

総括研究報告書

1. 研究開発課題名： インドネシアで流行している H5N1 高病原性鳥インフルエンザウイルスのパンデミックリスク評価
2. 研究開発代表者： 河岡義裕（国立大学法人東京大学医科学研究所）
3. 相手国研究代表者：ハイルル・A・ニドム（アイルランガ大学鳥インフルエンザリサーチセンター（インドネシア））
ガブリエル・ノイマン（ウイスコンシン大学マディソン校獣医学部（米国））

4. 研究開発の成果

ニドム博士らのグループは、ジャワ島東部に位置するマドゥラ島における H5N1 インフルエンザウイルスの定期的な検体採取を可能とした。また、西ジャワ州にて鳥インフルエンザが発生した場合、採取した検体をニドム博士らへ分与する関係を構築した。さらに、サーベイランス活動はジャワ島のみならずカリマンタン島にもおよび、発生した地域の農家における家禽や豚、野鳥、あるいは生鳥市場の鳥類などから検体採取を行った。今年度採取した検体のうち 120 検体と、昨年度に採取し保管していた 860 検体と合わせ 980 検体を東京大学・医科学研究所・ウイルス感染分野に送付した。また、2014 年 9 月から 2015 年 2 月にインドネシアの鳥から採取した 828 検体、および 2011 年から 2014 年の間にインドネシアにおいて採取した 70 検体および、RT-PCR 陽性を確認した 61 検体をウイスコンシン大学マディソン校・獣医学部に送付した。

東京大学・医科学研究所・ウイルス感染分野では、インドネシアから輸入した 980 検体から、インフルエンザウイルス 7 株を分離した。得られた 7 株について遺伝子解析を行ったところ、7 株とも全て 2012 年にベトナムからインドネシアに流入したと考えられている clade2.3.2 に属する H5N1 高病原性鳥インフルエンザウイルスであり、従来からインドネシアで保持されてきた clade2.1.3 のウイルスは無かった。ヘマグルチニン (HA) 以外のセグメントについても clade2.3.2 ウイルスに由来しており、clade2.1.3 ウイルスとの遺伝子交雑体は確認されなかった。また、HA やノイラミニダーゼ (NA) 遺伝子を解析した結果、レセプター特異性や薬剤感受性に関わると推測される変異は確認されなかった。

ウイスコンシン大学マディソン校・獣医学部では、インドネシアから輸入した 828 検体のうち 420 検体についてウイルス分離を試みたが、全て陰性でウイルスは分離できなかった。さらに、2011 年から 2014 年の間にインドネシアにおいて採取した 70 検体を輸入し、発育鶏卵に感染させたところ、9 検体からウイルスが分離できた。RT-PCR 法により、そのうち 6 検体がインフルエンザウイルスであることを確認した。今後、これらのウイルスについて解析を行う予定である。また、インドネシアから送付された 61 検体のインフルエンザ RT-PCR 陽性サンプルからインフルエンザウイルスの分離を試みたが、ウイルスは分離されなかった。

以上の様に、現在、インドネシアで流行している H5N1 ウイルスの遺伝子型を明らかにし、流行状況把握に貢献する成績を得た。