫している可能性もある。

以上の成果から、N遺伝子の解析により、タイにおける狂犬病ウイルスの動態の一部を明らかにすることが出来た。このデータから、地形を利用した特定の地域で犬に対するワクチン投与を強化することにより効率良く狂犬病の流行が止められるものと考えられた。また、G遺伝子の解析から、日本の動物用ワクチン株のG蛋白質のアミノ酸ホモロジーがやや低いことが分かり、日本のワクチンがタイの流行株に対して有効か否か、マウスでの感染防御試験などで早急に検討する必要性が示された。本課題の研究期間は2年間で、東南アジア全体の狂犬病ウイルスの動態を十分に明らかにするに至っていない。

今後、この調査の継続は、東南アジア諸国の狂犬病撲滅にとってきわめて重要である。さらに日本における狂犬病の無発生を継続させるためにも必要である。

そこで、これまでに明らかになった新しい知見を本報告書にまとめ、それらを参考にして、引き続き検討すべき多くの課題の解決に当たりたい。なお、本研究を実施する端緒となった狂犬病ウイルスの分子生物学的性状を解析した基礎的な論文を末尾に添付した。本研究を遂行するに当たり、私共の講座の大学院及び学部学生諸君のご協力を頂いた。心から謝意を表したい。

最後に、科学研究費の補助を受けて本研究が実施され、かつこの研究成果報告書をまとめることが出来たことに対して、文部科学省当局はじめ関係各位に深く感謝申し上げます。