

令和 2 年 5 月 22 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (海外学術調査)

研究期間：2016～2019

課題番号：16H05805

研究課題名(和文) 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

研究課題名(英文) Investigation of latent pathogenic viruses in Latin America and South-eastern Asia by virome analysis

研究代表者

澤 洋文 (Sawa, Hirofumi)

北海道大学・人獣共通感染症リサーチセンター・教授

研究者番号：30292006

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,400,000円

研究成果の概要(和文)：本研究課題で計画した、1) 中南米・東南アジアでの疫学研究の実施、2) Virome解析法等による検体の解析、3) 病原性ウイルスの分布・進化・生活環の把握について以下の成果を得た。

中南米、東南アジアで採集した検体を用いて、ウイルスゲノムのスクリーニングを実施し、コウモリから新規のガンマヘルペスウイルスを検出した。また、霊長類動物の糞便50検体分をプールしてVirome解析を実施して、新規のDNAウイルスを単離した。さらに、キクガシラコウモリ科の複数種のコウモリから単離したポリオ マウウイルスのゲノムを解析することにより、ウイルスの進化の過程で宿主の乗り換えが生じていることを示す結果を得た。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本課題では1) 日本からの距離が遠くアクセスが困難であるアマゾン川流域において疫学研究を実施し、採集した検体から新規のウイルスを単離したこと、2) Virome解析を用いて、霊長類動物から新規のDNA ウイルスを単離したこと、3) コウモリから単離した新規ポリオ マウウイルスのゲノムを解読し、ウイルスの進化過程においてポリオ マウウイルスの異種動物間の宿主乗り換え現象が生じていることを世界で初めて提唱できたこと等の成果を得た。

本課題により、学術的に重要な多くの知見を得ると共に、病原体の存在に関する情報が希薄なアマゾン川流域へのアクセスを確立できたことは、将来の研究にとって非常に重要であった。

研究成果の概要(英文)： We obtained results based on three projects that aimed at;

1) Implementing epidemiological research in Latin America and South-eastern Asia, 2) Analysis of viral genome using “Virome methods”, 3) Investigation of distribution, evolution and the infection cycle of viruses.

During screening of mosquito and fruit bat samples collected in Latin America and South-eastern Asia, respectively, we detected novel viruses i.e. flaviviruses from mosquitoes and gammaherpesviruses from fruit bats. Furthermore, we performed Virome analysis using pooled fecal samples obtained from 50 non-human primates, from which we isolated a new small circular replication-associated protein (Rep) encoding single-stranded (CRESS) DNA viruses. Additionally, genome analysis of the polyomaviruses isolated from several different horseshoe bats indicated evidence of ‘host-switching’ during evolution in horseshoe bats.

研究分野：ウイルス学

キーワード：ウイルス ゲノム 新興・再興感染症 野生動物

## 1. 研究開始当初の背景

古来より、中南米・東南アジア地域には、黄熱、デング熱、日本脳炎等の蚊媒介性のウイルス性感染症、さらにはインフルエンザ、ウイルス性出血熱、狂犬病、ウイルス性肝炎等多くのウイルス性感染症が流行してきた。ウイルス性感染症の多くは動物から人間へ感染する人獣共通感染症である。

近年においても、新たなウイルス性感染症の報告が相次いでいる。2012年中東サウジアラビアにて新種のコロナウイルス感染による死亡症例が発見され、中東呼吸器症候群ウイルス (Middle East respiratory syndrome coronavirus : MERS-CoV) が発見された。その後中東諸国から帰国した男性により韓国に輸入された MERS-CoV により 2015 年 10 月までに 186 例の MERS 症例が確認されている。疫学調査により、ヒトコブラクダと人の間で MERS-CoV が感染環を保有していたこと、またその祖先ウイルスはコウモリが保有している可能性が示唆された (Azher EI et al, N Engl J Med, 2014)。

また、2011 年に中国で血小板減少を伴う熱性疾患の症例から単離された重症熱性血小板減少症候群ウイルス (severe fever with thrombocytopenia syndrome virus: SFTSV) はダニ媒介性の新規ブニヤウイルスであった。日本でも 2013 年に SFTSV の感染例が報告されてから (Takahashi T et al, J Infect Dis, 2013)、これまでに 158 例の症例が確認されている。また、採集されたマダニから SFTSV のゲノムが検出されるとともに、シカ、イヌ等の動物に SFTSV 抗体が確認されており、ダニ-動物の間で本ウイルスが生活環を形成していることが示唆されている。

以上の様に、今なお哺乳類動物や節足動物に由来する新規のウイルス性疾患が、世界で流行し、人々が生命の危険にさらされている。開発の進展に伴い人と動物の接触機会が増え、感染症の発生リスクが高まっている。また、MERS の例のように、交通機関の発達には病原体に感染した媒介動物及び感染した個体を発生母地から世界的に拡散させている。さらに、気候変動の影響による昆虫の分布の変化により、感染症流行は従来の流行とは異なった様相を見せている。斯かる状況において、重要な課題は新興・再興感染症の原因となる新規及び既知の病原体の分布状況を把握し、先回り対策を講ずることである。

ウイルス検出法として汎用される手法は、培養細胞を用いたウイルス分離と特異的プライマーを用いた PCR 法である。ウイルス分離は、ウイルスの種特異性を考慮すると、各ウイルスに最適化された分離法を適用することが望ましく、多数のウイルスの検索には不向きである。また、PCR 法は、検出の成否がプライマーの配列に依存し、変異ウイルスや、類縁ウイルスの存在を見逃すことがある。我々は、次世代シーケンサーを用いたメタゲノム解析の手法をウイルス検出に応用し、野生動物の Virome 解析を通じて、病原性ウイルスの検出に成功した (Sasaki M et al, J Gen Virol, 2015)。ウイルスの種特異性や塩基配列に依存しない網羅的解析手法の確立により、我々の疫学研究は新たな局面を迎えた。

## 2. 研究の目的

本研究はこれまでにザンビアで実施していた“点”での研究を、現在研究代表者の澤が保有している中南米・東南アジアの国際ネットワークを活用し、フィールドを“線”として繋げ、新興・再興感染症の原因となる既知の病原体の分布状況を把握する。

さらに、新たに確立した Virome 解析の手法によって、各地に潜在する病原性ウイルスを網羅的に検出し、その分布・進化・生活環を把握すること、最終的にウイルス感染症に対する先回り対策を講ずることを目指す。

## 3. 研究の方法

本研究計画では以下の(1)-(3)の研究計画を推進する。

- (1) 中南米・東南アジアでの疫学研究の実施：キューバ、ブラジル、台湾、ベトナム、インドネシアを調査研究実施国として、哺乳類動物、節足動物から得られる検体（血液、臓器、体液等）を採集する。
- (2) Virome 解析法等による検体の解析：検体（血液、臓器、体液等）から核酸を抽出して、ライブラリーを作製した後に NGS による遺伝子の解読、スーパーコンピューターと BLAST を活用した Virome 解析を実施する。また抽出した核酸を用いて既知のウイルスのゲノムも確認する。
- (3) 病原性ウイルスの分布・進化・生活環の把握：得られた結果を解析し、得られた情報の中から着目する病原性ウイルスを選択し、その情報をこれまでに得られた情報と比較し、病原性ウイルスの進化・生活環についてバイオインフォマティクス手法を用いて検討する。

#### 4. 研究成果

本研究計画に基づいて研究を推進し、16 報の学術論文を国際学術雑誌に報告し、さらに英語での図書の一部を執筆した。これらの全ては国際共著論文として報告した。また、学会発表は 19 件実施しており、内招待講演は 4 件であった。得られた学術成果の内、主要な内容を以下に記載する。

##### (1) 中南米・東南アジアでの疫学研究の実施

①2018 年 10 月に、研究分担者の大場靖子博士と共に南米に位置するボリビアを訪問し、現地に生息する蚊、およびマダニを採集した。現地での活動は、ガブリエル・レネ・モレノ国立自治大学獣医学部との共同研究で実施した。アマゾン川支流の流域、国立公園、農場の 3 か所において、蚊、ダニを採集した。蚊は、捕虫網、トラップを用いて、密林および宿舎の周囲で採集した。その結果、総計 2,214 匹のメスの蚊を捕獲した。その後、冷凍して殺処分した蚊を北海道大学人獣共通感染症リサーチセンターに輸送し、RNA を抽出し、アルボウイルスのゲノムを RT-PCR 法を用いて解析した。その結果、フラビウイルスを 3 種、およびブニヤウイルス 6 種を新たに同定した。同定した 3 種の新規フラビウイルスについて、各種培養細胞を用いて単離を試みると同時に、ウイルスゲノムの遺伝子解析、単離ウイルスの性状解析を実施した。3 種の内、2 種のフラビウイルスは培養細胞を用いたウイルス単離が出来なかったため、ウイルスが検出された蚊の RNA を用いて、次世代シーケンサー (NGS) による解析を実施し、ウイルスゲノムのほぼ全長を同定した。他の 1 種の新規のフラビウイルスはヒトスジシマカ由来細胞を用いて単離した。ウイルスゲノムは NGS および Rapid amplification of cDNA ends (RACE) 法により全長を同定した。アメリカ国立生物工学情報センター (NCBI) のデータベースに存在する既知のゲノムの情報と比較・検討して得られた系統樹解析の結果から、新規に単離したウイルスは、哺乳類動物に感染するフラビウイルスに近縁であるが、脊椎動物の感染が確認されていない蚊特異的フラビウイルス (dual-host affiliated insect specific flaviviruses) に属すると考えられた。単離できなかった 2 種のウイルスは、系統学的に離れた蚊特異的フラビウイルス (classical insect specific flaviviruses) に属する新規ウイルスであった。本結果はフラビウイルスの進化を考慮する際の基礎的知見となった。現在論文投稿に向けて、得られた結果をまとめている。

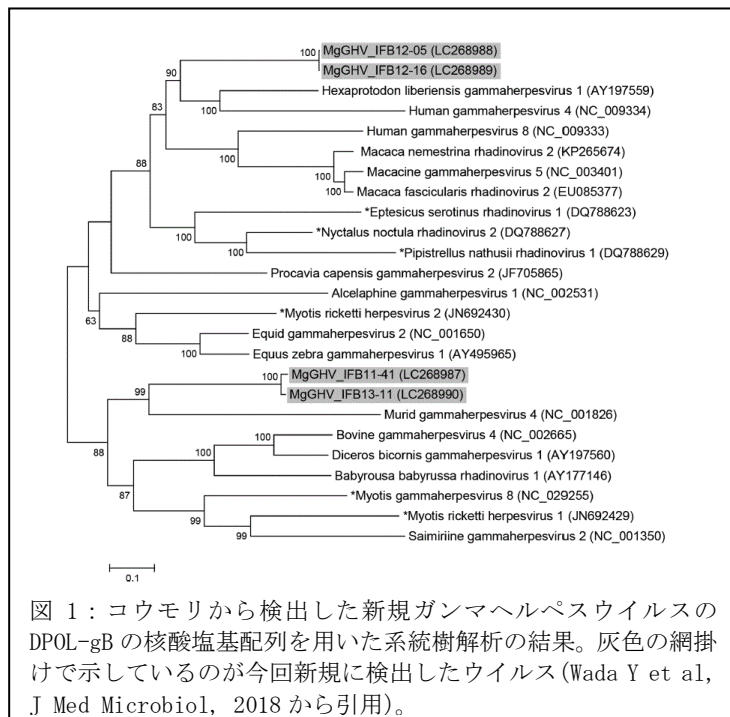
また、2019 年 9~10 月にかけて、中南米 9 ヶ国から 9 名の若手研究者を招聘し、人獣共通感染症リサーチセンターにおいてトレーニングコースが開催された。その際に、研究分担者の大場靖子博士と共に、若手研究者にアルボウイルスの研究の知識・技術を指導した。その内の数名を選択して、今後の共同研究についての打ち合わせを実施した。

さらに、ベトナム国立衛生疫学研究所の Ireland Vietnam Blood Borne Virus Initiative と共同して、ハノイ市内で採集したメス蚊 48 プールから抽出した RNA を用いて Flavi、ブニヤウイルス、アルファウイルスのスクリーニング、およびデング 1 型、チクングニヤウイルス (CHIKV) の特異的 qRT-PCR を実施した。その結果、フラビウイルスおよび CHIKV は検出されなかった。

②研究分担者の佐々木道仁博士は以前に、インドネシアの食果コウモリが高率にアルファヘルペスに感染していることを報告しており、さらに、コウモリから新規のアルファヘルペスウイルスである、fruit bat alphaherpesvirus 1 (FBAHV1) を単離し、当該ウイルスがマウスに致死的な感染を起こすことを報告している (Sasaki M et al, J Virol 2014)。

本研究計画では、インドネシアのボゴール農業大学、獣医研究診断センター、ゴロンタロ州大学、ハサヌディン大学、および畜産・水産局との共同研究で、インドネシアの異なった地域に生息する異なった種類のコウモリから採集した総計 183 検体を用いて、ヘルペスウイルスのスクリーニングを実施した。

その結果、183 検体内、67 検体からガンマヘルペスウイルス、および 4 検体からベータヘルペスウイルスのゲノム配列を検出した。ガンマヘルペスウイルスは 7 つのグループに分類された。さらに長いゲノム部分を解析できた 4 つのガンマヘルペスを解析した結果、新規に検出したガンマヘルペスウイルスは、これまでに報告されているガンマヘルペスウイルスとは異なった分類になることが明らかになった (図 1)。



さらにインドネシアの食果コウモリにおいては、ガンマヘルペスウイルスがベータヘルペスウイルスまたはアルファヘルペスウイルスと共感染していることも発見した。本成果は英文雑誌に報告した (Wada Y et al, J Med Microbiol, 2018)

(2) Virome 解析法等による検体の解析  
 ザンビアの霊長類動物の糞便検体の Virome 解析をすることを目的として、糞便検体 50 サンプルをプールして次世代シーケンサーによりメタゲノム解析を実施した。得られた塩基配列情報を、NCBI のデータベースと比較・検討した結果、得られた 63,587,648 リードの内、1,381,545 リードが、single-stranded DNA ウィルスに起因していることが判明した。

さらに、タンパク質に翻訳した配列を用いて検索を続けた結果、0.8-2.0 kb の長さの 6 個のコンティグ (塩基配列断片群) が DNA ウィルスであるスマコウィルスに類似することを De novo アセンブリ解析によって明らかにした。次に、得られた塩基情報からプライマーを設計して、糞便検体 50 検体を再度検索した。その結果、50 検体中 10 検体中にスマコウィルスに類似したゲノムを検出した。その後 inverse PCR 法により、スマコウィルスの環状の完全ゲノムを単離しプラスミドに挿入した後に、サンガーシーケンス法で全長を解読した。得られたゲノムの長さは 2,488 から 2,766 塩基であり、これまでに報告されていたスマコウィルスが属する small circular replication-associated protein (Rep) encoding single-stranded (CRESS) DNA ウィルスの長さと同様

に CP と Rep の 2 個の open reading frame を有していた。得られたウィルスゲノムの内 10 個は逆方向のゲノムを有する ambisense type IV のゲノムであり、残りの 1 個は、1 方向性の unisense type V であることが明らかになった (図 2)。さらに図 2 で記載されている様に、ステムループ構造、nonanucleotide sequence モチーフ (NAGTNTTAC) も有していた。

系統樹解析の結果、今回ザンビアの霊長類動物の糞便検体から検出したウィルスはこれまでに報告されていた、スマコウィルスと異なったクラスターを作っていることが明らかになった (図 3)。

他の解析と合わせた結果から、新規の CRESS DNA ウィルスが霊長類動物から検出されたこと、内、ambisense type IV のゲノムを有するウィルスは Smacoviridae 科に属すること、他の unisense type V のゲノムを有するウィルスは type V genome organization として分類されることが示された。以上の研究により、アフリカの霊長類動物はスマコウィルスのキャリアであり、その中でゲノムの recombination が生じている可能性が示唆された。本研究で得られた結果は英文雑誌に報告した (Anindita PD et al, Sci Rep, 2019)。

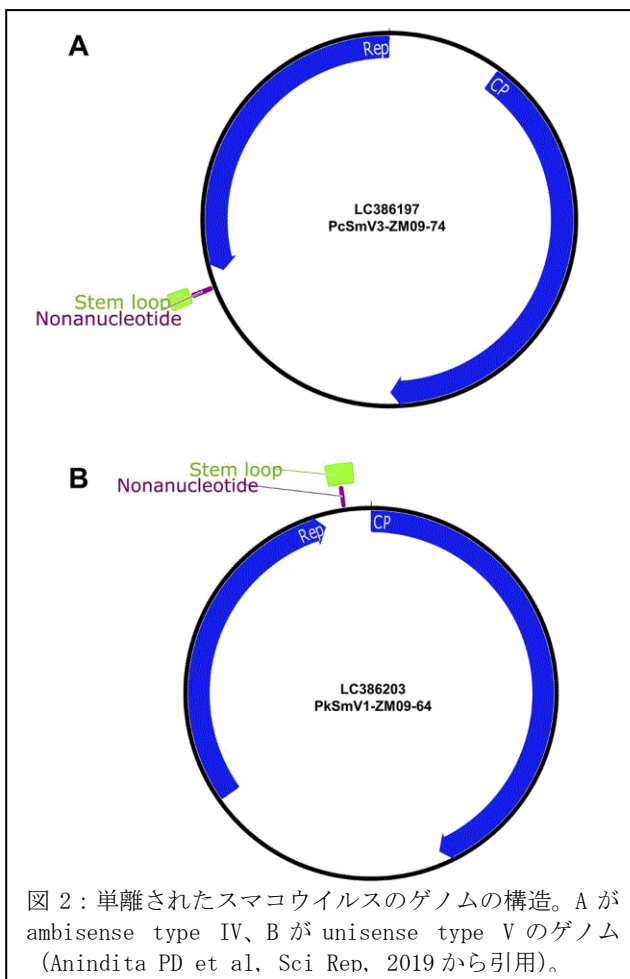


図 2: 単離されたスマコウィルスのゲノムの構造。A が ambisense type IV、B が unisense type V のゲノム (Anindita PD et al, Sci Rep, 2019 から引用)。

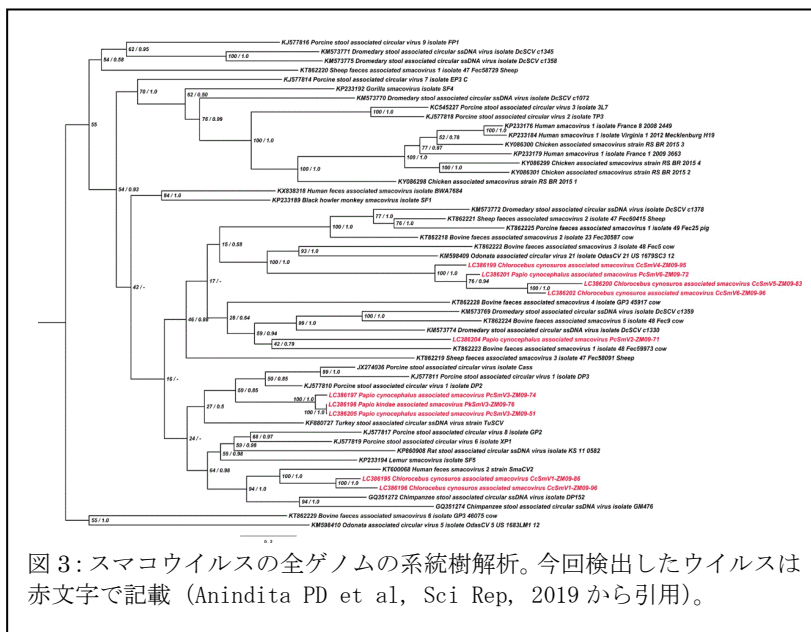


図 3: スマコウィルスの全ゲノムの系統樹解析。今回検出したウィルスは赤文字で記載 (Anindita PD et al, Sci Rep, 2019 から引用)。

今回の結果から、ザンビアの霊長類動物の糞便検体から検出したウィルスはこれまでに報告されていた、スマコウィルスと異なったクラスターを作っていることが明らかになった (図 3)。

(3) 病原性ウイルスの分布・進化・生活環の把握

ポリオーマウイルスは人の腎臓、中枢神経系、皮膚等に病変を生じることが報告されているウイルスであり、人に感染するウイルスとしては、JC ウイルス、BK ウイルス、メルケル細胞ポリオーマウイルス等が知られている。ポリオーマウイルスは種特異性が高いことから、その感染環においては、種の中で感染が持続していることが示唆されてきた。

私達の研究ではザンビアで採集したコウモリから Alphapolyomavirus と Betapolyomavirus を検出し、またウイルスがコードする large T 抗原は polyomavirus の進化過程において、ウイルスのカプシド蛋白質 VP1 に比べて recombination が生じ難いことが示唆されていた (Carr M et al, J Gen Virol, 2017a)。

本研究では、ザンビアのキクガシラ科のコウモリを対象として、感染しているポリオーマウイルスを検索して、系統樹解析を実施することにより、宿主の中でのポリオーマウイルスの進化の状況を調べることを試みた。その結果、Alphapolyomavirus と Betapolyomavirus が異なったキクガシラ科のコウモリに感染していること、また、同じポリオーマウイルスが、異なったキクガシラ科のコウモリに感染していることを確認した。

コウモリの進化の情報とウイルスのゲノムの情報を合わせて考慮すると、今回確認された、最も近接しているポリオーマウイルスは  $9.1E4$  ( $5E3-2.8E5$ ) 年前、また最もゲノムが異なっているウイルスは  $9.9E6$  ( $4E6-18E6$ ) 年以前に分かれて進化していること、一方、今回検索した対象のコウモリの種は  $12.4E6$  ( $10.4E6-15.4E6$ ) 年以前に分かれて進化していることが推察された。以上からキクガシラ科のコウモリ種の中で、ポリオーマウイルスは宿主の乗り換え (host-switching) をしており、また近縁の哺乳類動物の中でも、ポリオーマウイルスは宿主の乗り換えが起こっていることが推察された (図 4)。本研究で得られた結果は国際雑誌に報告した (Carr M et al, J Gen Virol, 2017b および、図書 Bats and Viruses: Current Research and Future Trends, Caister Academic Press 社に Carr MJ et al Bat polyomaviruses: A challenge to the strict host-restriction paradigm within the mammalian polyomaviridae として報告)。

以上記載した様に、本研究課題で計画していた、(1) 中南米・東南アジアでの疫学研究の実施、(2) Virome 解析法等による検体の解析、(3) 病原性ウイルスの分布・進化・生活環の把握について、それぞれが順調に進捗し、成果として国際学術雑誌および図書に報告した。

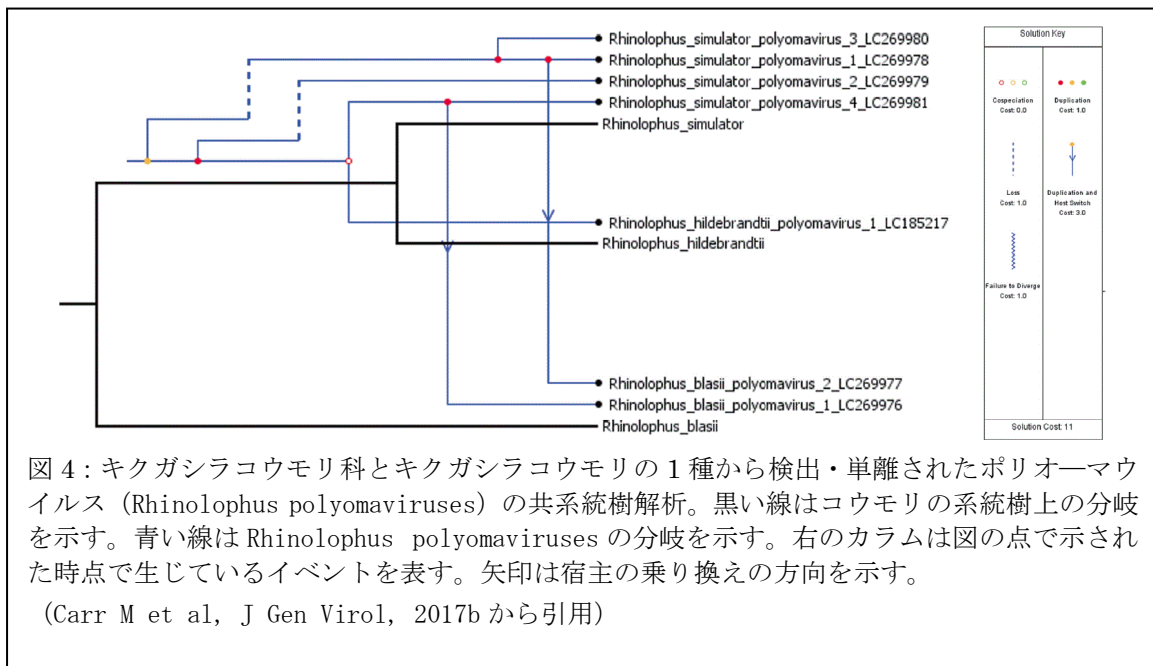


図 4: キクガシラコウモリ科とキクガシラコウモリの 1 種から検出・単離されたポリオーマウイルス (Rhinolophus polyomaviruses) の共系統樹解析。黒い線はコウモリの系統樹上の分岐を示す。青い線は Rhinolophus polyomaviruses の分岐を示す。右のカラムは図の点で示された時点で生じているイベントを表す。矢印は宿主の乗り換えの方向を示す。

(Carr M et al, J Gen Virol, 2017b から引用)

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計16件（うち査読付論文 16件 / うち国際共著 16件 / うちオープンアクセス 16件）

1. 著者名 Sasaki M, Orba Y, Sasaki S, Gonzalez G, Ishii A, Hangombe BM, Mweene AS, Ito K, Sawa H	4. 巻 97
2. 論文標題 Multireassortant G3P[3] group A rotavirus in a horseshoe bat in Zambia.	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Journal of General Virology	6. 最初と最後の頁 2488-2493
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/jgv.0.000591	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Carr M, Kawaguchi A, Sasaki M, Gonzalez G, Ito K, Thomas Y, Hang'ombe BM, Mweene AS, Zhao G, Wang D, Orba Y, Ishii A, Sawa H	4. 巻 162
2. 論文標題 Isolation of a simian immunodeficiency virus from a malbrouck (Chlorocebus cynosuros).	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 543-548
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00705-016-3129-8	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Carr M, Gonzalez G, Sasaki M, Ito K, Ishii A, Hang'ombe BM, Mweene AS, Orba Y, Sawa H	4. 巻 98
2. 論文標題 Discovery of African bat polyomaviruses and infrequent recombination in the large T antigen in the Polyomaviridae.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Journal of General Virology	6. 最初と最後の頁 726-738
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/jgv.0.000737	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Wada Y, Orba Y, Sasaki M, Kobayashi S, Carr MJ, Nobori H, Sato A, Hall WW, Sawa H	4. 巻 505
2. 論文標題 Discovery of a novel antiviral agent targeting the nonstructural protein 4 (nsP4) of chikungunya virus.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Virology	6. 最初と最後の頁 102-112
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virol.2017.02.014	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Carr M, Gonzalez G, Sasaki M, Dool SE, Ito K, Ishii A, Hang'ombe BM, Mweene AS, Teeling EC, Hall WW, Orba Y, Sawa H	4. 巻 98
2. 論文標題 Identification of the same polyomavirus species in different African horseshoe bat species is indicative of short-range host-switching events.	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Journal of General Virology	6. 最初と最後の頁 2771-2785
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/jgv.0.000935	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Wada Y, Sasaki M, Setiyono A, Handharyani E, Rahmadani I, Taha S, Adiani S, Latief M, Kholilullah ZA, Subangkit M, Kobayashi S, Nakamura I, Kimura T, Orba Y, Sawa H	4. 巻 67
2. 論文標題 Detection of novel gammaherpesviruses from fruit bats in Indonesia.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of Medical Microbiology	6. 最初と最後の頁 415-422
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1099/jmm.0.000689.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Orba Y, Hang'ombe BM, Mweene AS, Wada Y, Anindita PD, Phongphaew W, Qiu Y, Kajihara M, Mori-Kajihara A, Eto Y, Sasaki M, Hall WW, Eshita Y, Sawa H	4. 巻 65
2. 論文標題 First isolation of West Nile virus in Zambia from mosquitoes.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Transboundary and Emerging Diseases	6. 最初と最後の頁 933-938
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/tbed.12888	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Sasaki M, Kajihara M, Changula K, Mori-Kajihara A, Ogawa H, Hang'ombe BM, Mweene AS, Simuunza M, Yoshida R, Carr M, Orba Y, Takada A, Sawa H	4. 巻 63
2. 論文標題 Identification of group A rotaviruses from Zambian fruit bats provides evidence for long-distance dispersal events in Africa.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Infection, Genetics and Evolution	6. 最初と最後の頁 104-109
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.meegid.2018.05.016	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Torii S, Orba Y, Hang'ombe BM, Mweene AS, Wada Y, Anindita PD, Phongphaew W, Qiu Y, Kajihara M, Mori-Kajihara A, Eto Y, Harima H, Sasaki M, Carr M, Hall WW, Eshita Y, Abe T, Sawa H	4. 巻 250
2. 論文標題 Discovery of Mwinilunga alphavirus: A novel alphavirus in Culex mosquitoes in Zambia.	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Virus Research	6. 最初と最後の頁 31-36
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virusres.2018.04.005	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Anindita PD, Sasaki M, Gonzalez G, Phongphaew W, Carr M, Hang'ombe BM, Mweene AS, Ito K, Orba Y, Sawa H	4. 巻 9
2. 論文標題 Discovery and genetic characterization of diverse smacoviruses in Zambian non-human primates.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 5045
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1038/s41598-019-41358-z	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Hayashida K, Orba Y, Sequeira PC, Sugimoto C, Hall WW, Eshita Y, Suzuki Y, Runtuwene L, Brasil P, Calvet G, Rodrigues CDS, dos Santos CC, Mares-Guia MAM, Yamagshi J, de Filippis AMB, Sawa H	4. 巻 13(6)
2. 論文標題 Field diagnosis and genotyping of chikungunya 1 virus using a dried reverse transcription loop-mediated isothermal amplification (LAMP) assay and MinION sequencing.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 PLoS Neg Trop Dis	6. 最初と最後の頁 e0007480
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pntd.0007480	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Wastika CE, Sasaki M, Yoshii K, Anindita PD, Hang'ombe BM, Mweene AS, Kobayashi S, Kariwa H, Carr MJ, Hall WW, Eshita Y, Orba Y, Sawa H	4. 巻 164
2. 論文標題 Serological evidence of Zika virus infection in non-human primates in Zambia	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 2165-2170
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00705-019-04302-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する



1. 著者名 Carr M, Gonzalez G, Martinelli A, Wastika CE, Ito K, Orba Y, Sasaki M, Hall WW, Sawa H	4. 巻 55(5)
2. 論文標題 Upregulated expression of the antioxidant sestrin 2 identified by transcriptomic analysis of Japanese encephalitis virus-infected SH-SY5Y neuroblastoma cells.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Virus Genes	6. 最初と最後の頁 630-642
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11262-019-01683-x	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Muleya W, Chambaro HM, Sasaki M, Gwenthure LF, Mwenechanya R, Kajihara M, Saasa N, Mupila Z, Mori-Kajihara A, Qiu Y, Kangwa E, Mweene A, Namangala B, Takada A, Sawa H	4. 巻 55(5)
2. 論文標題 Genetic diversity of rabies virus in different host species and geographic regions of Zambia and Zimbabwe.	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Virus Genes	6. 最初と最後の頁 713-719
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11262-019-01682-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Harima H, Sasaki M, Kajihara M, Mori-Kajihara A, Hang'ombe BM, Changula K, Orba Y, Ogawa H, Simuunza M, Yoshida R, Mweene A, Takada A, Sawa H	4. 巻 82(2)
2. 論文標題 Detection of novel orthoreovirus genomes in shrew ( <i>Crocidura hirta</i> ) and fruit bat ( <i>Rousettus aegyptiacus</i> ).	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 The Journal of Veterinary Medical Science	6. 最初と最後の頁 162-167
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1292/jvms.19-0424.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Simulundu E, Ndashe K, Chambaro HM, Squarre D, Reilly PM, Chitanga S, Changula K, Mukubesa AN, Ndebe J, Tembo J, Kapata N, Bates M, Sinkala Y, Hang'ombe BM, Nalubamba KS, Kajihara M, Sasaki M, Orba Y, Takada A, Sawa H.	4. 巻 26
2. 論文標題 West Nile Virus in Farmed Crocodiles, Zambia, 2019	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Emerging Infectious Diseases	6. 最初と最後の頁 811-814
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3201/eid2604.190954.	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計19件（うち招待講演 4件 / うち国際学会 3件）

1. 発表者名 Sasaki M, Orba Y, Anindita PD, Ishii A, Nakamura I, Kimura T, Ito K, Sawa H
2. 発表標題 Identification of distinct lineages of bufavirus in wildlife.
3. 学会等名 The 3rd Sapporo Summer Seminar for One Health (SaSSOH) (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 澤 洋文、佐々木 道仁、大場 靖子
2. 発表標題 人獣共通感染症克服に向けたアプローチ
3. 学会等名 第57回 知の拠点セミナー（招待講演）
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Muleya W, Chambaro H, Kajihara M, Saasa N, Mori A, Qiu Y, Sasaki M, Gwenthure L, Mweene A, Namangala B, Takada A, Sawa H
2. 発表標題 Genetic diversity of rabies virus circulating in different hosts and regions in Zambia and Zimbabwe.
3. 学会等名 第64回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Identification of a Mosquito-Borne Orbivirus in Zambia.
3. 学会等名 第64回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 澤 洋文、佐々木 道仁、佐々木 聡子、ガブリエル ゴンザレス、石井 秋宏、伊藤 公人、大場 靖子
2. 発表標題 ウイルスメタゲノム解析による食虫コウモリが保有するA型ロタウイルスの検出。
3. 学会等名 第39回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 Sawa H, Matsuno K, Nakao R, Sasaki M, Orba Y
2. 発表標題 Discovery of diverse arthropod bunyaviruses in field-collected mosquitoes and ticks and their evolution
3. 学会等名 第65回日本ウイルス学会学術集会（招待講演）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Orba Y, Hang 'ombe BM, Mweene AS, Anindita PD, Wallaya P, Wada Y, Sasaki M, Eshita Y, Sawa H
2. 発表標題 Discovery of diverse mosquito-borne bunyaviruses in field-collected mosquitoes.
3. 学会等名 第65回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Wastika CE, Sasaki M, Yoshii K, Hang 'ombe BM, Mweene AS, Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Serosurveillance of Zika and Yellow fever viruses in wildlife in Zambia
3. 学会等名 The 6th Sapporo Summer Seminar for One Health (SaSSOH) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Orba Y, Phongphaew W, Kobayashi S, Chambaro HM, Hang'ombe MB, Mweene AS, Sasaki M, Eshita Y, Sawa H
2. 発表標題 Evidence of West Nile virus circulation in Zambia
3. 学会等名 第66回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Wastika CE, Sasaki M, Yoshii K, Hang'ombe BM, Mweene AS, Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Serological evidence of Zika virus infection in Zambian non-human primates.
3. 学会等名 第66回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Orba Y, Phongphaew W, Kobayashi S, Chambaro HM, Hang'ombe MB, Mweene AS, Sasaki M, Eshita Y, Sawa H
2. 発表標題 First evidence of West Nile virus circulation in Zambia
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Wastika CE, Sasaki M, Yoshii K, Hang'ombe BM, Mweene AS, Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Neutralizing antibodies to Zika virus in African non-human primates
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Chambaro HM, Sasaki M, Simulundu E, Kombe I, Sinkala Y, Maseko A, Choopa C, Fandamu P, Squarre D, Munyeme M, Harima H, Simuunza M, Mweene A, Eshita Y, Hang ' ombe BM, Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Molecular and serological surveillance for Bluetongue virus in Zambia
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 澤 洋文、佐々木 道仁、江下 優樹、大場 靖子
2. 発表標題 ザンビアの野生動物、節足動物からの病原体の検出と単離
3. 学会等名 第2回SFTS研究会・学術集会（招待講演）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Sawa H, Sasaki M, Qiu Y, Eshita Y, Hang ' ombe BM, Mweene AS, Orba Y
2. 発表標題 Developmental Strategy of the International Collaboration Research for Zoonosis Control Identification of pathogens from arthropods and wildlife in Zambia
3. 学会等名 Tsukuba Conference 2019（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 播磨勇人、鳥居志保、邱永晋、梶原将大、衛藤芳樹、Barnard M Hang ' ombe、大場靖子、江下優輝、好井健太郎、高田礼人、Martin Simuunza、澤洋文
2. 発表標題 ザンビアのマダニから検出した新規フラビウイルスの遺伝子解析
3. 学会等名 第26回トガ・フラビ・ベスチウイルス研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Wastika CE, Sasaki M, Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Molecular characterization of Barkedji and Barkeji-like virus isolated from mosquitoes in Zambia
3. 学会等名 第67回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Wastika CE, Sasaki M, Orba Y, Sawa H
2. 発表標題 Isolation and identification of dual-host affiliated insect-specific flaviviruses from Culex mosquitoes in Zambia.
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Wastika CE, Orba Y, Sasaki M, Eshita Y, Hang 'ombe BM, Wolfinger MT, Hall WW, Sawa H
2. 発表標題 Discoveries of dual-host affiliated insect-specific flaviviruses in Zambia.
3. 学会等名 U.S.-Japan Cooperative Medical Sciences Program's 22nd International Conference on Emerging Infectious Diseases in the Pacific Rim
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Carr MJ, Gozalez G, Teeling EC, Sawa H	4. 発行年 2020年
2. 出版社 Caister Academic Press	5. 総ページ数 224
3. 書名 Bats and Viruses: Current Research and Future Trends	

〔産業財産権〕

[ その他 ]

北海道大学人獣共通感染症リサーチセンター 分子病態・診断部門ホームページ

<http://www.czc.hokudai.ac.jp/pathobiol/>

Home page of Division of Molecular Pathobiology, Research Center for Zoonosis Control, Hokkaido University,

<http://www.czc.hokudai.ac.jp/pathobiol/en/>

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	大場 靖子  (Orba Yasuko)  (60507169)	北海道大学・人獣共通感染症リサーチセンター・講師   (10101)	
研究 分 担 者	佐々木 道仁  (Sasaki Michihito)  (70609403)	北海道大学・人獣共通感染症リサーチセンター・特任助教   (10101)	