

調査研究終了報告書

研究分野：保健

調査研究名	インフルエンザウイルスの流行株の遺伝子レベルでの解析
研究者名（所属） ※ O印：研究代表者	○世良暢之，江藤良樹，中山志幸，石橋哲也，千々和勝己（ウイルス課）
本庁関係部・課	保健医療介護部保健衛生課
調査研究期間	平成18年度－19年度（2年間）
調査研究種目	1. <input type="checkbox"/> 行政研究 <input checked="" type="checkbox"/> 課題研究 <input type="checkbox"/> 共同研究（共同機関名：） <input type="checkbox"/> 受託研究（委託機関名：） 2. <input checked="" type="checkbox"/> 基礎研究 <input type="checkbox"/> 応用研究 <input type="checkbox"/> 開発研究 3. <input type="checkbox"/> 重点研究 <input checked="" type="checkbox"/> 推奨研究 <input type="checkbox"/> ISO推進研究
ふくおか新世紀計画 第3次実施計画	柱：いきいきと暮らせる安全・安心な社会づくり 大項目：健やかに暮らせる社会づくり 小項目：県民の健康くらしづくり
福岡県環境総合基本計画 （P20,21）※環境関係のみ	柱： テーマ：
キーワード	①インフルエンザウイルス ②薬剤耐性変異 ③抗原変異
研究の概要	
<p>1) 調査研究の目的及び必要性 インフルエンザウイルスは高い頻度で変異するため、インフルエンザ流行の規模、インフルエンザワクチンの効果並びに抗インフルエンザ薬の効果も流行地域や株毎に異なる可能性がある。そのため、本県におけるインフルエンザウイルス株の遺伝子配列を決定し、抗原性や薬剤耐性変異を解析することにより、インフルエンザ流行対策に有用な情報、薬剤耐性インフルエンザウイルス出現に対する監視体制の整備を行い、危惧されているインフルエンザウイルス変異株に対する迅速な対応体制を確立することを目的とした。</p>	
<p>2) 調査研究の概要 インフルエンザ患者より採取された咽頭材料からウイルス分離を行い、その分離株の性状を遺伝子解析により行った。抗原性の解析には赤血球凝集素（HA）遺伝子の系統樹解析を行い、またオセルタミビル及びザナミビルに対する薬剤耐性の解析には、薬剤耐性の獲得に重要であると報告されているノイラミニダーゼ（NA）の耐性変異（119、198、274、292、294番目のアミノ酸変異）の有無を調べることで行った。</p>	
<p>3) 調査研究の達成度及び得られた成果（できるだけ数値化してください） 過去3シーズン（平成17、18並びに19年度）に分離されたインフルエンザウイルス株について、HAとNAの塩基配列の決定を行った。 ①HA遺伝子はA/H1型5株、A/H3型37株並びにB型11株の計53株の塩基配列を決定した。HA遺伝子の系統樹解析を行ったところ、A/H1型、A/H3型並びにB型のそれぞれの流行株とワクチン株は同じ系統に属していることがわかった。このことから、過去3シーズンの流行株とワクチン株の抗原性は近縁であったと思われる。 ②NA遺伝子はA/H1型55株、A/H3型21株、B型11株の計87株の塩基配列を決定した。NA遺伝子の解析を行ったところ、全ての株において、薬剤耐性獲得に必要なアミノ酸変異は見られなかった。</p>	
<p>4) 県民の健康の保持又は環境の保全への貢献 インフルエンザは県下でも毎年多数の患者が発生しており、流行株の抗原性変異や薬剤耐性の情報を医療現場へ還元することにより、インフルエンザ流行の予防や治療等県民の健康保持に貢献することが期待できる。</p>	
<p>5) 調査研究結果の独創性、新規性 県下でのインフルエンザ流行株の抗原性及び薬剤耐性変異を速やかに解析し、情報還元するシステムを作成し、継続的に監視していく体制を確立することは、危惧されているインフルエンザウイルス変異株流行による被害を最小限に抑えることが可能となる。</p>	
<p>6) 成果の活用状況（技術移転・活用の可能性） インフルエンザ流行株の抗原性変異や薬剤耐性変異について情報提供した。 日常のインフルエンザ検査業務に応用してきている。</p>	