



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Molecular epidemiology and pathogenicity of animal influenza viruses isolated in Japan [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	金平, 克史
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(獣医学)
Dissertation Number	乙第6965号
Issue Date	2015-09-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/60001
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Katsushi_Kanehira_review.pdf, 審査の要旨



学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称：博士（獣医学）

氏名：金平 克史

審査委員	主査	教授	迫田	義博
	副査	教授	大橋	和彦
	副査	教授	高田	礼人
	副査	准教授	岡松	正敏

学位論文題名

**Molecular epidemiology and pathogenicity of animal influenza
viruses**

isolated in Japan

**（日本で分離された動物インフルエンザウイルスの分子疫学と
病原性に関する研究）**

動物インフルエンザウイルスは家畜・家禽に感染し、生産性の低下、防疫対策に要するコスト等を通じて家畜・家禽産業に悪影響を与える病原体である。また、潜在的にヒトに感染する可能性をもち、歴史上記録のあるヒトのインフルエンザパンデミックの病原体は動物インフルエンザウイルスに由来することが明らかになっており、重要な人獣共通感染症病原体でもある。本研究では日本で分離された3株の豚インフルエンザウイルスと1株の高病原性鳥インフルエンザウイルスについて遺伝系統学的及びウイルス学的解析を実施した。

2013年、いずれも症状を示したブタから2株のH1N2 亜型豚インフルエンザウイルス(SIV)と1株のH3N2 亜型 SIV が分離された。これらの SIV は遺伝子である RNA セグメントが2009年にヒトでパンデミックを起こした H1N1 亜型ウイルス [A(H1N1)pdm09 ウイルス] と日本のブタで循環している SIV とのリアソータントウイルスであることが遺伝系統学解析により明らかになった。すなわち、A/swine/Gunma/1/2013 (H1N2) 及び A/swine/Ibaraki/1/2013 (H1N2) は、(1)HA 及び NP セグメントを日本のブタで循環する古典的 H1 亜型 SIV に、(2)NA セグメントをヒト季節性インフルエンザウイルスに近縁な H1N2 亜型 SIV に、(3)その他の RNA セグメントを A(H1N1)pdm09 ウイルスに由来するリアソータントウイルスであることが示された。一方、A/swine/Miyazaki/2/2013 (H3N2) は、(1)HA 及び NA セグメントをヒト季節性インフルエンザウイルスに近縁な H3N2 亜型 SIV に、(2)その他の RNA セグメントを A(H1N1)pdm09 ウイルスに由来するリアソータントウイルスであることが示された。以上よりこれら3株の SIV は、日本のブタにおいて遺伝子再集合によりそれぞれ出現したと考えられる。

2014 年 4 月、熊本県の養鶏場における高病原性鳥インフルエンザ発生事例において、死亡鶏のクロアカスワブより高病原性鳥インフルエンザウイルス A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 (H5N8) が分離された。遺伝系統学的解析の結果、本ウイルスの HA 遺伝子はクレード 2.3.4.4 に分類された。本ウイルスは、全 RNA セグメントが 2014 年 1 月に韓国において分離された A/broiler duck/Korea/Buan2/2014 (H5N8)、A/baikal teal/Korea/Donglim3/2014 (H5N8) に高い配列相同性を示し、これらのウイルスと共通の祖先をもつことが示唆された。A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 (H5N8) を経鼻接種したニワトリは、 10^6 EID₅₀ の接種量では全羽死亡したが、 10^4 EID₅₀ 以下では感染が認められなかった。一方でアヒルは 10^4 EID₅₀ 以上のウイルス投与で感染したものの、明確な症状を示さなかった。このことは、高病原性鳥インフルエンザウイルスに感染した野生水禽が、渡りによりウイルスを国内に持ち込む可能性があることを示唆している。また A/chicken/Kumamoto/1-7/2014 (H5N8) は、clade 2.3.4.4 以外の H5 亜型ウイルスに対して血清学的交差性が低いことが明らかになった。

金平氏の研究により、近年国内で分離された豚インフルエンザウイルスは、従来ブタで流行している SIV とヒトで流行している季節性インフルエンザウイルス A(H1N1)pdm09 との遺伝子再集合体であることを明らかにした。これは豚インフルエンザの流行把握だけでなく、パンデミックインフルエンザの出現の予測にも大きく貢献すると考えられる。また、近年分離された H5N8 高病原性鳥インフルエンザウイルスの遺伝子、抗原性、および病原性を明らかにしたことは、高病原性鳥インフルエンザの発生防止対策や迅速な診断法の開発に役立つものと期待される。

よって、審査委員一同は、上記学位論文提出者金平克史氏が博士（獣医学）の学位を授与されるに十分な資格を有するものと認めた。