



吸血性節足動物を対象としたウイルス探索

研究者所属・職名 :
人獣共通感染症リサーチセンター・教授

ふりがな さわ ひろふみ

氏名 : 澤 洋文

主な採択課題 :

- [新学術領域研究\(研究領域提案型\)「吸血性節足動物・被吸血動物の内蔵性ウイルスエレメントの網羅的検索と機能解析」\(2016-2020\)](#)
- [基盤研究\(B\)「新規高効率ウイルス探索法を用いた人獣共通感染症の疫学調査」\(2012-2015\)](#)
- [基盤研究\(B\)「Virome解析による中南米・東南アジアに潜在する病原性ウイルスの探索」\(2016-2019\)](#)

分野 : ウイルス学、細胞生物学

キーワード : ウイルス、吸血性節足動物、共生微生物、ゲノム、

課題

- なぜこの研究をおこなったのか？ (研究の背景・目的)

蚊やマダニなどの吸血性節足動物は、ウイルス・細菌・寄生虫とさまざまな病原体を媒介するだけでなく、多種多様な微生物を保有している。蚊やマダニが保有するウイルスを調べることで、多様なウイルスと節足動物の関係が理解できる。しかし、ウイルスを網羅的に解析する手法は発展途上であるため、吸血性節足動物が持つウイルスの全容解明にはほど遠い。そこで、従来から用いられているRT-PCR法と、近年活発に利用されている次世代シーケンサーを組み合わせたウイルス探索を実施している。

- 研究するにあたっての苦労や工夫 (研究の手法)

日本国内外でマダニと蚊を採集し、RNAウイルス遺伝子を広範囲に検出するRT-PCR法を用いてスクリーニングした。ウイルス陽性のサンプルを次世代シーケンサーを用いて解析し、マダニ・蚊が保有するウイルスを網羅的に検出した。野外調査の例に漏れず、天候だけでなく、現地の治安や習慣に振り回されながらサンプリングを行った。



図1 南米で採集したマダニ



吸血性節足動物を対象としたウイルス探索

研究成果

●どんな成果がでたか？どんな発見があったか？

アフリカ南部に位置するザンビア共和国で採集したメス蚊から、アルボウイルスであるウエストナイルウイルス(Orba et al. Transbound Emerg Dis.2018)、シンドビスウイルス、レオウイルスを分離すると共に、新規のフラビウイルス、アルファウイルス(Torii et al. Virus Res. 2018)、および多種のブニヤウイルスを新たに同定した。同国で採取したマダニからは新規のフレボウイルス(Matsuno et al. J Virol. 2014)を同定した。

また、ザンビアに生息する7種の蚊のゲノムに、それぞれ異なる蚊特異的フラビウイルス(ISFs)遺伝子の一部が内在化していることを明らかにした。系統解析の結果、蚊種特異的に進化し共存していたISFsが宿主蚊ゲノム内に内在したことが示唆された。

人獣共通感染症リサーチセンターの大場講師、獣医学研究院の松野特任講師らと共に南米のボリビア共和国を2回にわたり訪問し、吸血節足動物を採集した。採集したメス蚊からは、新規のフラビウイルス3種、ブニヤウイルス6種を同定し、マダニからは2種のフレボウイルスを同定した。

また、日本国内では、マダニから新規フレボウイルス2種の分離培養に成功した (Matsuno et al. mSphere 2018 & Torii et al. Ticks Tick-borne Dis. 2019)。我々が発見したのも含め、世界各地のマダニから検出されるフレボウイルスを系統解析したところ、マダニとの共進化を示唆する結果が得られた。

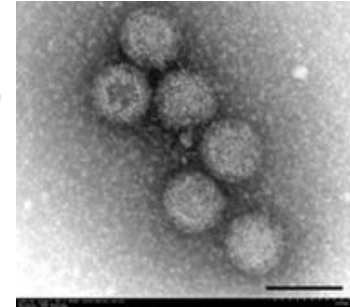


図2 ザンビアで採集した蚊から単離したオルビウイルスの電子顕微鏡像。

今後の展望

●今後の展望・期待される効果

今後も引き続き多種多様なウイルスが蚊やマダニに潜んでいることを明らかにしていく。また、蚊に内在化したフラビウイルスや、マダニと共進化しているフレボウイルスのように、宿主である節足動物と深く関わりながら存在しているウイルスが、節足動物にどのような影響を与えているのかを解明したい。

さらに、これら節足動物の保有するウイルスから、病気の原因となるウイルスが出現する仕組みが分かれば、将来の新規ウイルス感染症のアウトブレイクを予測できると期待される。

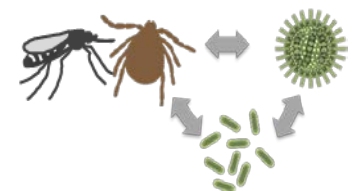


図3 吸血性節足動物(蚊・ダニ)、ウイルス、細菌の共生関係を解明する