

## 渡り鳥のフンから高病原性鳥インフルエンザウイルス分離

～世界大流行の兆しとその対策にむけて～

### ポイント

- ・道東コムケ湖で採取した渡り鳥の糞便から高病原性鳥インフルエンザウイルスを分離。
- ・分離されたウイルスは2020年初めにヨーロッパで流行していたウイルスと酷似。
- ・世界中のウイルスが渡り鳥によって運ばれる事態となってきたことから、警戒が必要。

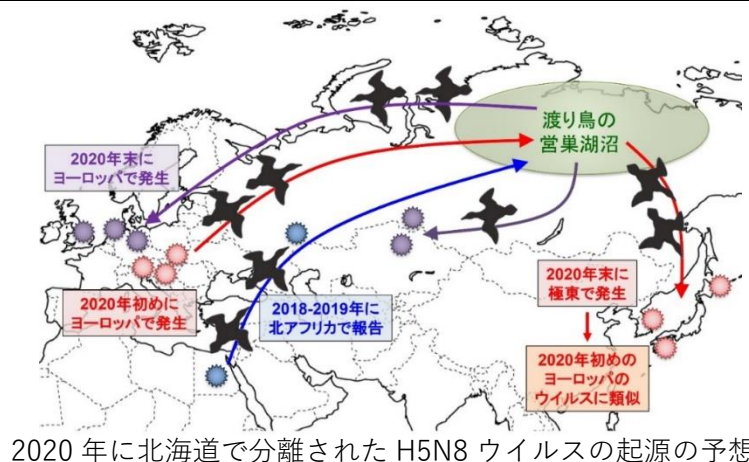
### 概要

北海道大学大学院獣医学研究院の迫田義博教授らの研究グループは、2020年10月に道東コムケ湖で採取した渡り鳥の糞便からH5N8亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルスを分離しました。分離ウイルスは今冬に鹿児島県や韓国で分離されたウイルスや、2020年初めにヨーロッパで流行したウイルスと非常に近縁であることがわかりました。

高病原性鳥インフルエンザは、病原性の高い鳥インフルエンザウイルスが鳥類に感染して起こる病気で、2020年12月14日現在、日本でもH5N8亜型による高病原性ウイルスの感染が家禽では9県、野鳥では8道県で報告されています。国内での大流行に先駆け、研究グループは2020年10月に北海道東部のコムケ湖にて採取したオナガガモの糞便からH5N8亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルスを分離しました。分離ウイルスの遺伝子を調べたところ、2020年10月と11月にそれぞれ韓国と鹿児島県で分離されたウイルスとも非常に近縁であり、さらに2019年末から2020年初めにかけてヨーロッパで流行したウイルスと近縁であることがわかりました。その一方で、今冬にヨーロッパにて流行しているH5N8ウイルスとは遺伝子上では異なっていることもわかりました。ウイルスの抗原性を調べたところ、今回分離されたウイルスは2017年熊本県にて流行したウイルスと近縁でしたが、2016年に秋田県の動物園のクマチョウから分離されたウイルスとは離れていました。

今回分離されたウイルスの遺伝子情報から、渡り鳥によってわずか10ヶ月でヨーロッパから東アジアへ運ばれたことが確認できました。ヨーロッパでは短期間に異なるウイルスが流行していることから、渡り鳥の営巣湖沼である北方圏に病原性の高いウイルスが定着している可能性が懸念されます。渡り鳥による鳥インフルエンザの拡散を想定し、国内でもその発生に十分に警戒することが急務であることが確認されました。

なお、本研究成果は、2020年12月14日（月）公開のViruses誌に掲載されました。



2020年に北海道で分離されたH5N8ウイルスの起源の予想

## 【背景】

高病原性鳥インフルエンザは、病原性の高い鳥インフルエンザウイルスが鳥類に感染して起こる病気で、動物の感染症の中ではとても重要な病気の一つです。インフルエンザウイルスは、その抗原性により H1 から H18 の亜型にされていますが、鳥類に致死的な感染を起こす高病原性鳥インフルエンザウイルスは H5 と H7 亜型に限られています。元来、高病原性鳥インフルエンザウイルスはニワトリなどの陸生家禽で問題となっていました。現在では渡り鳥にも感染し、渡り鳥の移動による高病原性鳥インフルエンザ、とりわけ H5N8 亜型ウイルスの感染拡大が世界中で深刻な問題となっています。2020 年 12 月 14 日現在、日本でも家禽では 9 県にて 22 事例、野鳥では 8 道県にて 13 事例が報告されています。渡り鳥によってもたらされる鳥インフルエンザウイルスのリスクを調べるために、研究グループは、毎年秋に渡り鳥の糞便から鳥インフルエンザウイルスの分離を行っています。

## 【研究手法】

2020 年 10 月に北海道東部のコムケ湖にて、渡り鳥、主にカモ類の糞便を採取しインフルエンザウイルスの分離を試みました。分離されたインフルエンザウイルスについて血清学的手法にて亜型決定をした後、ウイルス遺伝子にある病原性指標を遺伝子解析法にて検査しました。また採取した糞便に含まれるミトコンドリアの DNA を解析し、糞便の宿主の鳥類を特定しました。その後、分離ウイルスの全遺伝子を解読し、近年分離された世界中の鳥インフルエンザウイルスと遺伝子の比較を行いました。さらに、分離されたウイルスの抗原性を調べるために、2017 年に熊本県のニワトリから分離された H5N8 亜型ウイルスや、2016 年に秋田県の動物園のコクチョウから分離された H5N6 ウイルスと血清学的検査を行い、その血清反応性を確認しました。

## 【研究成果】

遺伝子検査の結果、オナガガモの糞便から分離された H5N8 亜型の鳥インフルエンザウイルスは高病原性であることがわかりました。分離されたウイルスの全遺伝子を調べたところ、2020 年 10 月と 11 月にそれぞれ韓国と鹿児島県で分離されたウイルスとも非常に近縁であり、さらに 2019 年末から 2020 年初めにかけてヨーロッパで流行したウイルスと近縁であることがわかりました。その一方で、今冬にヨーロッパにて流行している H5N8 ウイルスとは遺伝子配列では異なっていることもわかりました。今冬にヨーロッパで流行しているウイルスは 2018 年から 2019 年に北アフリカで分離されたウイルスと近縁であることもわかりました。短期間で広範囲に様々なウイルスの流行が発生していることから、渡り鳥の営巣湖沼である北方圏では、高病原性のウイルスが定着しつつあることが大変懸念される結果となりました。ウイルスの抗原性を調べたところ、今回分離されたウイルスは 2017 年熊本県とアフリカのコンゴ民主共和国で分離されたウイルスと近縁でしたが、2016 年に秋田県の動物園のコクチョウから分離されたウイルスとは離れていました。

## 【今後への期待】

今回の高病原性鳥インフルエンザウイルスの分離は、日本全国での本疾病の大流行に先駆けて確認され、環境省から 2020 年 11 月 4 日に報道発表されています。

本疾病の日本国内での発生は北方からの渡り鳥が深く関係することから、渡り鳥をいち早く検査できる北海道でのこのような活動は、国内関係団体への高病原性鳥インフルエンザへの備えに多大に貢献しています。遺伝子検査の結果から、わずか 10 ヶ月でヨーロッパにて流行していた株が東アジアまで拡大していることと、ヨーロッパではそれとは異なるウイルスの流行が起きていることがわかり

ました。引き続き、このような鳥インフルエンザの調査を継続することにより、早期発見による国内関係者へ対応策準備を促すこととともに、世界の鳥インフルエンザの流行状況の把握に貢献することが期待されます。

#### 【謝辞】

本研究は、独立行政法人環境再生保全機構、国立研究開発法人日本医療研究開発機構、独立行政法人国際協力機構の支援を受け行われました。

#### 論文情報

論文名 Re-invasion of H5N8 high pathogenicity avian influenza virus clade 2.3.4.4b in Hokkaido, Japan, 2020 (H5N8 亜型クレード 2.3.4.4b 高病原性鳥インフルエンザウイルスの日本国北海道への再侵入)

著者名 磯田典和<sup>1,2</sup>, オーガスティン・タワベラ<sup>1</sup>, バザルラグチャ・エンフボルト<sup>1</sup>, 小笠原浩平<sup>3</sup>, 林裕貴<sup>1</sup>, ワン・ズウ・ジュン<sup>1</sup>, 小林大樹<sup>1</sup>, 渡辺有希子<sup>3</sup>, 齊藤慶輔<sup>3</sup>, 喜田宏<sup>2,4</sup>, 迫田義博<sup>1,2</sup> ( <sup>1</sup>北海道大学大学院獣医学研究院, <sup>2</sup>北海道大学国際連携研究教育局人獣共通感染症グローバルステーション, <sup>3</sup>(株)猛禽類医学研究所, <sup>4</sup>北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター)

雑誌名 Viruses (ウイルス学の専門誌)

DOI 10.3390/v12121439

公表日 2020年12月14日(月)(オンライン公開)

#### お問い合わせ先

北海道大学大学院獣医学研究院 教授 迫田義博 (さこだよしひろ)

T E L 011-706-5207 F A X 011-706-5273 メール sakoda@vetmed.hokudai.ac.jp

U R L <https://www.vetmed.hokudai.ac.jp/organization/microbiol/>

#### 配信元

北海道大学総務企画部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北8条西5丁目)

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール kouhou@jimu.hokudai.ac.jp