

2024 年度年次報告書

パンデミックに対してレジリエントな社会・技術基盤の構築

2023 年度採択研究代表者

川崎 純菜

千葉大学 大学院医学研究院

特任助教

動物由来ウイルス感染症の発生リスクを評価する技術基盤の構築

研究成果の概要

本年度は、動物由来ウイルスによる感染症発生リスクを評価するため、公共データベースに蓄積されてきた次世代シーケンス(NGS)データを再利用し、大規模なウイルスゲノム疫学調査を実施した。

SARS-CoV-2 や鳥インフルエンザなどの動物由来ウイルスによって、これまでに多くの感染症が引き起こされてきた。将来のパンデミックに備えるためには、ヒトだけでなく動物も対象とした感染症対策、すなわち One Health 理念に基づくアプローチが求められる。しかし現状では、こうした包括的な疫学調査体制は十分に確立されておらず、その結果、ヒトに感染が広がるまでリスクとなるウイルスの存在を認識できないという問題がある。

そこで本研究では、データベースに蓄積されてきた NGS データを活用した大規模ウイルス感染調査を提案する。NGS 法は、サンプル中の塩基配列を網羅的に解読する手法であり、サンプルにウイルスが含まれていれば、そのウイルスのゲノム配列も同時に解読される。このような NGS データの多くは、元々ウイルス研究を目的に取得されたものではないが、これまでに解析したデータの約2%において、多様な RNA ウイルスの感染が検出されている。

本年度は、哺乳類や鳥類に加え、ダニや蚊といったウイルス媒介動物にも調査対象を拡大し、生態系におけるウイルスの多様性や分布域の解明に取り組んだ。本研究を通じて、NGS データの再利用という新たなアプローチによって継続的なウイルスゲノム疫学調査体制を確立することは、今後発生しうる動物由来ウイルス感染症への備えとして不可欠である。