

平成 21 年 5 月 20 日

新型インフルエンザウイルス国内分離株の全遺伝子塩基配列を解読
－ 長期的な監視への足がかりに －

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、海外帰国者から国内で最初に分離された新型インフルエンザウイルスについて、ゲノム上のすべての遺伝子の塩基配列を解読しました。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>）
- 米国で流行の初期に分離され、米国疾病対策センター（CDC）で塩基配列が解読されたウイルスと比較したところ、全体で 16 個所の塩基が異なっていました。しかし、これまでに海外で解読されているウイルスと同じく、オセルタミビル（タミフル）には感受性であることがわかりました。
- 今回の解析にあたり、NITE と感染研では、新型ウイルスに最適化したプライマー（遺伝子の増幅と配列分析に用いられる核酸試薬）のセットを独自に設計しました。これにより、新型インフルエンザウイルスの遺伝子について塩基配列を迅速に安定して解読することが可能になりました。方法の詳細については近日中に無償で公開する予定です。
- 先週末より関西地方で発生した感染者のウイルスについても、現在感染研で分離作業を進めています。これらを含めて、今後も新型ウイルスの塩基配列の解読を継続し、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こととしています。

(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ました。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 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、予期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