

Title of dissertation			
Genetic Diversity and Detection of Respiratory Viruses Excluding SARS-CoV-2 during the COVID-19 Pandemic in Gabon, 2020–2021			
RONPAKU Fellow			
Name	Georgelin Nguema Ondo		
Position	Researcher	ID No.	R12110
Department	Research Laboratory		
Institution	Lambarene Medical Research Center	Nationality	Gabonese
Japanese Advisor			
Name	Jiro YASUDA		
Position	Professor	Institution	Institute of Tropical Medicine, Nagasaki University

Georgelin NGUEMA ONDO 論文内容の要旨

主 論 文

Genetic Diversity and Detection of Respiratory Viruses Excluding SARS-CoV-2 during the COVID-19 Pandemic in Gabon, 2020–2021

COVID-19 パンデミック期間中（2020 年から 2021 年）のガボンにおける SARS-CoV-2 以外の呼吸器ウイルスの検出とそれらの遺伝的多様性

Georgelin Nguema Ondo, 牛島 由理, 阿部 遥, Saïdou Mahmoudou, Rodrigue Bikangui, Anne Marie Nkoma, Marien Juliet Veraldy Magossou Mbadinga, Ayong More, Maradona Daouda Agbanrin, Christelle M. Pemba, Romuald Beh Mba, Adegnika Ayola Akim, Bertrand Lell and 安田 二郎

Viruses • 16/698(1-17) • 2024

doi: 10.3390/v16050698

長崎大学大学院医歯薬学総合研究科新興感染症病態制御学系専攻

（主任指導教員：安田二郎教授）

緒 言

急性呼吸器感染症（ARI）は最も一般的な疾患の一つであり、世界中で感染症による死亡の主な原因となっている。新型コロナウイルス感染症（COVID-19）に代表されるように、呼吸器ウイルスは深刻な流行を引き起こす可能性があるが、COVID-19 パンデミック発生以降、COVID-19 以外の呼吸器感染症はあまり注目されなくなっている。しかしながら、サブサハラアフリカ諸国においては呼吸器感染症による死亡率が他地域より高いことから、ARI は公衆衛生上の主要な問題となっている。

中部アフリカのガボン共和国では、ARI を対象とした調査報告は 2011 年の過去 1 件のみであり、近年の ARI 原因病原体についてはほとんど明らかでない。本研究は、COVID-19 パンデミック中のガボン共和国における

COVID-19 以外の ARI を調査することを目的としている。

対象と方法

2020 年 3 月から 2021 年 7 月にかけて、ガボン共和国の首都リーブルビルを含む 6 都市において、以下のいずれかの条件を満たす COVID-19 疑い例から鼻咽頭スワブ検体を採取した。(A) COVID-19 感染地域に滞在後 14 日以内に呼吸器症状を示した人、もしくは、(B) 医師により COVID-19 疑い例と診断された入院患者。スワブ検体はウイルス RNA 抽出後に検査機関において COVID-19 診断に使用され、COVID-19 陰性と診断された検体 582 検体を本研究で使用した。18 種類の呼吸器ウイルスについて RT-qPCR 法により検出後、陽性検体から RT-PCR 法によりウイルスゲノム断片を増幅し、ゲノム配列解読を行った。得られたゲノム配列については系統樹解析を行い、ウイルスの遺伝型を決定するとともにガボン共和国へのウイルス侵入経路を推定した。ウイルス量が多い検体については次世代シーケンサーを用いてゲノム配列データを取得し、CLC Genomics Workbench ソフトウェアを用いて全長ゲノム配列を同定した。

結 果

ウイルス検出試験の結果、582 検体中 156 検体 (26.8%) から以下のウイルスを検出した。エンテロウイルス (20.3%)、ヒトライノウイルス(HRV)(4.6%)、季節性ヒトコロナウイルス OC43(1.2%)、ヒトアデノウイルス (0.9%)、ヒトメタニューモウイルス(hMPV)(0.5%)、インフルエンザ A ウイルス(IAV)(0.3%)、ヒトパラインフルエンザウイルス(0.5%)。ウイルス感染者の男女比や年齢構成において、有意差は認められなかった。ウイルスの遺伝的多様性と感染経路を明らかにするために系統樹解析を行った結果、本研究で検出された IAV 株は米国で分離された株と遺伝的に近縁であり、また hMPV 株は A2b サブタイプに属しケニア検出株と近縁であった。また、HRV は非常に多様性が高く、本研究では 11 の HRV 遺伝型を検出した。さらに、本研究ではガボン共和国で検出された HRV、IAV、hMPV の全長ゲノム配列を初めて解読した。

考 察

本研究のウイルス陽性率(26.8%)は、2011 年の前回調査(61.4%)や近隣国の ARI 調査(65.4%)と比較して顕著に低かった。この要因として、本研究では 18 歳以上の成人からの検体が 8 割以上を占めていたが、前回調査や他地域での調査は 5 歳以下の幼児に焦点を当てていることが挙げられる。さらには、COVID-19 パンデミックに関連した衛生意識の向上により感染症患者数が減少したという報告もあることから、COVID-19 パンデミックがガボン共和国における ARI 症例数に関与している可能性も考えられる。また系統樹解析の結果から、いくつかの HRV 株はカメルーン検出株と、hMPV 株はケニア検出株と近縁であることが判明し、アフリカ近隣国からのウイルス侵入の可能性が考えられた。本研究ではガボン共和国で初めて IAV のゲノム解析を行ったが、本研究検出株は米国 IAV 株と非常に近縁であることが判明し、この長距離の感染経路の解析は今後の課題である。本研究結果は、ガボン共和国における近年の ARI の原因を知るうえで貴重な情報であり、効果的な対策に貢献することが期待される。