

平成 21 年 5 月 29 日

兵庫・大阪で発生した集団感染の患者から分離された 新型インフルエンザウイルスの全遺伝子塩基配列を解読

独立行政法人製品評価技術基盤機構
国立感染症研究所

- 独立行政法人製品評価技術基盤機構（NITE）と国立感染症研究所（感染研）は、先に解析を行った成田検疫株（5月20日付プレス発表資料参照）に引き続き、5月16日から17日にかけて兵庫県および大阪府で発生した集団感染の患者から分離された新型インフルエンザウイルス計9株について、すべての遺伝子の塩基配列を解読しました。内訳は、兵庫県下で分離されたものが5株、大阪府下で分離されたものが4株です。得られたデータは、国際塩基配列データベースに順次登録し公開しています。

（参考 URL: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genomes/FLU/SwineFlu.html>）

- 9株のウイルスの塩基配列は互いによく似ており、約1万3千個の塩基で構成されるウイルスゲノムのうち、塩基の違いが確認されたのは最大で4個所にとどまりました。これは、これまで疫学的な関連が不明であった兵庫県と大阪府の集団感染がほぼ同一のウイルスに由来するものであることを示します。両者が同一の感染者から広がったものか、もしくは、同じ時期に同じ地域から国内に流入したものであると考えられます。
- これらの塩基配列を、これまでに全遺伝子が解析されている38株の新型インフルエンザウイルス（海外株37株および先に解析を行った成田検疫株1株）と比較したところ、成田検疫株とは由来が異なるものであり、新型発生の初期にメキシコや米国南部から感染が広がったと考えられる系統と、4月下旬に米国東部とカナダで集団感染を引き起こした系統との、中間的な系統に属すると推定されました。
- 9株のウイルスはすべて、タミフル（オセルタミビル）およびリレンザ（ザナミビル）への耐性を与える変異を持っておらず、これらの薬剤がこれまでと同様に新型インフルエンザに有効であるという臨床所見を裏付けるも

のでした。

- なお、今回の解析で使ったプライマー等の情報は下記の URL で公開しています。

http://www.bio.nite.go.jp/ngac/flu_sequence_protocol.pdf

- 今後も、NITE と感染研は、新型ウイルスのゲノム解析を継続し、WHO と連携して、このウイルスがどのように変化していくかを注意深く監視する予定です。

(注1) NITE と感染研は、平成 18 年より、季節性インフルエンザのサーベイランス（監視）のための遺伝子塩基配列解析で協力関係にあり、WHO を中心とする国際的な活動に貢献してきています。また、2007 年から 2008 年にかけての流行シーズンには、オセルタミビル（タミフル）耐性ウイルスの緊急サーベイランスのため、600 株以上のウイルスについて特定遺伝子の塩基配列を短期間に解読した実績を持っています。これまでの省庁の枠組みを超えた取り組みが、今回の迅速な対応につながりました。

(注2) 新型インフルエンザの発生以来、感染研では地方衛生研究所等と協力して、RT-PCR 法による感染者の確定診断を進めてきています。一方、サーベイランスにおいて、より中長期的な観点から重要なことは、このウイルスが今後どのように変化していくかを監視することです。新型ウイルスは人にとっては全く新しいウイルスであるため、感染の拡大に伴って人の細胞に適応していく過程で、急速に変異していく可能性があります。また、既存のウイルスとの混合感染によって、予想できない急激な変化を起こすことも危惧されています。今後もゲノム解析を継続し、ワクチンへの適合性の変化、強毒化、薬剤への耐性の獲得などに結びつく変異が生じないかを注意深く監視することは、医療現場での対応はもとより、ワクチンの製造や薬剤の備蓄などの国家的な対策を進めるうえでも極めて重要です。

【本件に関する問い合わせ先】

独立行政法人製品評価技術基盤機構

バイオテクノロジー本部 奥田慶一郎 TEL: 03-3481-1933

国立感染症研究所

インフルエンザウイルス研究センター 田代真人 TEL: 042-561-0771