

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 27 日現在

機関番号：82603

研究種目：基盤研究(B) (海外学術調査)

研究期間：2013～2016

課題番号：25305010

研究課題名(和文) 東南アジアにおける吸血節足動物媒介性ウイルスの網羅的探索とリスクマップ作製

研究課題名(英文) Comprehensive exploration of blood-feeding arthropod-derived arboviruses and mapping risk for arbovirus infection in Southeast Asia

研究代表者

沢辺 京子 (Sawabe, Kyoko)

国立感染症研究所・国立感染症研究所・部長

研究者番号：10215923

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,300,000円

研究成果の概要(和文)：東南アジアにおける節足動物媒介性ウイルスのリスクマップ作製に向けて、それらが保有するウイルスを網羅的に探索した。フィリピンの捕集蚊から negevirus グループに属する新規ウイルスを2株分離し、1株を Bustos virus と命名した。哺乳類細胞に強い CPE を認めた蚊プールから NGS 法により、ピコルナウイルス様、Tanay virus およびソベモウイルス様配列を得た。マレーシア捕集のマダニ3属をウイルス分離に供し、ベトナム捕集のオオサシガメから、哺乳類細胞で増殖性を示す新規フレボウイルスを分離した。ベトナム捕集蚊と保有ウイルスの情報をもとに、リスクマップ作製に向けたウイルスマップを試作した。

研究成果の概要(英文)：A comprehensive exploration of blood-feeding arthropod-derived arboviruses was performed for risk mapping of arbovirus infection in Southeast Asia. In the Philippines, two distinct viruses were isolated from the mosquitoes, showing rapid replication and strong CPEs in mosquito C6/36 cells: one is a new strain of Negev virus from *Culex vishnui* and the other is a new negevirus designated Bustos virus from *Mansonia* sp. Furthermore, several genome information of virus-like sequences were obtained using the NGS (e.g. Family Picornaviridae, tanay virus, and sobemovirus) from mosquito pools, which showed severe CPEs in mammalian cells. Three genera of ixodid ticks were captured from Malaysia, and then viruses from the specimens were determined. A novel phlebovirus indicating the proliferation with mammalian cells was isolated from a pool of Vietnamese triatomine bugs, *Triatoma rubrofasciata*. A virus map was created as the first step for risk mapping against virus infection in Vietnam.

研究分野：衛生昆虫学

キーワード：蚊媒介性ウイルス マダニ媒介性ウイルス サシガメ媒介ウイルス 次世代シーケンス解析 アルボウイルス分布図 リスクマップ作製 国際情報交換

## 1. 研究開始当初の背景

近年の地球温暖化、交通網のグローバル化に伴い、わが国における新興・再興感染症に対する流行監視体制の強化が望まれている。日本を含む東南アジア諸国では、気温上昇や降水量の増加により、蚊やマダニなど吸血節足動物の分布域の拡大、活動期間の延長が懸念され、それに伴う節足動物媒介性ウイルス(アルボウイルス)感染症の流行域の拡大や流行頻度の増加、変異ウイルス出現頻度の上昇、さらには、熱帯・亜熱帯地域からの新たなウイルスの侵入も予想されるようになった。これらアルボウイルスには、野鳥や野生動物を増幅動物として利用し、人に近い住環境に生息する愛玩動物にも感染する人獣共通感染症も多いことから、今後は、人以外の動物を吸血する媒介節足動物も対象とする必要があることから、アルボウイルス感染症に対する新たな調査・研究が望まれる。

**蚊媒介感染症**においてはマラリアが代表的ではあるが、他方、ウエストナイル熱、日本脳炎、デング熱/デング出血熱、黄熱など多くのウイルス感染症を蚊が伝播することもよく知られている。近年では、カリブ海周辺国や東南アジア諸国にもチクングニア熱の流行域が拡大するなど、世界中にアルボウイルス感染症が広く蔓延している状況にある。これらのウイルス感染症は、ウイルス保有者からだけではなく、感染蚊や感染動物(野鳥等)がウイルスを海外から持ち込む可能性も指摘されている。また、近年、日本やインドネシアの蚊から新規昆虫フラビウイルス(CXFBV, AEFV)が発見され、ベトナムからは Banna virus (BAV), Quang Binh virus (QBV), Nam Dinh virus (NDiV), Dak Nong virus (DKNV)が相次ぎ分離された。日本国内においても Omono River virus (OMRV)や *Culex tritaeniorhynchus* rhabdovirus (CTRV)等の新たなウイルスの存在も明らかになり、これら新規昆虫ウイルスの発見は、日本脳炎ウイルス(Japanese encephalitis virus; JEV)やデングウイルスをはじめとする既知の人獣共通感染性ウイルスとの間のベクター体内および細胞内での競合・干渉等の相互作用に関する研究に世界的な関心を集めるきっかけとなった。

**ダニ媒介感染症**においては、リケッチアを病原体とする日本紅斑熱の流行が国内では多数報告されているが、2011年に重症熱性血小板減少症候群(Severe fever with thrombocytopenia syndrome; SFTS)による死亡例が国内で初めて報告されて以降、20%を超える高い致死率、50-60名の患者が毎年発生し、その流行域は年々拡大していることなどが報告され、一気に国民の危機感を募らせた。海外では、主にマダニが伝播するロシア春夏脳炎や中央ヨーロッパ脳炎などのダニ脳炎が極東アジア

や欧州で流行しており、人に高い致命率と重篤な経過をもたらすことが知られている。幸いわが国では、1993年にダニ脳炎の症例が1例報告されたのみではあるが、国内への侵入が危惧される外来性のウイルス感染症である。

**吸血性サシガメ**は、アフリカ大陸や南米では原虫症であるシャーガス病の媒介昆虫として知られているが、国内でも沖縄地方に生息することが確認されている。しかし、サシガメが生物学的伝播に関わるアルボウイルスについての報告はこれまでになく、サシガメの吸血によるウイルス感染症のリスク評価自体ほとんどなされていない。本課題で海外調査地としたベトナムにおいても、近年、サシガメによる刺咬被害が多く報告されるようになったことから、急遽計画に加え、サシガメが媒介するアルボウイルスの感染リスクについても検討することにした。

我々は、基盤研究(B)(海外学術調査)(H21-24年度、課題番号21406012)の課題の下に、東南アジア諸国に分布する主要な媒介節足動物である蚊とヌカカを対象に、それらが保有する人や家畜の未知病原ウイルスを網羅的ウイルス探索法(Rapid determination system of viral RNA sequence; RDV)により探索し、次いでそれら分離された新規ウイルスのウイルス学的諸性状を明らかにするなど、一連の検出系を確立することができた。本法により、これまでに国内外の捕集蚊およびヌカカから既知および新規のウイルスを分離し報告してきたが、未同定のままの感染性因子はまだ多く残っている。そこで本課題では、それらの同定と性状解析をさらに発展させるとともに、新たにマダニおよびサシガメを対象に加え、媒介節足動物のウイルス探索を実施する。

## 2. 研究の目的

東南アジアにおける節足動物媒介性ウイルスの自然界での多様性の実態把握を目標とし、近隣のアジア諸国(特に、フィリピン・ベトナム・マレーシア)において、蚊、マダニおよびサシガメが保有する未知の病原ウイルスを網羅的かつ総合的に探索する。RDV法あるいは次世代シーケンサー(Next-generation sequencer; NGS)を使用してウイルス全ゲノム配列を迅速に決定するNGS法により、得られた分離ウイルスのウイルス学的特性を明らかにする。これらの情報をもとに東南アジア地域からのアルボウイルス感染症の日本への侵入監視、アウトブレイクに対応する危機管理体制構築に貢献することを目指し、人獣に対する感染リスクを評価するためのリスクマップ作製に資する情報をできるだけ多く収集することを最終目的とした。

海外からの病原体ならびにベクターの侵入

を監視するためには、近隣諸国との協力、情報共有が不可欠であることから、海外拠点として選定した国々で、国内と同様のウイルスサーベイランスを実施する。これにより、東南アジア全域を視野に入れたアルボウイルスの網羅的な探索に発展させることができる。本研究の調査地としたフィリピン・ベトナム・マレーシアは、日本に飛来する渡り鳥や長距離移動性昆虫の発生源、あるいは移動経路上にある地点と考えられており、これらの国々での感染症情報は、わが国での感染症の流行を予察する上で重要な情報となることが予想される。さらに、これまでに構築した協力体制を更に強固な関係とする中で、様々な手技・手法の基本的情報の共有化と標準化も目指している。

### 3. 研究の方法

#### 1) マダニの捕集

2013年11月、フィリピンルソン島南西部に位置するLaguna州Los Banosにおいて、植物園、大学構内の牧場、郊外の牧場および林道等の合計6カ所でマダニ調査を行った。2014年3月は、同Laguna州、Cavite州、Quezon州を調査地とし、草地、落ち葉のつもった林内、牧場等で白色フェルト生地を用いたフランネル法により植生マダニを捕集した。合計11カ所で4~5名が、1カ所あたり30分間マダニを捕集した(30分間捕集法)。また、牧場所有者の許可が得られた場合は、家畜の体表より直接採取した。2015年4月は、同Laguna州内の2カ所および東部ミンドロ島で調査を行った。2016年12月は、マレーシアのKuala Lumpur, Gombak, Cameron Highlands, Fraser's Hill周辺の合計22地点において、上述したフランネル法により植生マダニを捕集し、さらに、飼育動物(ウシ、ヤギ、ネコ、ヒツジ、イヌ、七面鳥、ニワトリ)の体表から直接マダニを採取した。

得られたマダニは、形態的特徴や遺伝子解析により種を同定し、マダニリストを作成した。マダニの種構成と発生・分布状況を明らかにするとともに、地理情報(GIS, GPS, RS, ALOS等)をもとに環境情報ならびに疫学情報を整理し、リスクマップ作製に利用した。

#### 2) 蚊, マダニ, サシガメからのウイルス分離と検出

検体とした節足動物の虫体をTissueLyser II (Qiagen)により破碎して乳剤を調製し、各種培養細胞接種によるウイルス分離を行った。分離に用いた培養細胞は、蚊検体には主にC6/36(ヤブカ幼虫由来)、MSQ43(ハマダラカ幼虫由来)、Vero(サル腎由来)、BHK-21細胞(ハムスター腎由来)を用いたが、マダニ検体は、HuLu-1細胞(ハムスター肺由来)および複数の

鳥類細胞への接種を試みた。乳剤接種後一週間程度培養し、複数回のblind passageを繰返しながら細胞変性効果(Cytopathic effect; CPE)出現の有無とその様態を観察した。CPEが認められたサンプルを中心に培養上清を回収し、この過程で分離され、当該地域に分布が確認されている既知のアルボウイルス(フラビウイルス、トガウイルス、ブニヤウイルス、レオウイルス、ラブドウイルス科に属すウイルス)に関しては、すでに確立しているRT-PCRおよびReal-time PCRなどの遺伝子検出法や免疫学的検出法を用いて迅速にスクリーニングし、ウイルス種を同定した。

#### 3) NGS法による新規アルボウイルスの網羅的探索と性状解析

上記細胞上でCPEが観察された培養細胞上清からウイルス粒子を粗精製した。この粗精製サンプルから総ウイルス核酸を抽出し、Genome Analyzer IIx (Illumina)を使用したNGS法により全ゲノム配列の迅速決定を試みた。得られた多数のリード配列を基にしたDe novoアセンブルにより、未知ウイルスゲノム配列は再構築し、リード配列が既知ウイルスに相同性が認められた場合は、配列アセンブリングを行った。ウイルスゲノムの末端配列は、RACE法(Frohman *et al.*, 1988)あるいはSPAT法(Attoui *et al.*, 2000)で決定した。また、蚊およびマダニ乳剤から直接、総ウイルス核酸を抽出し、NGS法での解析も試みた。次いで、全ウイルスゲノム構造を解析し、遺伝子配列に基づく分子進化系統樹解析を行い、既知のウイルスとの類縁関係や起源を考察し、電子顕微鏡によるウイルス粒子形状の観察、細胞内増殖部位の特定、ウイルス構成蛋白質の特性、各種培養細胞における増殖特性など、ウイルス学的性状を明らかにした。塩基配列は、PCR増幅断片のダイレクトシーケンス(ABI 3130xl genetic analyzer system, Applied Biosystems)あるいはNGS法により決定した。

#### 4) ウイルスマップの作製

上述した調査地における蚊およびマダニの種構成と発生・分布状況を明らかにし、捕集蚊およびマダニリストを作成した。また、各調査地の環境情報および疫学情報は、調査時に入手、あるいはweb上のソフトを利用して整理し、リスクマップ作製を目指した。本研究においては、まずベトナムにおけるウイルスマップを試作した。

### 4. 研究成果

#### 1) 蚊保有ウイルスの探索(フィリピン)

2009年、ルソン島の中部に位置するBulacan州Bustosで捕集された蚊から、negevirusグループに属すると考えられる新

規ウイルス2株(PL17株とPL42株)を分離し、全ゲノム配列を決定した。ニセシロハシエカ *Culex vishnui* プールより分離された PL17 株は、Negev virus の新規株であり、*Mansonia* 属蚊プールから分離された PL42 株は、Negevirus グループに属すると考えられる新規の1本鎖RNAウイルスであることが判明した(Bustos virus と命名; Fujita *et al.*, 2017) (図1)。C6/36細胞におけるウイルス増殖能を調べたところ、感染後6時間からウイルス粒子が培養上清中に放出され、16時間後にはプラークを形成するなど、極めて速い増殖性が観察された(図2)。配列解析の結果、本ウイルスは約8kbのゲノム中に3つの遺伝子(ORF1, 2, 3)をコードしていること、ORF1はRdRpをコードしていることが明らかになった。また、ウイルス粒子構造を電子顕微鏡で観察し、粒子中の蛋白質の配列を解析して major coat protein が ORF3 にコードされていることを確認した。さらに、蚊由来培養細胞における本ウイルスの転写を解析した結果、各ORFをコードする subgenomic RNA(1, 2, 8 kb)を合成していることも明らかになった。

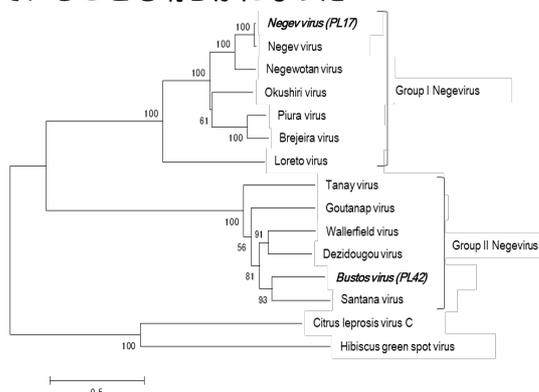


図1. 新規 Negev virus 分離株 PL17 および PL42 (Bustos virus) の系統解析

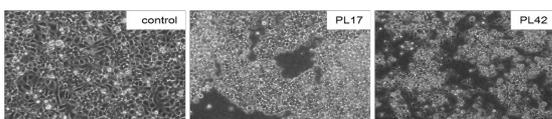


図2. PL17 (中央) および PL42 (Bustos virus) (右) の C6/36 細胞に観察された CPE

2010年10月にルソン島の各地で捕集されたネッタシマカ *Aedes aegypti* (雌121頭)、ヒトスジシマカ *Ae. albopictus* (雌2頭)、クロヤブカ属蚊 *Armigeres* spp. (雌344頭)から作成した44プールをウイルス分離に供した。C6/36細胞への接種後、クロヤブカ属蚊プールの5プールにおいて強いCPEが観察されたため、それらの培養上清からRNAを抽出し、既知ウイルス(フラビウイルス、トガウイルス、プニヤウイルス、レオウイルス)の特異的プライマーを用いたRT-PCRを行ったが、全て陰性であった。次にNGS法により網羅的な配列解析を行ったところ、ピコルナウイル

ス様の配列が見出され、総リード数の過半数を占めていた。その他に Tanay virus やソベモウイルス様の配列も確認された。

## 2) マダニ保有ウイルスの探索(フィリピン)

2013年11月、ルソン島南西部のLaguna州 Los Banosにおいて、植物園、大学構内の牧場、郊外の牧場、林道等の合計6カ所でマダニ相の調査を行い、オウシマダニ *Rhipicephalus microplus* 幼虫が数頭捕集された。

2014年3月には、同Laguna州、Cavite州、Quezon州において、草地、落ち葉の積もった林内、牧場等の合計11カ所で同様の調査を行い、少なくとも7カ所からオウシマダニが捕集された。フランネル法では幼虫のみが捕集されたが、家畜(牛)からは若虫および成虫が採取された。

2015年4月の調査では、ルソン島および東部ミンドロ島の各調査地で認められた動物種の中で、ウシ、イヌ、ヤギ、シカ、カラバオの体表にマダニを認めたが、ブタ、ウマ、ヒツジ、イノシシ、クジャク、ニシキヘビに咬着しているマダニは見出せなかった。得られたマダニは、オウシマダニおよびクリロコイタマダニ *R. sanguineus* で、前者は調査地全域から、後者はイヌのみから採取された。上述した実験系でこれらマダニからのウイルス分離を試みたが、これまでにウイルスは分離されていない。

## 3) マダニ保有ウイルスの探索(マレーシア)

2016年12月、マレー半島のUlu Gombak周辺において、フランネル法によるマダニ捕集を試み、キララマダニ属 *Amblyomma*、カクマダニ属 *Dermacentor*、チマダニ属 *Haemaphysalis* を捕集した。特に、キララマダニ属とカクマダニ属の成虫は大型動物に依存することから、Ulu Gombak周辺に分布するイノシシがマダニ相との関係が深いと推測された。現在、それらからのウイルス分離を進めている。

## 4) サシガメ保有ウイルスの探索(ベトナム)

首都ハノイ市内で2016年に捕集されたオオサシガメ *Triatoma rubrofasciata* 8頭から2プールの乳剤を作成し、ウイルス分離を行ったところ、1プールからBHK-21細胞およびVero細胞で増殖性を示す新規フレボウイルスが分離・同定された。現在、本ウイルスの増殖特性ならびに詳細な遺伝子構造について検証を行っている。

## 5) ウイルスマップ作製

先行研究も含め、これまでにベトナムで捕集された蚊から6種以上のウイルスが分離・検出されている。それらウイルスを保有していた蚊種を整理したところ、JEVの主要な媒

介蚊とみなされているコガタアカイエカは、JEV 以外にも複数のウイルスを保有していることが明らかになった。ベトナム国内においても、調査地点数は依然として少ないが、今後はこのような節足動物の捕集成果とウイルス保有状況ならびに地理情報をもとに、アルボウイルス感染症に対するリスクマップ作製を目指すことになる。

## 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 8 件)

1. Choi CY., Kang CW., Kim EM., Lee S., Moon KH., Oh MR., Yamauchi T., Yun YM. Ticks collected from migratory birds, including a new record of *Haemaphysalis formosensis* Neumann, on Jeju Island, Korea. *Exp. Appl. Acarol.*, 2014, 62(4): 557-566.
2. Ejiri H., Kuwata R., Tsuda Y., Sasaki T., Kobayashi M., Sato Y., Sawabe K., Isawa H. First isolation and characterization of a mosquito-borne orbivirus belonging to the species *Umatilla virus* in East Asia. *Arch. Virol.*, 2014, 159(10): 2675-2685.
3. Masuda T., Nagai N., Yamasato H., Tsuchiaka S., Okazaki S., Katayama Y., Oba M., Nishiura N., Sassa Y., Omatsu T., Furuya T., Koyama S., Shirai J., Taniguchi K., Fujii Y., Todaka R., Katayama K., Mizutani T. Identification of novel bovine group A rotavirus G15P [14] strain from epizootic diarrhea of adult cows by de novo sequencing using a next-generation sequencer. *Vet. Microbiol.*, 2014, 171(1): 66-73.
4. Bui VN., Mizutani T., Nguyen TH., Trinh DQ., Awad SS., Minoungou GL., Yamamoto Y., Nakamura K., Saito K., Watanabe Y., Runstadler J., Huettmann F., Ogawa H., Imai K. Characterization of a genetic and antigenic variant of avian paramyxovirus 6 isolated from a migratory wild bird, the red-necked stint (*Calidris ruficollis*). *Arch. Virol.*, 2014, 159(11): 3101-3105.
5. Sasaki T., Higa Y., Bertuso AG., Isawa H., Takasaki T., Minakawa N., Sawabe K. Susceptibility of indigenous and transplanted mosquito spp. in Japan to dengue virus. *Jpn. J. Infect. Dis.*, 2015, 68(5): 425-427.
6. Hoshino K., Isawa H., Kuwata R., Tajima S., Takasaki T., Iwabuchi K., Sawabe K., Kobayashi M., Sasaki T. Establishment and characterization of two new cell lines from the mosquito *Armigeres subalbatus* (Coquillett) (Diptera: Culicidae). *In Vitro Cell. Dev. Biol. Anim.*, 2015, 51(7): 672-679.
7. Fujita R., Kuwata R., Kobayashi D., Bertuso AG., Isawa H., Sawabe K. Bustos virus, a new member of the negevirus group isolated from a *Mansonia* mosquito in the Philippines. *Arch. Virol.*, 2017, 162(1): 79-88.
8. Sasaki T., Kuwata R., Hoshino K., Isawa H., Sawabe K., Kobayashi M. Argonaute 2 suppresses Japanese encephalitis virus infection in *Aedes aegypti*. *Jpn. J. Infect. Dis.*, 2017, 70(1): 38-44.

〔学会発表〕(計 47 件)

2013 年 (7 件), 2014 年 (16 件)  
2015 年 (10 件), 2016 年 (14 件)

〔2016 年分のみを掲載〕

34. 山内健生, 比嘉由紀子, Bertuso AG, 沢辺京子. フィリピンのルソン島とミンドロ島における家畜寄生マダニの調査. 都市有害生物管理学会第 37 回大会, 東京, 2016 年 2 月.
35. 小林大介, 伊澤晴彦, 藤田龍介, 江尻寛子, 比嘉由紀子, Bertuso AG, 佐々木年則, 小林睦生, 太田伸生, 沢辺京子. 疾病媒介蚊が保有するウイルスの迅速・網羅的な同定手法の開発. 日本昆虫学会第 76 回大会・第 60 回日本応用動物昆虫学会合同大会, 大阪市, 2013 年 3 月.
36. 佐々木年則, 鎌田龍星, 星野啓太, 伊澤晴彦, 澤邊京子, 小林睦生. 日本脳炎ウイルスに対するネッタイシマカの抗ウイルス機構. 第 68 回日本衛生動物学会大会, 宇都宮市, 2016 年 4 月.
37. 山内健生, 比嘉由紀子, Bertuso AG., 沢辺京子. フィリピンのルソン島とミンドロ島における家畜寄生マダニの調査. 第 68 回日本衛生動物学会大会, 宇都宮市, 2016 年 4 月.
38. 藤田龍介, 鎌田龍星, Bertuso AG, 比嘉由紀子, 小林大介, 佐々木年則, 伊澤晴彦, 沢辺京子. フィリピン捕集蚊より分離された Negevirus の解析. 第 68 回日本衛生動物学会大会, 宇都宮市, 2016 年 4 月.
39. 伊澤晴彦, 藤田龍介, 小林大介, 江尻寛子, 糸川健太郎, 山内健生, 加藤大智, 三條場千寿, 小林睦生, 佐々木年則, 沢辺京子. 次世代シーケンサーを用いた吸血性節足動物保有ウイルスの迅速・網羅的な同定. 第 68 回日本衛生動物学会大会, 宇都宮市, 2016 年 4 月.
40. 沢辺京子, 前川芳秀, 今西望, 小林大介, 津田良夫. 九州地方にばけるアジア型コガタアカイエカの生息調査. 第 68 回日本衛生動物学会大会, 宇都宮市, 2016 年 4 月.
41. 沢辺京子. ブラジルにおけるジカウイルス感染症の現状および媒介蚊に関する現地視察報告. 第 68 回日本衛生動物学会大会, 宇都宮市, 2016 年 4 月.
42. Sawabe K. Mosquito collection in Brazil. Workshop on cooperation studies for Zika virus between Japan and Brazil, 東京, 2016 年 7 月.
43. Fujita R., Kuwata R., Kobayashi D., Bertuso AG, Isawa H., Sawabe K. Characterization of

- Bustos virus, a new member of the Negevirus group isolated from a *Mansonia* mosquito in the Philippines. 49th Annual meeting of the society for invertebrate pathology: International Congress on Invertebrate Pathology and Microbial Control, France, 2016年7月.
44. 藤田龍介, 伊澤晴彦, 沢辺京子. 蚊が運ぶウイルス - Zika, Dengue, そしてさらに見つかる新規ウイルスたち -. 第12回昆虫病理研究会シンポジウム, 岩沼市, 2016年9月.
  45. 佐々木年則, 鎌田龍星, 星野啓太, 伊澤晴彦, 澤邊京子, 小林睦生. なぜネッタシマカは, 日本脳炎ウイルスのベクターにならないのか - 蚊体内での考察 -. 第68回日本衛生動物学会東日本支部大会, 東京, 2016年10月.
  43. 沢辺京子. デング熱等蚊媒介感染症と媒介蚊について. 日本内科学会学術集会第44回内科学の展望, 東京, 2016年11月.
  47. Fujita R., Kuwata R., Kobayashi D., Bertuso AG, Isawa H., Sawabe K. Molecular analysis of Bustos virus, a new isolate from *Mansonia* mosquito. 第39回日本分子生物学会, 横浜市, 2016年11月.

〔図書〕(計 12 件)

1. 水谷哲也. 世代シーケンサーを用いた新しいウイルス発見方法. モダンメディア, 013, 59(8): 209-215.
2. 沢辺京子. 3. 日本脳炎ウイルスの国内越冬と海外飛来. 特集 わが国でも問題のベクター媒介性感染症. 学療法の領域, 2014, 30(2): 39-49.
3. 佐々木年則, 関なおみ. 10. シラミ媒介性感症特に塹壕熱の現状と今後の課題. 特集 わが国でも問題のベクター媒介性感染症. 化学療法の領域, 2014, 30(2): 106-113.
4. 沢辺京子. 10. わが国に侵入してくる蚊媒介性感染症とそのベクター. 昆虫科学読本 虫の目で見た驚きの世界. 東海大学出版部, 秦野市, 138-154.
5. 沢辺京子. SFTS 対策に向けたマダニ類の全国調査. ペストコントロール, 2015, 169: 33-39.
6. 山内健生. 理科好きな子に育つふしぎのお話 365. 自然史学会連合監修. 誠文堂新光社, 東京, 2015, 36, 44, 67, 98 頁.
7. 沢辺京子. 理科好きな子に育つふしぎのお話 365. 自然史学会連合監修. 誠文堂新光社, 東京, 2015, 228 頁.
8. 沢辺京子. IV. 特論 蚊媒介感染症の予防と対策. 特集 新興・再興感染症 - グローバル化に伴う注目すべき感染症 -. 日本臨牀, 日本臨牀社, 2016, 74(12): 2057-2063.
9. 沢辺京子. コガタアカイエカ 驚異の飛翔能力で日本脳炎ウイルスを運ぶ, 旅する生き物 - 地球をめぐる命 -. milsil: 自然と科学の情報誌, 立科学博物館, 2017, 10(2): 22-25.
10. 沢辺京子. I部 がもたらす感染症と健康被害. 招かれぬ虫の話 - 虫がもたらす健康被害と害虫管理. 東海大学出版部, 野市, 2017, 1-3, 20-25.
11. 山内健生. I部 虫がもたらす感染症と健康被害. 3章 マダニ人体刺症とその対策. 招かれぬ虫の話 - 虫がもたらす健康被害と害虫管理. 東海大学出版部, 秦野市, 2017, 42-55.
12. 比嘉由紀子. II部 招かれぬ虫たちとの関わり方 対策と利用. コラム5 分析ツールとしてのDNAバーコーディングの可能性. 招かれぬ虫の話 - 虫がもたらす健康被害と害虫管理. 東海大学出版部, 秦野市, 2017, 150-152.

〔産業財産権〕

出願状況 (計 0 件)

取得状況 (計 0 件)

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

沢辺 京子 (SAWABE KYOKO)

国立感染症研究所・昆虫医科学部・部長  
研究者番号: 10215923

### (2) 研究分担者

伊澤 晴彦 (ISAWA HARUHIKO)

国立感染症研究所・昆虫医科学部・室長  
研究者番号: 90370965

佐々木 年則 (SASAKI TOSHINORI)

国立感染症研究所・昆虫医科学部・主任研究官  
研究者番号: 10300930

水谷 哲也 (MIZUTANI TETSUYA)

東京農工大学・農学部・教授  
研究者番号: 70281681

比嘉 由紀子 (HIGA YUKIKO)

長崎大学・熱帯医学研究所・助教  
研究者番号: 40404561

山内 健生 (YAMAUCHI TAKEO)

兵庫県立大学・自然・環境科学研究所・准教授  
研究者番号: 40404561

### (3) 連携研究者

駒形 修 (KOMAGATA OSAMU)

国立感染症研究所・昆虫医科学部・主任研究官  
研究者番号: 20435712