

医療分野国際科学技術共同研究開発推進事業
地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム（SATREPS）
令和 8 年度追跡調査結果報告書

地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム（SATREPS）は、開発途上国のニーズを基に、地球規模課題を対象とし、将来的な社会実装の構想を有する国際共同研究を政府開発援助（ODA）と連携して推進するプログラムである。様々な地球規模課題の解決、科学技術水準の向上につながる新たな知見や技術の獲得、そしてこれらを通じたイノベーションの創出を目的とする。また、その国際共同研究を通じて、開発途上国の自立的な研究開発能力の向上と、課題解決に資する持続的活動体制の構築を図る。

研究開発課題終了後一定期間経過した後、副次的効果を含めて国際共同研究の成果の発展状況や活用状況を明らかにし、事業および事業運営の改善等に資することを目的とし、本追跡調査を実施した。

1. 研究開発課題名

公衆衛生上問題となっているウイルス感染症の把握と実験室診断法の確立
（平成27年度－令和3年度）

2. 研究開発代表者（研究開発期間終了時）

- 日本側研究開発代表者：安田 二郎（長崎大学 熱帯医学研究所 教授）
- 相手国側研究開発代表者：Bertrand Lell（ガボン共和国 ランバレネ医療研究センター 共同所長）

3. 研究開発の概要（研究開発期間終了時）

本国際共同研究では、ガボンで公衆衛生上問題となっているウイルス感染症や病原体が特定されていない感染症の対策を目的とし、ランバレネ医療研究センター（CERMEL）および熱帯生態学研究所（IRET）との連携のもと、（i）既知および新規病原ウイルスの同定、（ii）これら既知・新規同定ウイルスの性状解析、（iii）ウイルス感染症の迅速診断法の開発、および（iv）ウイルス感染経路の解明などを通じて、モデル地域であるランバレネ周辺におけるウイルス感染症の実態把握と診断能力の向上を図った。

研究基盤整備として、CERMEL にバイオセーフティレベル 2/3（BSL-2/3）共同実験棟を設置するとともに、次世代シーケンサー等の先端解析機器を導入した。これにより、高病原性病原体を含む感染症の安全な取扱いと高度な遺伝子解析が現地で実施可能となり、ガボン国内における感染症研究・診断体制の強化に大きく貢献した。

感染症実態調査では、2,000 検体を超える熱性疾患患者検体および野生動物検体を解析し、デングウイルス、チクングニアウイルス、ジカウイルス、肝炎ウイルスなど多様な病原体を検出した。また、遺伝子解析および血清疫学解析を通じて、ガボン国内におけるウイルスの流行状況や侵入・感染経路を明らかにするとともに、野生動物を介した人獣共通感染症のリスク評価を行い、公衆衛生上重要な知見を蓄積した。診断技術の開発では、低資源環境でも活用可能な LAMP 法（Loop-mediated Isothermal Amplification）を用いた迅速診断法を開発し、主要な蚊媒介性ウイルスを短時間かつ高感度に検出できることを実証した。さらに、現地研究者への継続的な技術移転と教育を実施し、分子生物学的解析、血清学的検査および遺伝子解析技術の習得を支援した。その結果、現地研究者の研究遂行能力が大きく向上し、博士課程進学や独自研究の展開につながるなど、ガボンにおける感染症研究の自立的発展に寄与した。

4. 追跡調査結果

本国際共同研究の上位目標（研究開発期間終了後 5 年程度での実現を想定）は「ガボン共和国全土におけるウイルス感染症対策の向上およびウイルス性疾患で死亡する患者の減少」であり、以下の観点で研究開発期間終了後の成果の発展状況、活用状況について調査を行った。

4-1. 研究開発期間終了後も上位目標に向けた活動（研究活動のみならず関連する取組みも含む）が継続・発展しているか。

- 研究開発期間終了後、「JICA 民間連携事業（中小企業支援型）（ガボン国 ウイルス迅速検出システムに関するビジネス案件化調査）（令和 3～4 年）」、「科学研究費助成事業（中部アフリカに生息する野生動物のビローム解析による新興ウイルスの生態解明（令和 4～7 年）」等に採択され、CELMEL との共同研究を現在までも継続している。
- 研究期間中に育成されたガボン研究者である Rodrigue Bikangu 氏、Georgelin Nguema Ondo 氏は、ウイルス感染症のサーベイランスを自立的に実施できるレベルに到達し、筆頭著者として共同研究論文を発表した。
- ガボン研究者自ら研究費を申請・獲得する能力を備えられるようになり、現時点では小規模ながらも、消耗品や試薬等の調達を通じて研究活動を継続的に推進している。日本とガボンの共同研究の前例がない状況でゼロから開始し、プロジェクト終了後も現在まで活動を維持・継続している。
- 一方で、研究成果の社会実装および全国的な展開に向けては、複数の困難に直面した。研究期間中に開発したデングウイルス、チクングニアウイルス、黄熱ウイルス、ジカウイルス、エボラウイルスおよびマラリアを対象とする LAMP 法については、JICA 民間連携事業（中小企業支援型）の支援のもとでキャノンメディカル社が社会実装・普及に向けた調査を進めたものの、キャノンメディカル社がキャノンに統合され、感染症診断事業から撤退ため、中止となった。
- 2023 年のクーデター後の体制移行に伴い、一部政府機関の機能回復が十分でなく、公衆衛生政策への迅速な反映には課題が残されている。また、2017 年に設置した BSL-2/3 実験室及び機器等が経年劣化による不具合が発生しているが、現地研究機関の財政的制約により、供与機器や設備の維持・更新が困難な状況である。しかしながら、現地で確立した感染症検査体制や診断技術は現在も活用されており、感染症診断やサーベイランス研究に貢献している。

4-2. 研究成果は地球規模課題の解決に向けた科学技術の発展にも波及・貢献しているか。研究成果はどのような形で相手国に普及されているか。

- ガボンでは高病原性病原体を安全に扱うことができる設備を揃えていない状況だったが、本共同研究における共同実験棟建設及び技術移転によって、バイオセーフティレベル 3（BSL-3）病原体を安全に扱える設備と技術を備えるようになった。
- プロジェクト期間中には、ガボン側若手研究者を中心にウイルス感染症のサーベイランス法について技術移転を行った。プロジェクト終了後は、若手研究者らが指導側となり、多くの研究者へ技術移転を行っており、いまはガボン研究者だけで自立して全国レベルでのウイルス感染症のサーベイランスを実施できるようになった。
- プロジェクト期間終了後も共同研究活動は継続されており、関連する学術論文 10 報^{*1}が発表されている。デングウイルス、呼吸器ウイルス、肝炎ウイルス、蚊媒介感染症、SARS-CoV-2 など、多様

な感染症を対象とした研究成果が国際学術誌に公表されており、感染症の流行状況や病原体の遺伝学的特徴に関する知見の蓄積に貢献している。

- ガボン研究者自らサーベイランスを行い、感染症対策策定に活用する体制が構築されつつある。サーベイランスで得られたデータはガボン保健省に提供され、ガボンにおける公衆衛生上の問題点の把握と改善に向けた基礎的情報として活用されている。

4-3.日本への波及効果はあるか、または日本にとっての成果は何か。国際共同研究の実施による成果・波及効果は何か（日本と相手国の人材育成、開発途上国の自立的な研究開発能力の向上、共同研究の増加、相手国からの委託研究、など）。

- 本研究の最大の日本への成果は、これまで日本との交流が限定的であったガボン共和国との間に、感染症研究を基盤とした継続的な国際協力関係を構築できたことである。ガボンと日本の交流において、長崎大学との感染症共同研究が重要な役割を果たしており、ガボンからの留学生の増加につながっている。従来はガボンからの留学生がほとんど存在しなかったが、現在では毎年複数名が長崎大学大学院へ進学しており、日本とガボンの学術交流基盤の強化に貢献している。
- 本プロジェクトに参加していた日本側若手研究者6名、ガボン側若手研究者4名は、プロジェクト終了後、各研究機関・大学等で准教授・助教などで活躍している。ガボン共和国 IRET および CERMEL のグループは、SATREPS で得た基盤に基づき、日本の他の大学との共同研究を開始するなど共同研究が増加している。日本側の研究者も SATREPS でのフィールド研究経験を活かし、スリランカやベトナム等において研究や拠点運営を主導するなど、新たな国際研究活動へ貢献している。
- 新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の世界的な感染拡大を受け、本プロジェクトを通じて育成されたガボン研究者は、COVID-19 検査体制を運営・維持し、COVID-19 診断およびサーベイランスの中核的役割を担った。これにより、CERMEL は国内の主要な COVID-19 検査機関として機能し、ガボンの検査能力強化と感染拡大防止に大きく貢献した。

研究期間終了後に発表された当該研究開発に関連した共著論文

- Abe, H., Ushijima, Y., Amano, M., Sakurai, Y., Yoshikawa, R., Kinoshita, T., Kurosaki, Y., Yanagihara, K., Izumikawa, K., Morita, K., Kohno, S., and *Yasuda, J.: Unique evolution of SARS-CoV-2 in the second large cruise ship cluster in Japan. *Microorganisms*, 10(1), 99, 2022. IF=4.926
- Abe, H., Ushijima, Y., Bikangui, R., Ondo, G.N., Lell, B., Adegnika, A.A., and *Yasuda, J.: Delays in the arrival of the waves of COVID-19: a comparison between Gabon and the African continent. *Lancet Microbe*, 3 (7), e476, 2022. IF=86.208
- Ushijima, Y., Abe, H., Mbadinga, M.J.V.M., Ondo, G.N., Bikangui, R., Agnandji, S.T., Lell, B., and *Yasuda, J.: Re-emergence of dengue, chikungunya, and Zika viruses in 2021 after a 10-year gap in Gabon. *IJID Reg*, 5, 68-71, 2022. IF=3.623
- Ozeki, T., Abe, H., Ushijima, Y., Nze-Nkogue, C., Akomo-Okoue, E.F., Ella, G.W.E., Koumba, L.B.M., Nso, B.C.B.B., Mints-Nguema, R., Makouloutou-Nzassi, P., Makanga, B.K., Nguet, F.L.M., Ondo, G.N., Mbadinga, M.J.V.M., Igasaki, Y., Okada, S., Hirano, M., Yoshii, K., Lell, B., Bonney, L.C., Hewson, R., Kurosaki, Y., and *Yasuda, J.: Identification of novel orthonairoviruses from rodents and shrews in Gabon, Central Africa. *J Gen Virol*, 103(10), 001796, 2022. IF=5.141

- Tegally, H., San, J.E., Cotton, M., ..., Abe, H.(155), ..., Yasuda, J.(185), et al.(total 401 authors): The evolving SARS-CoV-2 epidemic in Africa: Insights from rapidly expanding genomic surveillance. *Science*, 378(6615), eabq5358, 2022. IF=63.714
- Abe, H., Ushijima, Y., Bikangui, R., Ondo, G.N., Moure, A., Yali-Assy-Oyamli, Y., Yoshikawa, R., Lell, B., Adegnika, A.A., and *Yasuda, J.: Long-term validation of a reverse transcription loop-mediated isothermal amplification (RT-LAMP) assay for the rapid detection of SARS-CoV-2 from March 2020 to October 2021 in Central Africa, Gabon. *PLoS Negl Trop Dis*, 16(12), e0010964, 2022 IF=4.781
- Abe, H., Ushijima, Y., Bikangui, R., Ondo, G.N., Pemba, C.M., Zadeh, V.R., Mpingabo, P.I., Ueda, H., Agnandji, S.T., Lell, B., and *Yasuda, J.: Genetic Diversity of Hepatitis B and C Viruses Revealed by Continuous Surveillance from 2015 to 2021 in Gabon, Central Africa. *Microorganisms*, 11(8), 2046, 2023. IF=4.5
- Bikangui, R., Boussougou-Sambe, S.T., Saidou, M., Ngossanga, B., Doumba Ndalembouly, A.G., Djida, Y., Ayong More, Beh Mba, R., Abe, H., Ushijima, Y., Borrmann, S., Lell, B., Yasuda, J., and Adegnika, A.A.: Distribution of Aedes mosquito species along the rural-urban gradient in Lambaréné and its surrounding. *Parasit Vectors*, 16(1):360, 2023. IF=4.052
- Ondo, G.N., Ushijima, Y., Abe, H., Mahmoudou, S., Bikangui, R., Nkoma, A.M., Mbadinga, M.J.V.M., More, A., Agbanrin, M.D., Pemba, C.M., Mba, R.B., Adegnika, A.A., Lell, B., and *Yasuda, J.: Genetic Diversity and Detection of Respiratory Viruses Excluding SARS-CoV-2 during the COVID-19 Pandemic in Gabon, 2020–2021. *Viruses*, 16(5), 698, 2024. IF=3.8
- Bikangui R, Parkouda S, More A, Magossou Mbadinga MV, Boussoukou IPM, Ondo GN, Nkoma AMM, Adamou R, Honkpehedji YJ, Rossatanga EG, Ushijima Y, Abe H, Lell B, Dejon-Agobé JC, Yasuda J, and Adegnika AA.: Molecular surveillance for dengue serotypes among the population living in Moyen-Ogooué province, Gabon; evidence of the presence of dengue serotype 1. *Virology*, 21(1), 141, 2024. IF=4.16

以上