

日本－フィリピン－ベトナム 国際共同研究 「非医療分野での新型コロナウイルス感染症（COVID-19）対策研究」 2021 年度 年次報告書	
<b>研究課題名（和文）</b>	コウモリ由来新型コロナウイルス感染症の発生予測に向けたシミュレーションモデルの開発
<b>研究課題名（英文）</b>	Development of a Simulation Model for Prediction of the Next Outbreak of Bat-derived Coronavirus Infection in Humans
<b>日本側研究代表者氏名</b>	大松 勉
<b>所属・役職</b>	東京農工大学農学部・准教授
<b>研究期間</b>	2021 年 4 月 1 日 ～ 2023 年 3 月 31 日

## 1. 日本側の研究実施体制

氏名	所属機関・部局・役職	役割
大松 勉	東京農工大学・農学部・准教授	野外調査の実施と次世代シーケンス解析
久和 茂	東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授	野外調査の実施と PCR 検査
渡辺 俊平	岡山理科大学・獣医学部・准教授	野外調査の実施と PCR 検査
辰巳 賢一	東京農工大学・農学部・准教授	GIS 情報の収集・蓄積とシミュレーションモデルの開発

## 2. 日本側研究チームの研究目標及び計画概要

日本側疫学チームは、フィリピン及びベトナム国内での疫学調査に参加（年 2 回を予定）し、フィリピン検体について RT-PCR により新型コロナウイルスの保有状況を明らかにする。加えて、ベトナム側疫学チームのサポートを行う。また、新型コロナウイルス陽性検体については、次世代シーケンス解析によりウイルスゲノムを決定し、系統解析等を行う。日本側データサイエンスチームは収集したデータを活用してコウモリの分布予測モデルの開発を進める。

### 3. 日本側研究チームの実施概要

本研究プロジェクトでは、日本、フィリピン、ベトナムとの3カ国と共同で各地に生息するコウモリを対象にコロナウイルスの保有状況やその生態情報を収集すると共に、植物の分布状況や気象、土地利用情報を収集し、それらを基にコウモリからくるコロナウイルスのリスクを予測することを目的としている。

2021年度は、COVID-19の影響により、現地での大規模疫学調査が行えない状況であったことから、これまでの海外疫学調査で収集したコウモリ120頭から採取したサンプルを対象にコロナウイルス遺伝子及びコロナウイルス特異的抗体の検出を行った。コウモリの腸管スワブ及び腸管を対象としたPCR法によるコロナウイルス遺伝子の検出の結果、腸管スワブからのみコロナウイルス遺伝子が検出され、腸管からはコロナウイルス遺伝子は検出されなかった。また、既存のRdRp領域を対象としたコロナウイルス共通プライマー及びS領域を対象としたSARS-CoV-2特異的プライマーではウイルスゲノムが確認されなかったものの、ORF1a領域を対象としたSARS-CoV-2特異的プライマーでのみコロナウイルス遺伝子が検出された。また、血清を対象としたELISA法によりSARS-CoV-2特異的抗体の検出を試みたが、特異的抗体は検出されなかった。以上の結果から、腸管スワブサンプルを中心にコロナウイルスゲノムの検出を行うことを確認した。また、これまでに行った定点調査により100頭分のスワブサンプルを入手しており、現在、これらのサンプルの解析を進めている。コウモリの動態予測モデルにおいては、コウモリ発生源を仮定し、コウモリの移動プロセスを理論計算し、コウモリの移動経路や任意の場所におけるコウモリの数を予測するモデルの開発を進めている。本モデルは、実際のコウモリの密度分布データが得られた際に、コウモリがどの程度気象条件や土地利用によって移動するかを推定することができる。平行して、ある地点で得られたコウモリの数を基にして、そのコウモリの数や密度に影響を及ぼしたコウモリ発生源のエリアを統計的に逆推定するレセプターモデルの開発を進めている。現在、トラップされたコウモリ数の実測値を用いて、そのコウモリがどこから飛来してきたのかについてのモデル計算を実施予定としている。