



「鳥インフルエンザがヒトに伝播するメカニズム」

(平成 18～22 年度 特別推進研究 (課題番号: 18002014)
「新型インフルエンザウイルスの出現機構とその制圧」)

所属・氏名: 東京大学・医科学研究所・教授・河岡 義裕

1. 研究期間中の研究成果

・背景: アジア各国で H5N1 高病原性鳥インフルエンザウイルスが猛威を振るっており、本ウイルスはヒトにも感染し多数の死者が確認されている。今のところ、このウイルスはヒトからヒトへ効率よく伝播することができない。しかし、ひとたび、そのような能力を獲得すると、スペイン風邪規模 (世界中で 4 千万人以上が死亡) のパンデミックを引き起こすのは必至である。

・研究内容及び成果の概要: H5N1 ウイルスによるパンデミックの危機に備えるため、様々な H5N1 ウイルスの性状を解析し、このウイルスのヒトへの伝播・増殖性に関わるアミノ酸を特定した。さらに、2009 年にパンデミックを引き起こしたウイルスの性状を解析し、その出現メカニズムを明らかにした。

2. 研究期間終了後の効果・効用

・研究期間終了後の取組及び現状: パンデミックウイルスの出現メカニズムを解明するために、インフルエンザウイルス粒子中のウイルス遺伝子の立体構造を解析した。高病原性 H5 鳥インフルエンザウイルスがヒト-ヒト間で飛沫伝播を起こすのに重要なアミノ酸変異を同定した。2013 年に中国でヒトから分離された H7N9 鳥インフルエンザウイルスの性状を明らかにした。これらの成果は、野外で流行している鳥インフルエンザウイルスのパンデミックポテンシャルを理解し、対策を講じる上で重要な知見である (図 1)。

・波及効果: 先回りをして、パンデミックを起こす可能性のあるウイルスの性状を明らかにし、ヒトへの伝播・増殖性に関わる変異を同定することは非常に重要である。サーベイランスによって分離されたウイルスのアミノ酸配列ならびにその病原性や伝播性などの性状解析により流行ウイルスのリスク評価を行うことができる。得られた情報は公衆衛生上非常に重要であり、備蓄ワクチンの準備など政策決定にも必須の情報となる。したがって図 2 に示すような研究体制を整えていくことが今後必要だと思われる。

・2009年パンデミックウイルスの性状解析
・鳥インフルエンザウイルスのパンデミックポテンシャル

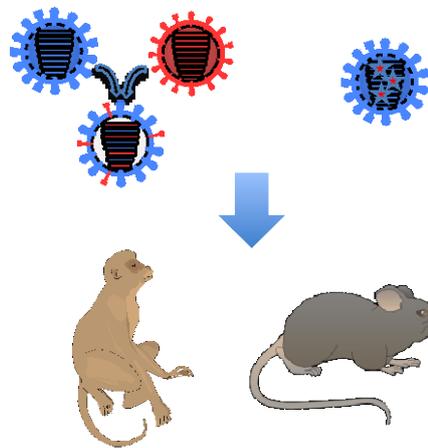


図 1.インフルエンザウイルスのパンデミックポテンシャル

サーベイランス

先回り実験
動物での検証

政策決定
(備蓄ワクチンの準備など)

図 2. パンデミック対策を目指した研究体制