

東南アジアにおける鳥インフルエンザ等 人獣共通感染症病原体の分子疫学情報

近年、高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）やサーズ（SARS）など動物に由来する病原体が人に感染する人獣共通感染症の事例が増加しています。動物衛生研究所では、新興・再興感染症病原体の出現監視と疫学状況把握のために文科省の「新興・再興感染症研究拠点形成プログラム」の支援を受け、タイ王国国家畜衛生研究所に研究拠点を設立し、動物のインフルエンザを中心とした人獣共通感染症の研究を行っています。

☆技術の概要

1. 高病原性鳥インフルエンザウイルス（HPAIV）や豚インフルエンザウイルス（SIV）の遺伝子の塩基配列を決定し、これまでに世界各地で分離、報告されている HPAIV や SIV の遺伝子配列と比較することによって、そのウイルスの起源を知ることが可能です。
2. タイで 2004 年から 2006 年の 3 年間に家禽と野鳥から分離された 30 株の HPAIV 遺伝子を解析して HPAIV の起源を調べた結果、1 つの起源であったウイルスが、感染の拡大とともに 3 年の間に 2 つの系統に分かれて行ったことが解りました。また、いったん野鳥に侵入した HPAIV は 1 年程度は野鳥の中で安定的に維持される可能性があることが解りました。
3. ミャンマーでは、2006 年 3 月から 2008 年 1 月の間に 3 回の HPAI の発生がありました。これら 3 回の発生の原因となったウイルスの遺伝子の塩基配列を決定し、発生原因の推定を行いました。塩基配列からみたウイルスの起源の解析結果から、これら 3 回の発生のうち、少なくとも 2 回は国外から侵入した HPAIV によることが解りました。
4. タイで 2008 年 1 月から年 3 回、1 回に 5 か所程度の農場を定期的に訪問し、SIV 分離用鼻腔スワブ 761 検体、抗体検査用血清 671 検体を採取しました。これまでに収集した鼻腔スワブから、9 株の SIV が採取されました。うち、2009 年 11 月に分離されたウイルスは、タイで初めての豚由来パンデミック（H1N1）2009 ウイルスでした。また、その他の 8 株についても、その他の国々で分離された豚インフルエンザウイルスとは異なった遺伝子背景をもった、タイに特徴的なウイルスであることが明らかになりました。

☆活用面での留意点

1. 野鳥の中で HPAIV が比較的長期間安定に維持されることが明らかにされ、HPAI 防疫対策において野鳥対策が重要項目の 1 つであることが解りました。
2. SIV は世界のそれぞれの地域で、特徴的な進化を遂げていることが解りました。また、新型ウイルスがヒトの間で大流行すると、比較的容易に豚にもそのウイルスが侵入することが解りました。



写真 タイの養豚農家での検体採取風景

（農研機構動物衛生研究所 人獣感染症研究チーム チーム長 西藤岳彦）