



ムーンショット型研究開発事業
新たな目標検討のためのビジョン策定

「野生動物に由来する未知の感染症に対する
次世代リスクマネジメントシステム構築のための
調査研究」
調査研究報告書

令和3年7月

目標検討チーム「動物由来感染症マネジメント検討チーム」

チームリーダー：

- ・ 安藤 清彦
(農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究部門 主任研究員)

サブリーダー：

- ・ 新井 暢夫
(農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究部門 研究員)

チームメンバー：

- ・ 肥田野 新
(One Health Research Fellow, Communicable Diseases Policy Research Group,
Department of Global Health and Development, Faculty of Public Health and Policy,
London School of Hygiene and Tropical Medicine)
- ・ 坂本 佳子
(国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター 主任研究員)
- ・ 岡 岳彦
(ワールドフュージョン株式会社 技術営業部)
- ・ 峯 淳貴
(農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究部門 研究員)
- ・ Simon Firestone
(Senior Lecturer in Veterinary Epidemiology and Public Health Coordinator –
Master of Veterinary Public Health Program Melbourne Veterinary School, Faculty of
Veterinary and Agricultural Sciences The University of Melbourne)
- ・ 須田 遊人
(農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究部門 研究員)
- ・ 澤井 宏太郎
(農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究部門 研究員)

Contents (目次)

I. Concept (MS 目標案のコンセプト)

1. Proposed MS Goal (MS 目標案)
 - 1.1 Proposed MS Goal title (MS 目標案の名称)
 - 1.2 Vision for 2050 society (実現したい 2050 年の社会像)
2. Targets (当該 MS 目標の達成シーン。2050 年 (及び 2030 年) に何が実現しているか)
3. Background (当該 MS 目標を設定した理由及び、目標達成の社会的意義等)
 - 3.1 Why now? (当該 MS 目標の設定や目標達成に向けた取組みが、今必要である理由)
 - 3.2 Social significance (目標達成の社会的意義)
 - 3.3 Action outline (当該 MS 目標の達成に向けた社会全体の取組み概要)
4. Benefits for industry and society
(当該目標達成によりもたらされる社会・産業構造の変化)

II. Analysis (統計・俯瞰的分析)

1. Essential scientific/social components
(当該 MS 目標を達成するための課題 (科学技術的・社会的課題) や必要な取組)
2. Science and technology map
(当該 MS 目標を達成するために取り組むべき研究開発の俯瞰)
3. Japan's position in overseas trends
(当該目標に関連する研究開発の動向 (全体)、海外動向及び日本の強み)

III. Plan for Realization (社会像実現に向けたシナリオ)

1. Area and field of challenging R&D, research subject for realization of the Goals
(挑戦的研究開発の分野・領域及び研究課題)
2. Direction of R&D for realization of Goals
(2030 年・2040 年・2050 年のそれぞれにおける、達成すべき目標 (マイルストーン)、マイルストーン達成に向けた研究開発、これによる波及効果)
3. International cooperation (目標達成に向けた国際連携の在り方)
4. Interdisciplinary cooperation
(目標達成に向けた分野・セクターを越えた連携の在り方)
5. ELSI (Ethical, Legal, Social Issues)
(目標達成に向けて取り組む上での倫理・法的・社会的課題及びその解決策)

IV. Conclusion (結論)

V. References (参考文献)

I. Concept（提案する MS 目標案のコンセプト）

1. Proposed MS Goal（MS 目標案）

1.1 Proposed MS Goal title（MS 目標案の名称）

「2050 年までに、動物由来の未知感染症に対するマネジメントシステムを構築し、感染症にレジリエントな社会を実現する」

1.2 Vision for 2050 society（実現したい 2050 年の社会像）

本報告書では、人々が感染症による恐怖と制約から解放され人と動物と環境が調和をもって共存繁栄する未来を 2050 年の社会像として提案する。その社会では、新興感染症に対する迅速な治療予防法開発が実現するとともに、自然環境中に存在する病原体が人間集団に飛び火しパンデミックを起こす環境・生態系要因などが明らかになり、病原体が人社会へと伝播する前段階で感染症発生リスクを適切にマネジメントすることが可能となる。

人に新興感染症を引き起こす病原体の実に 75%が動物由来感染症と報告されているように（Taylor et al., 2001）、新興感染症の発生は動物と密接に関係している。近年、野生動物由来の病原体に起因する感染症が増加している背景には、人の社会活動による急激な環境（生態系）破壊とそれに伴う生物多様性の劣化が関連しており、加えて、野生動物から人へと病原体を媒介する牛・豚・鶏などの家畜動物を大量に密集した環境下で飼育することも、野生動物由来感染症のリスクを助長する要因と考えられている。このように、野生動物に由来する感染症の問題は、人社会における医療技術を向上させるだけでは根本的な解決になりえず、病原体を保有する野生動物や病原体を伝搬する家畜動物などの動物衛生面の問題、そして野生動物が生息する自然環境や生態系保全における問題など多面的な課題を解決しなければならない。

本報告書で提案する未来では、このような関連課題の解決を通じてあらゆる生物の健康と生物間の均衡が保たれた「ワンヘルス」の概念が真に体现された社会の実現が期待される（Figure 1）。

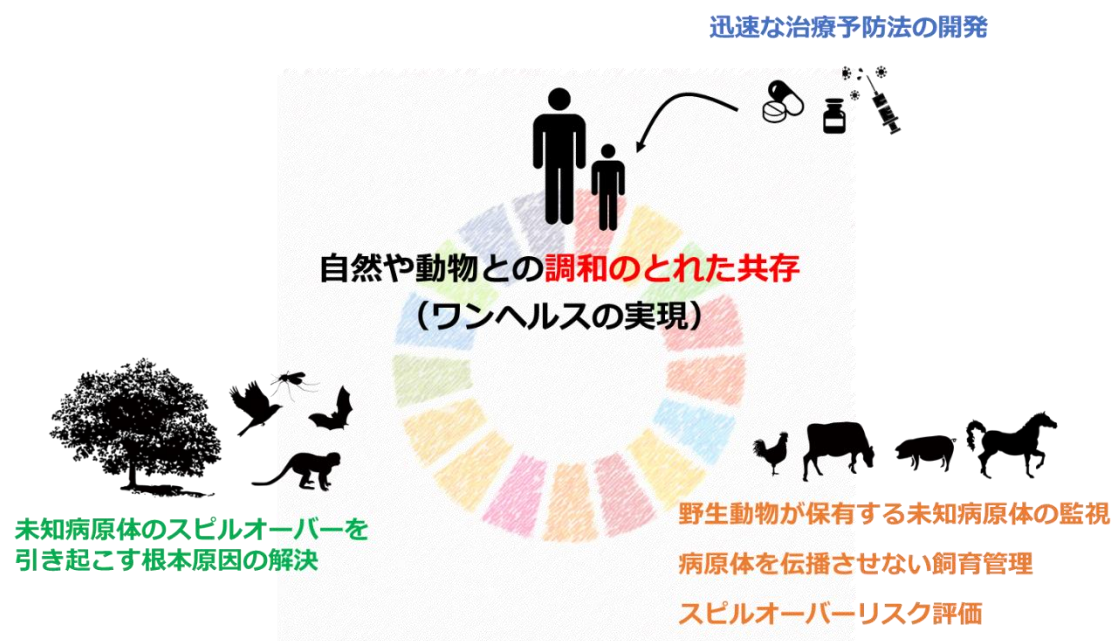


Figure 1 人と環境、動物すべての健康が保たれ調和をもって共存する未来像
理想の社会の実現は、SDGs（Sustainable Development Goals（持続可能な開発目標））の達成とも深く関与する。

2. Targets（当該 MS 目標の達成シーン。2050 年（及び 2030 年）に何が実現しているか）

本報告書で提案する理想の社会が実現することで、人々が未知の感染症に対する恐怖と制約から解放されるとともに、人々が自分の生活や行動が自然環境に及ぼす影響についてマインドフルになり、健全で地球と調和した人生を謳歌することができる未来が到来する。その未来では、人類が生態系を構成する一員であることを深く理解し、人類のみならず、あらゆる生物の健康と生物間の均衡が保たれた「ワンヘルス」の概念が真に体现され、持続可能な社会システムが実現していることが期待される。

このコンセプトのもと、2050 年までに以下のような達成シーンが想定される。

- ・ 未知の新興感染症発生に対しても迅速に治療予防法が開発される体制が整う
- ・ 野生動物が保有する未知病原体の監視体制が整うとともに、異種動物間で感染伝播するメカニズムが解明される
- ・ パンデミックリスクを増大させる環境・生態系要因が明らかとなり、その根本原因のマネジメントに配慮した社会活動が行われる

3. Background（当該 MS 目標を設定した理由及び、目標達成の社会的意義等）

3.1 Why now?（当該 MS 目標の設定や目標達成に向けた取組みが今必要である理由）

緒言

2019 年に端を発した COVID-19 のパンデミックは、人々の健康および経済状況に対して多大な被害を引き起こしており、2021 年 7 月の現時点においてもいまだに収束の兆しが見えない。COVID-19 の発生は、現在の社会システムでは未知の感染症を予測し、迅速に治療予防薬を開発することおよび経済と健康を両立させた公衆衛生対策の実施が極めて困難であることを改めて我々に突きつける結果となった。COVID-19 への対策は、遺伝的に近縁なコロナウイルスが原因である重症急性呼吸器症候群（SARS）や中東呼吸器症候群（MERS）を経験した過去があったため想定よりも早いワクチン開発が可能となったが、もしも今後まったく新しい系統の病原体による新興感染症が発生した場合は、その対策は一層困難なものになると予想される。そのため、今後人類が継続的に発展していくためには、感染症への脆弱性を克服し、未知の病原体による将来的なパンデミック発生リスクをマネジメントする体制を早急に構築する必要がある。

近年の人獣共通感染症発生状況

新興感染症の発生は野生動物と人の接触による病原体伝播が原因となるため、その流行は主に社会構造的に野生動物と人との接触機会が多くなると考えられる発展途上国に限定されていた。しかし、近年国際的な人の移動が活発になっていることもあり、世界的な感染症発生リスクは劇的に増加している。実際に、過去 100 年間の期間に人類は数多くの人獣共通感染症の危機にさらされてきた（Figure 2）。これらの人獣共通感染症を引き起こす病原体の大半がウイルスであったことから、今後も野生動物が保有するウイルスに由来するパンデミックが発生する危険性は極めて高いと予想される。

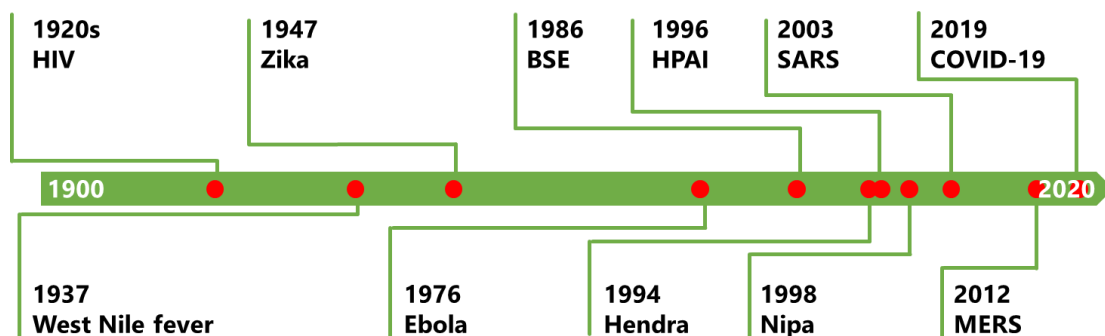


Figure 2 この100年間に発生した主な人獣共通感染症（UNEP report “Preventing the next pandemic - Zoonotic diseases and how to break the chain of transmission. 2020”を参考に作成）。その大半が野生動物に由来するウイルスが原因である。

ワンヘルスによる人獣共通感染症対策

野生動物由来の病原体に起因する感染症が増加している背景には、人の社会活動による急激な環境（生態系）破壊とそれに伴う生物多様性の劣化があり、さらには野生動物から人へと病原体を仲介する家畜動物もリスクを助長する要因と考えられている（Johnson et al., 2020）。そのため、野生動物に由来する感染症の問題は、人社会における医療技術を向上させるだけでは根本的な解決になりえない。つまり、将来的な人獣共通感染症の発生リスクをマネジメントするためには、人のみならず動物と環境すべてが健康でなければならないというワンヘルスの理念に基づき医学・獣医学・環境学などの枠組みを超えた対策を講じる必要がある。

自然環境の破壊と感染症の関係性

人獣共通感染症が野生動物から人社会へ浸潤（スピルオーバー）する背景にはいくつかの要素が複雑に絡み合っている。UNEP report (2020)において、人間の様々な社会活動がスピルオーバーに関わる主要な原因として挙げられており、特に動物性タンパク質の消費増加や非持続的な農業の拡大、野生動物の捕獲と利用の増加、フードサプライチェーンの変化といった食糧問題は発展途上国における切実な課題であるとともに、人獣共通感染症のリスクを高める要因とされている。また、食糧問題以外にも気候変動や資源問題、国際的な人流の増加など実に多様な社会的、経済的、環境的な問題が人獣共通感染症の発生に関わっている。世界の人口分布、都市化、植生、土地利用の変化、生物多様性や気候変動などの環境問題に関連する要素と感染症のデータを組み合わせたシミュレーション研究において、常緑の広葉樹林が存在し哺乳類の多様性が豊富で土地利用の変化が激しい地域ほど動物由来

新興感染症のリスクが高いホットスポットであり、前述の環境要素すべてが、人と野生動物の接触機会を増大させ、未知病原体のスピルオーバーの可能性を高める危険性があると報告されている (Allen et al., 2017) (Figure 3)。ゆえに、将来的な人獣共通感染症発生リスクを低減するためには、医学的な課題に加えて環境問題への解決アプローチも必要とされる。

Global hotspot map of estimated risk in zoonotic disease emergence

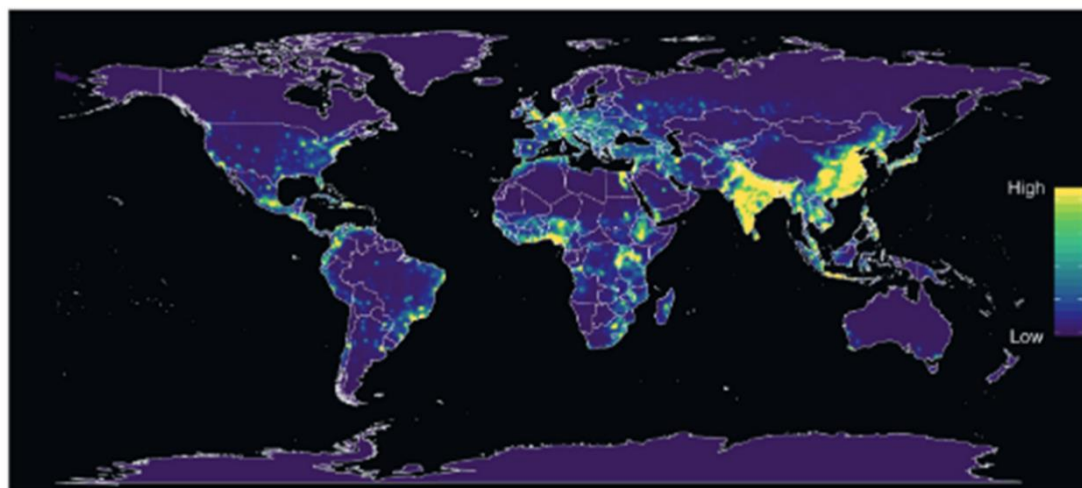


Figure 3 人獣共通感染症リスクホットスポット (Allen et al., 2017 より)。人口分布、都市化、植生、土地利用の変化、生物多様性や気候変動等の要因をもとに人獣共通感染症発生リスクを試算した結果、日本を含む東南アジアが特にリスクが高い地域とされている。

家畜動物が感染症伝播に果たす役割

家畜動物を介した病原体伝播に関して、Johnson et al. (2020)は家畜が野生動物と比較して多くの人獣共通感染症原因ウイルスを保有している事を報告した (Figure 4)。この事実は、密集したもしくは複数の家畜動物が混在する飼育環境および人から家畜への感染症の伝播 (Reverse zoonosis) によって、ウイルスが人への感染性・病原性を獲得しやすくなることで、家畜動物が野生動物と人社会の間でウイルスを伝播するための重要な仲介役となっていることを示唆している。例えば、本来人に感染する能力が低い野鳥由来の鳥インフルエンザウイルスが、豚を介して遺伝子変異や遺伝子再集合を引き起こし人への感染能を獲得することがよく知られている。実際に 2009 年に世界的大流行を起こしたインフルエンザウイルスは、人、豚、鳥由来インフルエンザウイルスの遺伝子再集合体であった。そのため、人・家畜・野生動物の適切なゾーニングと病原体の監視体制構築も人獣共通感染症リスクマネジメントに必要不可欠である。

The bipartite network of zoonotic viruses sharing among domestic and wild mammalian hosts

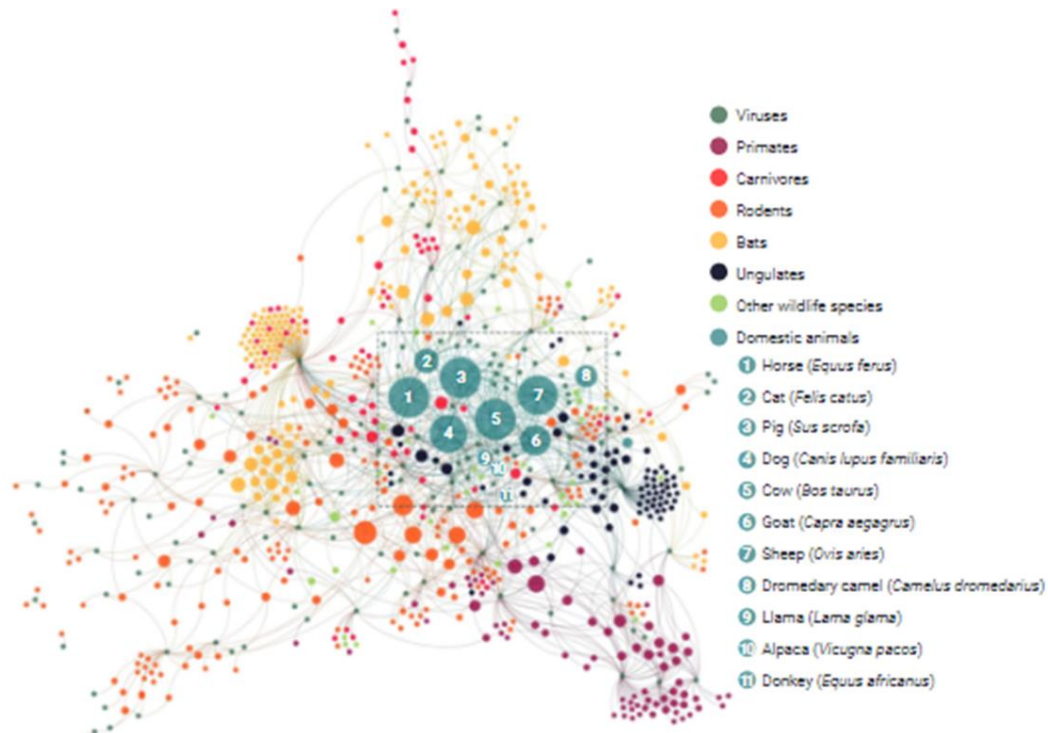


Figure 4 野生動物や家畜動物が保有する人獣共通感染症原因ウイルスのネットワーク (Johnson et al., 2020 より)。円の大きさはウイルス保有数を、ネットワークは共有するウイルスを示す。飼育動物が多様なウイルス系統を共有していることが示されており、野生動物と人間社会の間をつなぐ仲介役を担っていることがわかる。

ここまで述べた課題の中には、単純な科学技術的な研究開発のみでは根本的な解決が難しく国際的な枠組みの中での長期的・持続的な政策や支援が必要不可欠なものが非常に多い。ムーンショット研究開発においては、2050年の理想達成に向けて科学技術的な課題解決とともに上記のような社会的課題も併せて解決するための取り組みが期待される。

関連分野における最近の研究の潮流

日本において、感染症研究は国立研究開発法人日本医療研究開発機構（AMED）の助成により様々な研究課題が展開されている。それらの課題の中では国内における基礎研究のみならず海外との共同のための国際連携拠点整備も実施されており、国際的な感染症研究を

推進している。また、人に対する病原性ウイルス及び人獣感染ウイルスをナショナルバイオリソースとして収集・保存するためのプロジェクト（ナショナルバイオリソースプロジェクト）や生体試料をバンキングするための取り組み（新興・再興感染症リポジトリ事業）が2021年より開始されるなど、今後の人獣共通感染症の発生を見据えたプロジェクトも多く実施されている。さらに、近年では情報工学分野との学際融合によりAIを用いた創薬を促進するためのコンソーシアム（Life Intelligence Consortium）が形成されるなど、日本における医学研究分野においては未知感染症に対する備えが着々と進められている。

関連するムーンショット課題など

ムーンショット型研究開発事業において、目標2「2050年までに、超早期に疾患の予測・予防をすることができる社会を実現」の課題のひとつとして「ウイルス-人体相互作用ネットワークの理解と制御」が実施されている。人医学分野における未知病原体への治療予防法開発のための研究と本課題が連携することにより、人におけるパンデミックリスクを大きく軽減することが期待される。また、ムーンショット目標4「地球環境再生に向けた持続可能な資源循環を実現」や目標5「未利用の生物機能等のフル活用により、地球規模でムリ・ムダのない持続的な食料供給産業を創出」では、発展途上国での食料問題や資源問題の解決が目標とされており、本課題が目指す「人獣共通感染症の発生リスクが低減した社会の実現」にも大きく貢献する。さらに、新たな目標を設定するためのミレニアプログラムにおいて、生物多様性や自然との共生システムを解明する課題、植物を利用した自律的な食糧調達を目指す課題、人類の調和を実現する課題、地域分散型社会の実現を提案する課題などが採択されている。間接的ではあるものの、いずれも未知の感染症の発生リスクを上昇させる諸問題を将来的に解決に導くものや国際的連携を実現するものであり、こうした課題とタイアップを図ることで、本課題を確実に達成するための多角的なアプローチを手に入れることができる。

現時点での課題

上記のように、人医学分野や環境問題に関連する研究開発はすでに既存ムーンショット目標等の中で着手され始めている。しかしながら、野生動物における病原体の研究に関しては、国内外で野生動物が保有する未知病原体の収集と解析が実施されているものの、将来的なリスクを監視するための研究開発はその投資メリットが示しにくく継続的な予算確保が難しいという問題等により、これまで収集されてきた情報が人医学分野のように体系的に蓄積活用される状況までには至っていない。理想とする社会を実現するためには、野生動物と環境、生態系に着目した研究開発を推進して関連分野と同等以上に技術を向上させると

ともに、それぞれの課題で得られた成果が蓄積、連携する体制を整え、その情報を活用する仕組みを構築しなければならない。

総括

将来的な人獣共通感染症発生リスクに備えた体制を構築するためには、各分野単独での研究開発を推進するのみならず、人医学における研究開発や家畜動物や野生動物等が保有する未知病原体の情報収集、環境における生物多様性や土壌・植生に関する情報の蓄積といった各分野の成果を統合し、未知の感染症リスクにかかわる情報を総合的に判断する必要がある。そのため、ワンヘルスの理念に基づいた多面的な人獣共通感染症対策の実現に向けて、関連分野の学際融合研究をさらに推進するための基盤研究の必要性が高まっている。人医学分野や食糧・資源問題といった環境分野に貢献する先進的な研究開発はすでに他のムーブメント目標において実施されている。そのため、人獣共通感染症対策をより効果的に推進するために今求められていることは、それらの既存課題とともに野生動物における感染症リスクを評価するための研究を並行して推進し、各分野が効率的に連携するための基盤技術を開発することだと考えられる。

そこで本調査研究では、理想とする社会を実現するために必要な要素の一つとして野生動物から人社会へと病原体がスピルオーバーするリスクを制御するための研究開発を主なターゲットにするとともに、ワンヘルスの構成要素である人医学・動物・環境それぞれの研究分野の境界領域において各分野の研究を橋渡しするための基盤技術構築が目標達成に必要な不可欠な要素であると想定し、研究開発計画を構想する（Figure 5）。



Figure 5 既存 MS 目標と本調査研究課題のターゲット領域の俯瞰

3.2 Social significance (目標達成の社会的意義)

野生動物由来感染症の制圧に向けた対策は、今後早急に取り組むべき現実的な課題であり、COVID-19 の流行により新興感染症の脅威が全世界の共通認識となった現在、その必要性を疑う余地はない。また、家畜動物を介した野生動物由来病原体の伝播は、人類に健康被害を与えるのみならず畜産業の生産基盤や生產品の国際貿易にも大きな影響を与え、食料安全保障の観点からも大きな問題となる（農林水産政策研究所研究資料、2007）。そして、自然環境にまつわる問題はいずれも国際的な課題として解決に向けた取り組みが求められている。このように、野生動物由来感染症に関わる問題は、それぞれ単独でも解決が望まれる大きな課題が絡み合っているものであり、これらの課題解決を通じた未知の感染症に対するリスクマネジメントは、人間と環境、動物が調和をもって共存繁栄する上で必須の課題であると考えられる。

目標が達成された社会においては、現在人類が把握しきれていない自然環境中に存在するあらゆる病原体の情報が可能な限り可視化されるとともに、それらの情報が適切に管理蓄積される体制が確立されることで、未知の疾病に対する恐怖からの解放が期待される。自然環境中に存在する病原体を根絶することは不可能であるため、パンデミックリスクを完全にゼロにすることは極めて困難と考えられるが、リスクとなりえる病原体を可能な限り既知のものとし、そのスピルオーバーリスクをモニタリング、マネジメントする体制の構築

により、目標の達成を目指す。

また、目標達成の過程においては感染症に関連する情報とともに様々な生態系・環境情報を取得することができる。これらの情報を活用することで、未知の人獣共通感染症によるパンデミックリスクを増大させる根本原因である人の社会活動や、それに起因する環境問題の解決策立案に対して感染症マネジメントという観点での知見を提供することができる。このように、本目標の達成は単純な感染症の課題解決のみならず、周辺分野の課題解決に対しても波及効果をもたらすと考えられる。

以上の通り、2050年に達成を目指す社会の実現は、感染症リスクに対するマネジメントシステム構築という手段を通じて現在の国際的な共通目標であるSDGsの達成に貢献し、人と動物と環境が相互に良い状態を保つことで人類の健康を守るという「ワンヘルス」の概念が体现された調和のとれた共存社会の実現につながるため、その意義は極めて大きいと考えられる。

3.3 Action outline（当該MS目標の達成に向けた社会全体の取り組み概要）

ここまで述べたとおり、人獣共通感染症対策に関わる課題は、人医学分野における問題のみならず国際的な環境問題や食糧問題、生態系の保全、家畜衛生など極めて多岐にわたる。そのため、関連分野の研究者が実施する基礎研究や分野横断的な学際研究に加えて、国際的な枠組みの中で日本としてのナショナルアクションプランを策定するための政策や、パンデミックのホットスポットとなり得る発展途上国の支援（キャパシティビルディング）、世界各国と情報を共有して協力体制を構築するための国際連携が必要不可欠である。また、異分野連携を効率的に促進するための関連法規の整備なども併せて検討しなければならない。

上記取り組みを継続的に実施するためには、人獣共通感染症対策がもたらす産業的、商業的、社会的なメリットを国民が納得できる形で示す必要がある。「将来的な危機に対する備え」は問題が生じていない状況では軽視されがちだが、人類にとって必要不可欠な要素であることはCOVID-19の流行により誰もが実感した事実である。このような「備え」のための活動を必要不可欠な投資として社会全体のコンセンサスとしていくためには、産官学が一体となってオープンサイエンス、サイエンスコミュニケーションといった面でも計画的な取り組みを行う必要がある。

また、病原体の遺伝子配列のような情報の取り扱いについては、危機管理のための迅速公開と研究者のプライオリティが互いに矛盾するという問題があり、また、生物兵器への技術転用の可能性（デュアルユース問題）など、解決すべき課題が山積している。これらの課題を解決するための新たなデータ管理手法や法規則の整備も必要と考えられる。

さらに、感染症の研究にはバイオセーフティが適切に管理された施設運用が極めて重要

であり、国内の研究機関において広く研究開発を実施するためには、全国に高度なバイオセーフティ施設を整備し、感染症を専門とする人材を育成することも重要な課題である。

このように、本調査課題における目標を達成するためには、研究者のみならず政治家、官僚、産業界等社会全体で取り組む体制作りが必要であり、研究開発と並行して将来を見据えた人材育成や専門機関の設置、施設の整備等を計画的に遂行しなければならない。このような社会的課題を解決するためには、行政分野における強力なリーダーシップが求められる。

4. Benefits for industry and society

(当該目標達成によりもたらされる社会・産業構造の変化)

本調査研究が目指す目標の達成は、感染症の問題のみならずその根本原因となる環境問題や食糧問題などの解決に向けた指針をもたらしことが期待される。これらの知見は関連するあらゆる分野の産官学それぞれのセクターにおいて波及効果をもたらし、SDGs 達成に向けた機運が一層高まることが期待される。

具体的には、本調査研究で蓄積される生態系情報、環境情報、病原体情報を統合した解析手法は、都市開発や土地利用計画を策定する際の重要な判断材料となりえる。昨今、人間の社会活動が生態系に与えた影響に対して、その影響を与えた場所とは異なる地域に多様性を持った生態系を構築することにより補償するという「生物多様性オフセット」という活動や、食糧や水の供給、気候の調整、資源確保や災害への備えのような生態系サービスがもたらす自然資本の考え方を経済学に導入するべきという提言が行われるなど、産業及び経済の世界も大きな転換期を迎えている（ダスグプタ・レビュー）。そのため、今後は従来の金銭による商業的価値のみならず、環境負荷や持続発展性を考慮した企業活動が新しい価値を持つことで、現在とは異なる価値観での産業構造や評価形態が生まれる可能性がある。そのような新たな社会的価値の変革期において、本調査研究が実施する課題は「感染症リスクも考慮した生物多様性の保全」がもたらす資産価値を評価するための基盤研究となりえる。

また、COVID-19 の流行は、感染症に対する研究投資が安全保障上きわめて重要な案件であることを改めて浮き彫りにした。Dobson et al. (2020)の報告によると、10 年間のパンデミックの予防的対策に必要なコストは COVID-19 による経済損失のわずか 2%程度だと試算されている。また、Global Virome Project によると、哺乳類が持つ未知のウイルスをすべて調査するためのコストは、感染症研究の年間予算の 1/4 程度だとされている（Carroll et al., 2018, Holmes et al., 2018）。このように、予防的な研究開発や調査に継続的な投資を行うことは、長期的に見れば十分に合理的といえる。そのため、将来のパンデミック発生という国難に対処できるよう、安全保障上の国策として感染症にかかわる研究や基盤技術を

いかに強化していくか、そしてその重要性をいかにして国民と共有するかという課題の解決が今後の最優先課題と考えられる。この課題解決に向けて、行政が強力なリーダーシップを発揮し、先見性をもって感染症対策の基盤となる技術の発展改良を継続することが期待される。将来的には、関連分野の情報を連携する体制を整える過程で感染症研究のボトルネックとなりえる行政の縦割り構造も改革され、迅速柔軟な対応が可能な社会が到来するものと思われる。

II. Analysis（統計・俯瞰的分析）

1. Essential scientific/social components

（当該 MS 目標を達成するための課題（科学技術的・社会的課題）や必要な取組み）

I の項目で述べた通り、本報告書で提案する理想の社会を実現するためには実に多様な分野における多面的な取り組みが必要である。本調査研究報告書では、ウイルスをパンデミックリスクが高い病原体と考え、特に野生動物から人社会へとウイルスがスピルオーバーするリスクを制御するための研究開発に関わる分野に焦点を当てて分析を行った。

未知の人獣共通感染症リスクをマネジメントするためには、ワンヘルスの理念に基づき関連分野間の密接な連携体制を構築し、学際融合研究により環境および動物に潜在するリスクを明らかにすることが必要である。そのためには、野生動物や家畜動物、病原体を媒介する節足動物を含む環境中に存在するあらゆる関連情報を継続的に監視収集し、病原体と自然宿主の共存状態の理解や異種動物間の伝播様式、種の壁を超えるメカニズム等を研究することで、それらの病原体が人社会にスピルオーバーするリスクを適切に評価・モニタリングするシステムを構築しなければならない。

これらの課題を解決するには、野生動物が保有する未知の病原体を効率よく探索するための技術開発や、病原体が種の壁を越えて感染する際の詳細な分子メカニズムを解明するための基礎的研究を推進する必要がある。また、人へと病原体が伝播するきっかけとなる人と環境中リスク要因（野生動物や媒介動物）の接触機会を制御する手法の研究も必要と考えられる。加えて、これらの研究開発を効率的に実施するためには野生動物の捕獲調査のようなフィールドワークが必要不可欠であり、業務を円滑に遂行するための分野横断的な研究者間の協力体制構築や、フィールドワークが研究者および自然環境に与える影響を最小限にする調査法の確立、法規制の改革も同時に必要となる。

将来的に自然環境、生態系情報と病原体の情報を組み合わせたリスク分析やマネジメントを実現するためには、病原体以外の情報についてもその質と量をこれまで以上に向上させ、調査研究で得られた生態系・環境・病原体の情報を紐づけて蓄積することが求められる。そのためには、情報を効率的かつ高精度に収集する技術を開発する必要があり、蓄積された

データを適切に蓄積し連携可能とする技術体系を確立しなければならない。

社会学的な課題として、病原体伝播のリスク要因となる人と環境中のハザード因子との接触につながるような人の社会行動が時代とともに変化していくことを考慮して対策を講じなければならない。ここでいう環境中のハザード因子とは、例えば病原体を保有している可能性が高い動物種や媒介生物としての節足動物、吸血昆虫等であり、リスク回避の方法論も例えば人と動物の距離をとり接触機会を減らすゾーニング対策から、病原体を媒介する生物を駆除するという対策まで多岐にわたる。一例として、ダニ媒介性感染症である重症熱性血小板減少症候群（Severe fever with thrombocytopenia syndrome: SFTS）では、ダニからの感染を防ぐ目的で草むらなどに入るときの服装に対して注意が促されている。また、2014年に国内発生した蚊媒介性感染症であるデング熱の際には、公園の封鎖や、公園への蚊の駆除剤散布などが行われた。このように、一般の人の行動の変化が求められるものから、行政的な対応により行われるものまで多様な方法があり、明らかとなったリスク因子に対してどのような社会行動の変容を行うことが効果的か、研究開発により得られたリスク情報を活用して社会科学的な面からも検証することが必要と考えられる。

また、パンデミックを引き起こす病原体の出現リスクは環境問題や食糧問題と密接に関係しているため、そのホットスポットは世界のごく一部の途上国等に集中している。そのため、上記の研究開発は日本のみならず国際的な枠組みの中で実施されなければならず、国際機関との協調が必要不可欠である。日本においても、海外の感染症対策を行う専門機関（Centers for Disease Control and Prevention: CDC など）に相当する国内機関の設立と、国際的な枠組みの中でのナショナルアクションプラン策定などが必要になると予想される。

このように、全体を通して共通する課題として、「収集する情報の解像度を上げるための実験手法のさらなる発展」、「将来的な学際融合研究発展のための協力体制、基盤整備」、「データベースに蓄積される情報を連携させるための技術開発」、そして「これらの成果を効率的に運用するための関連法規の整備」「社会行動の変容」「国際連携」などが課題として描出される。

これらの課題を解決するため、以下の取り組みが必要と考えられる。

(1) 環境分野および動物衛生分野の研究で収集する情報の高解像度化

a) 病原体情報や野生動物生態情報の調査研究を高解像度化することの必要性について

野生動物に潜む未知の病原体によるパンデミックリスクを監視するためには、野生動物がどのような病原体を持っているのかを把握しなければならない。そのためには、実際に野生動物を捕獲してサンプリングを行いウイルス学的あるいは分子疫学的な解析を実施する

必要があり、このような調査研究を継続的に実施する体制を整える必要がある。特に、将来的な大規模データを用いた分析手法を実現するためには、収集する情報の大規模化・高解像度化が必要不可欠であり、情報収集の肝となるサンプリングにかかる調査研究を拡充していく必要がある。

未知の病原体を保有する自然宿主として特にコウモリやげっ歯類が注目されている。過去のパンデミック病原体の多くがコウモリを起源としているため、コウモリが保有する病原体の調査研究は世界的に実施されてきた（USAID PREDICT）。しかしながら、野生動物から人への病原体スピルオーバーには自然宿主であるコウモリ以外に伝搬を仲介する未知の動物の関与が大きく影響する。例えば、COVID-19 の原因である SARS-CoV-2 についてはセンザンコウが仲介役と予想されているものの、2021 年 3 月の WHO 調査報告書においても可能性を示唆するにとどまり、真の感染ルートは断定されていない（WHO 報告書）。そのため、未知病原体のスピルオーバーリスクを可視化するためには、コウモリのような病原体の主要な自然宿主のみならず、病原体を媒介する動物についても生態や生活圏、行動習性などに関する知見を蓄積していくことが望ましい。特定の動物種について行動生活圏や行動範囲を共にする動物種などの情報が明らかとなっていれば、病原体伝播ルートの迅速な同定が可能になると考えられる。

また、野生動物から人への病原体伝播を仲介する家畜動物の調査も注力すべき項目である。人社会におけるパンデミック発生の前兆として、家畜動物に病原体が浸潤している可能性は十分に考えられる。そのため、野生動物における情報の蓄積と並行して、野生動物と接触する可能性が高い地域における家畜動物の監視調査は人社会への病原体侵入リスクをマネジメントするうえで有用な情報をもたらすと考えられる。そのためにも、家畜動物における浸潤状況調査を実施可能な体制を構築し、家畜動物における病原体の浸潤状況を監視できる仕組み作りが大切である。このような情報収集体制構築は病原体スピルオーバーの予兆をつかむために必要不可欠であり、人社会に与える影響を評価するための重要な課題と考えられる。

野生動物が保有する病原体を調査するうえで、感染症研究者と野生動物研究者の協力体制が極めて重要である。野生動物の探索や捕獲には野生動物研究者の専門的な知識が必要であり、また、野生動物から病原体を探索する作業を安全に行うためには感染症研究者の専門知識が欠かすことができない。そのためには、両研究分野に属する研究者が強い協力体制を構築することが重要である。

b) 野生動物の生息域や共存種等の情報を網羅的に明らかにするための解析技術の開発

a)で述べた通り、人獣共通感染症対策の発展のためには自然界に生息する野生動物の生態

学的情報について、網羅的把握が必要不可欠である。この重要性を示す例として、近年日本国内での新興の人獣共通感染症として注目された SFTS が挙げられる。SFTS は 2010 年に中国で新規に発表されたウイルス性疾患であり、日本では 2013 年に初めて発生が報告され、以降患者の発生が続いている。原因である SFTS ウイルス (SFTSV) は、ダニと、シカやイノシシ、タヌキ、アライグマなどの野生動物の間で維持循環している。特にシカでは SFTS ウイルス抗体陽性率が 40%を超えるという報告もある (Maeda K, 2016)。また、タヌキやアライグマでは、抗体陽性率が数年で大きく増加したことも最近の調査から明らかとなり (Maeda et al., 2019)、野生動物での感染状況にも変化が生じていると考えられる。SFTS の患者は主に西日本で報告されているが、マダニのウイルス保有調査の結果、SFTSV は患者の報告がない地域を含めて広く国内に分布していると考えられている。一方、地域におけるシカでの抗体陽性率と、患者の発生数には関連があることが示唆されている。患者の発地域とウイルスの分布状況の違いから、ヒト・ダニ・シカなどの野生動物間の接触機会が地域別に異なると考えられ、リスク要因を把握していくことの重要性を示唆している。このように、人獣共通感染症発生の背景には、自然環境やダニ・シカ等の野生動物と、それらのリスクと接触する機会に影響を与える人の社会行動との関係性があり、野生動物の生態学的な情報の把握は重要となる。SFTS の場合、野生動物における抗体調査はウイルス感染リスクを知るうえで有用な指標となることが示唆されており、野生動物における感染拡大地域の把握と、それに伴うヒトへの感染リスクを知ることにつながっている。そのような野生動物の情報を高解像度で取得するためには、現在の主流である目視による観察や定点カメラ等を用いて得られたデータを研究者が逐一解析する方法ではハイスループット面で限界があり、先端技術を活用した新たな情報収集技術の開発が必要である。例えば、特定の環境を複数の階層からなるデータ (カメラによる動画データやドローン・衛星などから得られたサテライトデータ等) を組み合わせて環境の変化が野生動物の生息域に与える影響を解析し、継続的にモニタリングすることが可能になれば今までになかった新たな野生動物と人間の接触を早期に察知し、接触を未然に防ぐための介入を行うことが可能になる。

近年、環境中に生息する生物の情報を取得する方法として、環境 DNA 技術を駆使した解析が報告されている (Leempoel et al., 2020)。環境 DNA とは、湖沼や河川などに生息する生物から脱落した組織片や糞等に由来する DNA のことであり、環境 DNA を解析することで生物の生息分布域や個体数、生物量を類推することが可能となる。現在、環境 DNA 技術は魚類を含む水棲生物の解析において非常に強力なツールとして活用されている一方で、陸棲動物研究への応用についてはいくつか研究事例があるものの、本格的な導入にはさらなる技術発展が必要である。環境 DNA 検出技術を用いた陸棲野生動物の生態調査が可能になれば、野生動物の生息域や共存生物等の情報を簡便且つ大量に取得可能となることが期待される。

一方で、詳細な動物種の判別については遺伝子情報のみでは判別が困難なケースが多く、

現在でも専門家が解剖学的な特徴から判断を行う必要があるなど、課題が山積している。また、仮に遺伝子情報で動物種が判断できたとしても、遺伝子配列のみでは動物の年齢や性別、血縁関係までは判別できず、成体と幼体で生息域や行動範囲が全く異なる場合の解釈が難しいケースがある。この課題を解決する手法として、画像認識技術を用いた個体識別や全く新しい方法論での年齢推定技術の開発、遺伝子のエピジェネティックデータから年齢等を推定する技術の開発など、今後の発展が求められる。

c) 微量な病原体遺伝子を検出するための技術開発等

次世代シーケンサー (NGS) に代表される新世代の遺伝子解析技術の発展により、未知病原体の遺伝子情報を網羅的に取得解析する技術は飛躍的に向上した。しかしながら、ウイルスゲノムは宿主ゲノムと比較して極端にサイズが小さく、しかもそのゲノムは DNA または RNA、1 本鎖又は 2 本鎖であるなど多様性に富むため、いまだに検出が困難なケースも多い。PCR (polymerase chain reaction) を用いた遺伝子増幅技術を用いることで検出感度は向上するものの、その場合は部分的な遺伝子配列しか取得することができないことや、既知の配列を持つ病原体しか検出することができないといった課題があり、情報の解像度が低下してしまう。病原体に由来する遺伝子情報をさらに高効率かつ高精度に取得するためには、ハードとソフトの両面でさらなる技術開発が必要である。

また、NGS 機器は急激な技術革新により年々コストが低下しているものの、未だ研究現場において高価な技術であることに変わりはなく、設備が整った研究室でなければ運用が難しいという問題がある。この問題の解決のためには、現地でサンプリングした材料の劣化を防ぐための技術や、あるいは現地において低コストで簡便に NGS 解析を実施可能にする機器の開発が有用である。バイオセーフティや遺伝資源等の問題により病原体をサンプリング現場 (あるいは、ホットスポットである発展途上国) から持ち出すことが困難であることも多いため、現地で解析を行う技術は今後もニーズがあると考えられる。

最後に、これらの研究で収集する遺伝子配列の解析技術について、未知の病原体に由来する遺伝子配列を判別するためのソフトウェア面での手法開発も必要である。現在の手法はデータベースの登録情報に対する類似性などを指標としてウイルス遺伝子を探索しており、既知の遺伝子配列とは極端に異なる遺伝子配列を持つウイルスが存在した場合は検出が難しいという問題を抱えている。そのため、ソフトウェアの面でも未知の病原体遺伝子を発見するための技術開発が必要である。例えば、現在の配列類似性に基づいた病原遺伝子探索手法を発展させ、これまで認識されていなかった新たな類似性を見出すためのプログラム開発や、あるいは全く新しい方法論の開発などが求められる。

d) ウイルス分離に資する技術の開発

未知病原体の病原性や生体内における動態を詳細に解析するためには感染性のある病原体の取得が必要であるが、現在の技術では人工的に培養が可能なものは自然界に存在する微生物のごく一部であると考えられている。そのため、今後野生動物の保有する病原体を網羅的に調査するためには、未知の病原体を高効率に分離培養するための基盤技術の開発が必須である。あるいは、あらゆる病原体に対して、遺伝子配列から人工的に感染性のあるウイルスを作出する技術（リバーシジェネティクス系）を確立することができれば、ウイルス分離の代替法となりえるかもしれない。野生動物に由来する病原体を分離培養できるようになれば、上記の全長ゲノム解読にかかる問題が解決できると同時に、その病原体に対して有効な治療薬のスクリーニングや、ワクチンシードの開発、実験動物を用いた研究等、得られるデータは飛躍的に増大し、人医学分野へのスムーズな橋渡しが可能となる。

ただし、このような感染性の病原体を獲得してバンキングする活動は生物兵器への転用といったデュアルユースの問題を内包しており、その利用には注意が必要である。

(2) 学際融合研究を加速するための情報連携基盤構築

a) あらゆる野生動物のゲノム情報を整備する

ここまで、環境 DNA を用いた野生動物種の網羅的情報収集や病原体ゲノムの効率的な検出技術開発について述べたが、このような技術開発を行う上で、病原体の自然宿主である野生動物のゲノム情報は必要不可欠な基盤情報である。しかしながら、全ゲノム配列が解読されている野生動物種は極めて限られている。例えば、人獣共通感染症を引き起こし得るウイルスの自然宿主として非常に注目されているコウモリも、約 1,100 種が存在するが、ゲノム情報が解読されていたものは 2018 年以前で 13 種ほどであり、2019 年以降では 30 種ほどと急速に解析が進んできてはいるものの、全体からすればいまだ未解明な部分が多く、今般整備が始まったばかりであるといえる（Table 1）。そのため、(1) で述べた最先端技術の導入と並行して、このような基盤情報の整備を行う必要がある。

野生動物のゲノム情報が充実すれば、例えば遺伝子操作した細胞を用いた分子生物学的手法を駆使することで、実験室内の実験で病原体の宿主域情報を取得することも可能となる。ウイルス遺伝子进行操作するリバーシジェネティクス技術とともに宿主ゲノム情報を活用した技術の改良が進むことで、病原体が種の壁を超える際の分子メカニズム解明に向けた知見の蓄積が期待される。

野生動物の全ゲノム情報は、学術的な意義が高い一方で商業面や実用化研究などの観点でのニーズが乏しく、これまで十分な解析が行われてこなかった。COVID-19 の流行を受

けて野生動物の重要性が再認識された今、野生動物のゲノム情報を収集・充実させることは、感染症研究のみならず動物学、生態学研究にも資する基盤情報を蓄積する好機とも考えられる。これらの情報の蓄積は、病原体と自然宿主の共存関係を成立させるメカニズムの解明に貢献するとともに、比較生物学あるいは進化学的にも重要な知見が得られることが期待される。

Table 1 全ゲノム情報が登録されているコウモリとその登録年 (Scheben et al. (2020)を参考に集計し、一部改変)

Species name	Year published	Species name	Year published
<i>Myotis lucifugus</i>	2010	<i>Macrotus californicus</i>	2019
<i>Eptesicus fuscus</i>	2012	<i>Megaderma lyra</i>	2019
<i>Myotis davidii</i>	2012	<i>Micronycteris hirsuta</i>	2019
<i>Eidolon helvum</i>	2013	<i>Miniopterus schreibersii</i>	2019
<i>Myotis brandtii</i>	2013	<i>Mormoops blainvillei</i>	2019
<i>Pteronotus pamellii</i>	2013	<i>Murina aurata feae</i>	2019
<i>Pteropus alecto</i>	2013	<i>Noctilio leporinus</i>	2019
<i>Pteropus vampyrus</i>	2014	<i>Nycticeius humeralis</i>	2019
<i>Rhinolophus sinicus</i>	2016	<i>Phyllostomus discolor</i>	2019
<i>Hipposideros armiger</i>	2016	<i>Pipistrellus pipistrellus</i>	2019
<i>Miniopterus natalensis</i>	2016	<i>Rhinolophus ferrumequinum</i>	2019
<i>Desmodus rotundus</i>	2016	<i>Tadarida brasiliensis</i>	2019
<i>Eonycteris spelaea</i>	2018	<i>Tonatia saurophila</i>	2019
<i>Anoura caudifer</i>	2019	<i>Aeorestes cinereus</i>	2020
<i>Antrozous pallidus</i>	2019	<i>Molossus molossus</i>	2020
<i>Artibeus jamaicensis</i>	2019	<i>Myotis myotis</i>	2020
<i>Carollia perspicillata</i>	2019	<i>Pipistrellus kuhlii</i>	2020
<i>Craseonycteris thonglongyai</i>	2019	<i>Pteropus giganteus</i>	2020
<i>Cynopterus brachyotis</i>	2019	<i>Rousettus aegyptiacus</i>	2020
<i>Hipposideros galeritus</i>	2019	<i>Pteronotus mesoamericanus</i>	2020
<i>Lasiurus borealis</i>	2019	<i>Rousettus leschenaultia</i>	2020
<i>Macroglossus sobrinus</i>	2019		

b) データベース (DB) 間の情報を連携するための基盤技術構築

現在、生命科学分野には非常に多くのデータベースが存在し、その種類は遺伝子情報やタンパク質構造を収載する GenBank や Protein Data Bank (PDB)に加え、病原体関連分野だけでもインフルエンザウイルスや SARS-CoV-2 等の遺伝子解析で多用されている GISAID や NEXTSTRAIN、世界中のウイルスを網羅的に収載することを目指す Global Virome Project など様々である。また、生態系研究分野では地球規模生物多様性情報機構 (GBIF : Global Biodiversity Information Facility) が提供するデータベースや、短い DNA 塩基配列より生物種を調べる DNA バーコーディングのライブラリーを構築する International Barcode of Life Project (iBOL) が存在するなど、各分野内だけでも非常に多岐にわたる。人獣共通感染症の対策は複数の分野にまたがる課題であるがゆえに、その情報はこれらの複数のデータベースに散在している。また、関連分野の情報の中にはそれぞれ記述的なドキュメントベースのデータや論文等の文献情報等も含まれるため、それらが効率的に連携するためには新たな情報連携基盤を創出し、それを運用するための技術開発が必要である。

近年、web 上に存在する各種 DB 上の情報を横断的に紐づけるためにデータの RDF (Resource Description Framework) 化を進めるなど DB 間の連携を目指した動きが加速している。また、単純なビッグデータのみならず、記述的な情報をもとに学習して出力した結果の根拠を説明可能な AI の開発など、複雑多様なデータベース情報を活用したアウトプット技術の開発が進んでいる (ex. ナレッジグラフ)。関連分野の情報を統合する連携基盤を構築すると同時に、それらの複雑なデータを解釈可能な AI などの分析技術を組み合わせることで、新しい価値の創造が期待される。

c) 病原体変異シミュレーションプログラムや分析 AI の開発

これまで、インフルエンザウイルスや HIV (human immunodeficiency viruses)、SARS-CoV-2 のように豊富な遺伝子情報が蓄積されている病原体においては、ウイルス遺伝子の変異を予測するシミュレーション開発が行われてきた。インフルエンザウイルスにおいては、表面タンパク質であるヘマグルチニンの膨大な遺伝子データならびにウイルスの抗原性解析の結果を基に、毎年ワクチン株の選定作業が行われている。本格的な発生シーズンが始まる前にワクチン株を決定する必要があることから、ヘマグルチニン遺伝子のどの部位のアミノ酸に変異が入りやすく、どの部位が抗原性に関与するか、ワクチンによりインフルエンザウイルスのポピュレーションがどのように変遷するかといった予測がなされている (Huddleston et al., 2020)。これは長年にわたる経時的・高精度な情報蓄積があったからこそ可能となる研究であり、事前情報の蓄積がない未知の病原体が人への感染性を獲得するような変異を予測することはきわめて難易度が高い課題である。この課題を解決するためには、環境中に存在する近縁種を可能な限り収集解析して情報を蓄積すると同時に、近縁種

の既知情報を参考として人への感染性に関与する病原体由来タンパク質の探索や、病原性や感染性の核となる変異を類推することが可能な理論モデルを構築し、未知の病原体に対しても高精度の予測を可能とするシステムを開発することが必要である。この技術を実現するためには極めて多層的な情報を取り扱う必要があり、例えばAI技術の活用によるブレイクスルーなどが望まれる。昨今、機械学習の手法も膨大な学習データを必要としない技術が開発されるなどその進歩はすさまじく、人では到達しえない精度の予測を達成する可能性を秘めている。分析結果の根拠を説明可能なAIの開発は当該分野のトピックスの一つとなっている。そのため、人獣共通感染症にかかわる情報連携体制の構築と並行して、将来的にそれらの情報を存分に活用するための手法を開発することが望まれる。

(3) 関連する社会的な課題

a) 国際連携の在り方

未知の人獣共通感染症発生に対する備えは、国際的に足並みをそろえて対処すべき問題である。本調査事業では主に日本国内における科学技術的な課題を中心に述べるが、パンデミック発生のホットスポットが集中すると考えられている発展途上国における調査研究体制の構築や国際的な協調、情報連携体制の整備は、今後の大きな社会的課題である。そのため、人獣共通感染症への対処を専門とする研究機関の設立やナショナルアクションプランの策定など、行政的な面でも大幅な改革が必要となり、国際社会における日本の在り方を再考する必要があるだろう。

b) 関連する法規制の整備

野生動物や家畜動物等が保有する病原体を研究する際に、現状では動物種により管轄する省庁が異なりそれぞれ関連法規が異なる。結果、各分野で感染症にかかる調査研究や対策を実施する際の根拠となる法規則がしばしば不明瞭になり、円滑な研究者と現場の行政関係部署の連携のための大きな課題となっている。研究者間の連携体制の構築と並行して、人獣共通感染症への対策が効率的に行われるよう、行政体制の改革や、サンプルを収集する際のボトルネックとなる法規則の整備も必要と思われる。

今後の調査体制に見直しが必要な一例として、SFTSのサーベイランスが挙げられる。中国や韓国においてはウシ、ブタ、ヒツジ、ヤギ、ウマ等でのSFTS感染が明らかとなっている一方、日本国内でのサーベイランスはシカやイノシシなど野生動物を対象とするのみで家畜動物では積極的な調査が行われていない。家畜動物を対象と出来ていない理由として、風評被害への懸念に加え、現状では行政間での連携が困難であることも一因となっている

と考えられる。人獣共通感染症は、自然環境、野生動物、家畜、ヒトの関係性の上で発生するものであり、そのため、将来的に人獣共通感染症に対処するためには、このような複数の分野にまたがる課題に備えた関連省庁の協力が必要不可欠である。

c) オープンサイエンス、サイエンスコミュニケーションの重要性

感染症パンデミックに備えるための予防的研究は、不測のパンデミック発生時にこそ注目される研究分野であるものの、日常において目に見える形で成果が国民に還元されにくくメリットを示すことが難しいという問題を抱えている。そのため、その研究開発は予算削減の対象となりやすく継続的な運営が極めて困難であることが多い。これは日本にとどまらず世界的な共通の問題であり、未知の病気に備えるための基盤研究がもたらす社会的なメリットを正しく評価し、国民あるいは資金提供者への説明を行うことが課題となっている。そのためには、現行の政策の評価法を見直し、持続的な社会発展を見据えた評価軸の構築や企業活動の啓蒙、リスクマネジメントにより副次的な効果を適切に評価する手法が必要となるだろう。

さらに、リスク管理のためには病原体の遺伝子情報を迅速に公開して共有することが望ましいが、一方で研究者のプライオリティの観点では配列の公開は新規性の喪失につながる。そのため、この相反する課題を解決するために新たな成果評価手法などの共通認識を構築する必要がある。

また、病原体に関する研究は、調査研究を実施する地域における風評被害や健康不安の増大といった社会的リスクを内包している。そのため、未知の病原体を探索する研究を実施すると同時に、国民に対するリスクコミュニケーション（サイエンスコミュニケーション）を適切に実施する体制を整えることが必要である。この問題は、家畜動物における疫学調査を行う上での課題となっている。II.1 の項目で述べた通り、家畜動物における病原体の浸潤状況調査は人社会へのスピルオーバーリスクを評価するための指標となりえるが、風評被害をもたらす懸念から調査に否定的な意見も存在する。例えば、b)で述べた通り、SFTSV の浸潤状況調査について、家畜動物での調査はほとんど行われていない。しかしながら、今後は調査結果を把握し適切なリスクマネジメントを行うために必要なリスクコミュニケーションの方法を議論する方向へと転換していくことが望ましい。

2. Science and technology map

（当該 MS 目標を達成するために取り組むべき研究開発の俯瞰）

本調査研究課題では、II.1 に述べた課題解決に向けて、バイオテクノロジーを基盤とした

研究とそこで収集された情報を解析するための手法としての情報工学分野の研究にフォーカスしている。

統合イノベーション戦略 2020（令和 2 年 7 月 17 日閣議決定）において、今後戦略的に取り組むべき基盤技術として「AI 技術」と「バイオテクノロジー」が、同じく戦略的に取り組むべき応用分野として「自然災害や感染症に対する安全保障としての安心・安全」が掲げられており、これらの科学技術分野は近年急激に発展している。

以下に各分野の関連技術を俯瞰して概説する。

(1) NGS 技術

近年の遺伝子解析分野の技術発展は目覚ましく、特に、NGS 技術の開発により遺伝子解析にかかるコストは着実に減少している（Figure 6）。また、それに比例するように様々な動物のゲノム情報や微生物のゲノム配列、メタゲノム情報などが急激にデータベースに蓄積されている（Figure 7）。この NGS の発展による実験コストの低下と情報蓄積の促進は、今後ますます加速すると予想される。

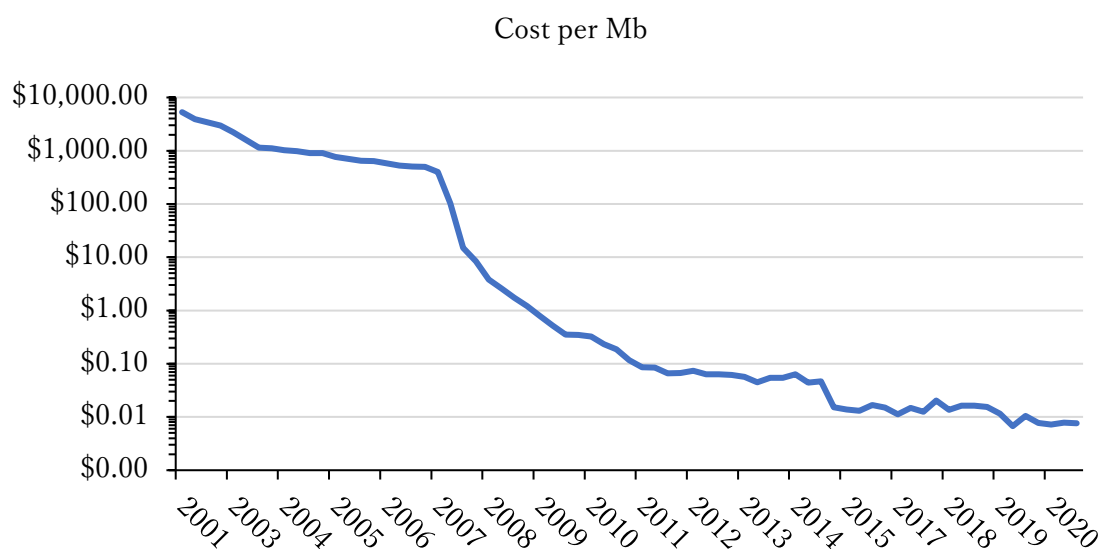


Figure 6 シークエンスにかかるコストの推移

<https://www.genome.gov/about-genomics/fact-sheets/DNA-Sequencing-Costs-Data> より

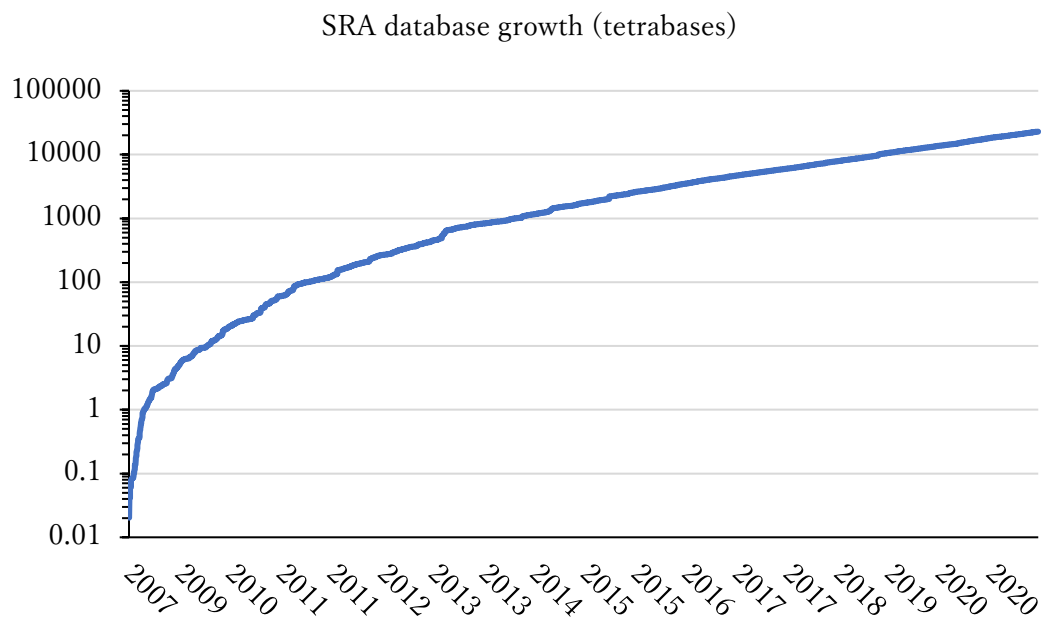


Figure 7 データベースに登録されている遺伝子配列長の推移

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/docs/sragrowth/>より

しかしながら、その一方で、II.1に記載した通り病原体の完全なゲノム情報の取得には未だ課題が残っており、登録される遺伝子配列も部分的なものにとどまるケースが多い。例えば、NCBIに保存されているコウモリ由来ウイルスの遺伝子情報は現時点で1万種以上登録されているものの、その大半が1,000bp以下の部分配列である (Figure. 8)。

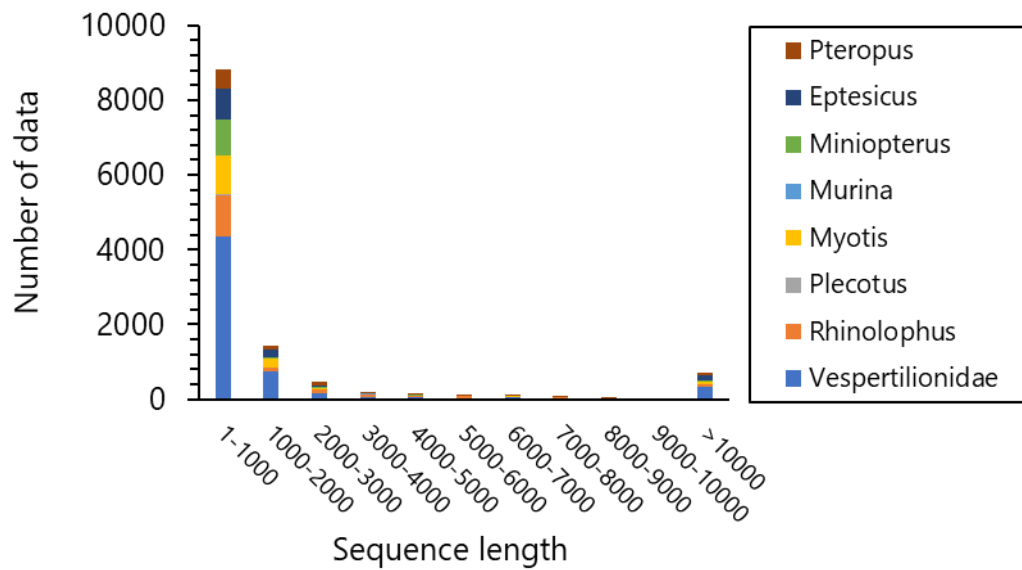


Figure. 8 データベースに登録されているコウモリ由来ウイルスの遺伝子配列数と配列長
ここに示す一部のコウモリ種のみからでも多種多様かつ膨大なウイルスが検出されている
が、その登録情報の大半が 1,000bp 以下の部分配列である

また、研究機関へと持ち帰ることが困難なサンプルを処理するため、現地ですべての実験工程を実施できるようなポータブルデバイスの開発もニーズが存在する。今後の NGS 技術課題として、解読するゲノム量のさらなる大規模化、ランニングコストの省コスト化とともに、デバイスの小型軽量化やライブラリー調製工程の簡易化、そしてこれら技術を扱える途上国の研究者の養成などが必要だと考えられる。

NGS 技術の核となるデバイス開発の面では海外が圧倒的なシェアを誇っており、国産の技術開発は盛んとは言えない状況である。現在の NGS 技術は、ショートリードシーケンスでは実質イルミナの一強状態であり、ロングリードシーケンスの分野では Nanopore 社のナノポアシーケンサーが台頭しているものの、配列解読の正確性の面で課題が残っている。今後も NGS 技術は本研究分野における重要な基盤技術となるため、海外に依存しない国産のイノベーションが強く求められる。また、デバイス開発と並行して、サンプル処理の際の精製技術や取得した遺伝子配列の解析技術といったソフト面での研究発展も必要と考えられる。NGS 技術は本調査研究課題に限らず生命科学分野の研究に欠かせない技術となっているため、その技術革新は本調査研究課題にも相乗的に働くことが期待される。

(2) バイオサイエンス技術

JST の研究開発戦略センター (CRDS) から 2019 年に発行されたライフサイエンス・臨床医学分野における研究開発俯瞰報告書によると、第 3、4 世代シーケンサーや一細胞オミクス解析技術、オルガノイド技術、人工知能技術、各種顕微鏡を用いたイメージング技術が今後のバイオサイエンス分野におけるトレンドとして位置づけられている (Figure 9)。



Figure 9 今後のバイオサイエンス技術のトレンド
(CRDS 研究開発俯瞰報告書 (CRDS-FY2018-FR-04) より)

シーケンサーに関しては前述の通りだが、オルガノイド技術は既存技術では培養が困難なウイルスの分離培養実験に、オミクス解析やイメージング技術は、感染様式などウイルスと宿主の相互作用の解析に極めて重要な技術である。

近年、宿主細胞の新規培養系の確立により、これまで分離培養が困難であった細菌やウイルスの体外培養成功の報告が相次いでいる。例えば、腸管上皮オルガノイド培養を利用した宿主細胞の培養技術により、これまで培養が困難であった病原体であるノロウイルスやロタウイルスの体外増殖の成功している (CRDS 俯瞰報告書「ライフサイエンス・臨床医学分野」(2019 年))。さらに、同報告書においてヒト iPS 細胞由来の脳オルガノイドやヒト成

人由来肺オルガノイドへのジカウイルスやインフルエンザウイルス感染系確立も言及されている。このように、最先端の細胞培養技術の感染症研究分野への応用は、未知病原体の探索においても大いに活用が期待される。

オミクス技術やイメージング技術は、本調査研究と関連する課題である既存ムーンショット目標2の課題「ウイルス-人体相互作用ネットワークの理解と制御（松浦 PM）」において重要な役割を担っている。本報告書ではこれらの技術についての詳細な記載は割愛するが、この技術分野の発展は、例えば新たに収集された病原体の病原性を評価可能なモデル動物を用いた実験系の構築などに重要であり、本調査課題で収集する病原体の解析を行う上で大きな波及効果をもたらすことが期待される。

(3) 動物や環境等からのサンプリング等、フィールドワークが必要な研究分野

野生動物や環境からのサンプリングを行うフィールドワーク研究は、他分野と比較して予算と人員、時間が必要となる分野であり、それらがボトルネックとなるため(1)(2)で述べた分野と比較してその発展速度は緩やかにならざるを得ない。加えて、パンデミックを起こす可能性のある人獣共通感染症は、発展途上国のようなホットスポットで出現する可能性が高い。そのような病原体を現地でサンプリングする必要がある研究は人材や予算の継続的な確保が大きな課題となっている。

日本では長年にわたり感染症研究国際展開戦略プログラム(J-GRID)(現在はAMEDに統合)において国際連携拠点の整備を実施しており、タイ・ベトナム・中国・ザンビア・インド・インドネシア・フィリピン・ガーナ・ミャンマーなどで感染症研究を推進している。これらの海外拠点における研究協力体制を今後も維持することで、国際的なフィールドワークの継続、発展が期待される。現地におけるサンプリング研究はホストとなる国の行政・研究機関の協力が欠かせない点でも、このように長い時間をかけて信頼関係を築き世界的な協力ネットワークを構築することが重要である。

日本に生息している野生動物からも今後新たな病原体が発見される可能性は否定できない。国内ではSFTSVは、シカ、イノシシ、タヌキ、アライグマなど多様な野生動物に感染していることが、野生動物のサーベイランスの結果から示されている。一方、SFTSVの遺伝子解析の結果、ウイルスは患者が発生するよりも以前から国内に長年にわたり存在していたことが分かっており、これは、野生動物に由来する病原体をそれまで認知することが出来ていなかったことを示している。このように、海外のみならず国内の野生動物における病原体の調査研究も重要な課題と考えられる。そのような意味でも、継続的に病原体の監視調査を行うことが極めて重要である。

これらのフィールドワーク研究は、上述のように継続的に調査を行うための人員及び予

算確保や野生動物の捕獲にかかる各種手続き、さらにホスト国の国民や価値観を守るためのバイオセーフティ・研究倫理の徹底等、科学技術以外の面での課題が山積しているが、国際的にも野生動物が保有する病原体の情報を蓄積する機運が高まっている今、日本も継続、拡充して取り組まなければならない研究分野と考えられる。ここまでに述べた関連分野の技術革新と合わせて、これらのフィールドワーク研究がさらに活発になることが期待される。

上記のフィールドワーク等で収集したサンプルの管理体制については、2021 年より AMED において「ナショナルバイオリソースプロジェクト（中核的拠点整備プログラム（人に対する病原性ウイルス及び人獣感染ウイルスリソース拠点）」）が開始され、収集される病原体をバンキングする体制が整いつつある。今後収集される病原体は感染症のリスク対策に活用されるのみならず、新たなバイオリソースとなる可能性を秘めており、そのような意味でも未知病原体を探索するフィールドワークは発展が見込まれる重要な分野と考えられる。

また、序文においてリスク監視のための家畜動物の活用について述べたが、現在日本国内で飼育している家畜動物のサンプルはバンキング体制が整えられておらず、その保管は地方自治体の運用に一任されている状況である。今後国内の野生動物におけるサーベイランスを行う過程で何らかの病原体が発見された際に、同地域における家畜動物への浸潤状況を後方視点的に調査するためには、家畜動物のサンプルについても適切にバンキングを行う取り組みや体制構築が必要と考えられる。

（4）情報工学技術（AI 研究等）

Figure 9 において AI 技術もライフサイエンス分野における重要トレンドとして注目されていることからわかる通り、AI 技術は現在のライフサイエンス研究に必要な不可欠なものとなっている。特に、「統合イノベーション戦略 2019」（令和元年 6 月 21 日閣議決定）や「AI 戦略 2019」（令和元年 6 月 11 日統合イノベーション戦略推進会議決定）を踏まえて人工知能研究開発ネットワーク（AI Japan R&D Network）が設立されるなど、日本におけるライフサイエンス分野の AI 研究は近年非常に活発な研究領域となっている。また、製薬・化学・食品・医療・ヘルスケア等のライフサイエンス分野のための AI ならびにビッグデータ技術開発を掲げるコンソーシアムとして Life Intelligence Consortium が設立され（<https://linc-ai.jp/>）、2021 年 4 月時点でライフサイエンス企業 55 社、IT 企業 44 社、研究機関 12 機関などが参画して様々な研究プロジェクトを推進するなど活発に活動している。

AI 技術の開発には学習データとして良質且つ大量のデータが必要不可欠であるため、必然的に DB の構築や情報収集に関わる技術開発が盛んな研究領域と相性が良い。そのため、

AI 技術の普及対象は「良質なデータが充実している分野」に優先され、本調査研究課題が対象とするような「複雑多様な現象を内包し、蓄積されている情報量が極めて少ない野生動物等の研究分野」への応用は未だ発展途上である。今後、本調査研究の対象分野における情報収集の質と量が、将来的な AI 技術の普及におけるボトルネックとなることが予想される。この予想されうるボトルネックを解消するためにも、(1) ～ (3) で述べた情報収集技術の開発は急務と考えられる。

また、ビッグデータ駆動型の研究や画像認識などの分野に加えて、今後の AI 研究のトレンドとして「説明可能な AI」や「教師なしでも知識獲得・成長できる融合 AI」、「コンテキストに応じ適切な推論・アクション可能な融合 AI」に関する研究が盛んになっている (Figure 10)。例えば、富士通が開発した Deep Tensor は、ナレッジグラフを活用して AI が概念間のつながりの意味を捉えることで、導き出した推論の根拠を説明することを可能としている。感染症研究においても、未知の病原体によるパンデミック発生リスクを判定する際の根拠となるデータの説明能力や文献情報等のドキュメントをベースとした推論は非常に重要なトピックスになると考えられる。これらの AI 研究の発展は人獣共通感染症対策においても恩恵をもたらすことが期待される。

俯瞰区分と研究開発領域

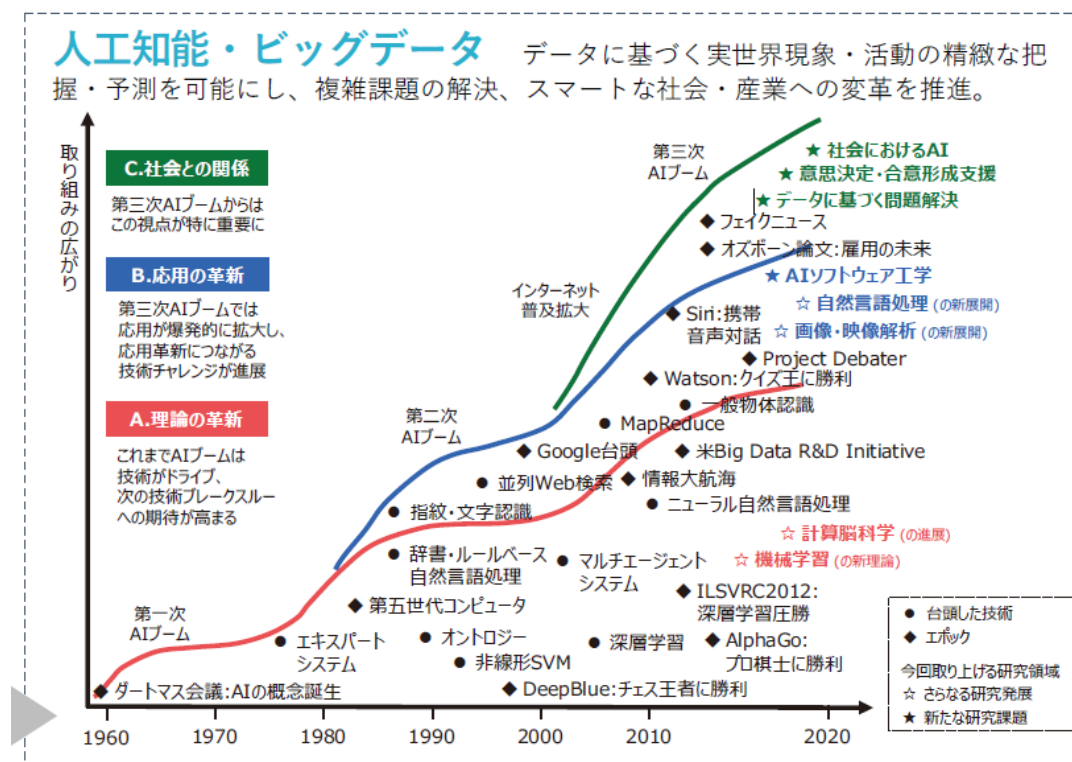


Figure 10 AI技術の発展と今後の潮流
(CRDS 研究俯瞰報告書 (CRDS-FY2018-SP-06) より)

このように、日本におけるライフサイエンス分野のAI研究は今後も大いに発展が期待される分野である。その一方で、医療・健康・食品等の重点領域以外の分野、例えば本調査研究課題のターゲットである人獣共通感染症、そして関連分野である農林水産や環境に関わる分野においてはこの潮流がまだ十分に波及しているとは言い難い状況のため、まずは周辺分野への技術波及を進めるための基盤構築が喫緊の課題と考えられる。

(5) データベース構築を担う研究分野

昨今の生命科学分野における研究開発において、データ駆動型の研究は非常に活発となっている。(4)で述べたAI研究やデータ駆動型の研究を行う上で重要となるビッグデータとそれを管理するデータベースの運用については、様々な生命科学データベースの整備運用を行っている国内専門機関であるバイオサイエンスデータベースセンター(NBDC)やライフサイエンス統合データベースセンター(DBCLS)がその役目を担っている。近年、人

生命科学分野におけるデータ統合に関する戦略プロポーザルが CRDS から発出されるなど、データベースの統合に向けた潮流は加速している（CRDS 戦略プロポーザル「データ統合・人生命医科学の推進戦略（IoBMT）」、2018 年発行）。しかしながら、国際的にみると日本において DB 関連分野に投資される予算や人員の規模は非常に少なく（Table 2）、今後日本においてデータ駆動型の研究開発を加速するためには、当該分野における人員及び予算の拡充が必要と考えられる。

Table 2 世界各国の主要なデータベース運用機関の比較

センター (国・地域)	役割	主な データベース	予算※	人員※ (人)
NCBI (米国)	NIH 参加である National Library of Medicine (NLM)の 附属機関。NLM は生物医学 情報の集積をミッションと し、その中で NCBI は分子生 物学に関するデータ及び生 物医学文献に特化した部 門。	Genome, GenBank, GEO, dbGaP, SRA, OMIM, PubChem, Pubmed	約 181.2 億円 1 億 7580 万ドル	287
EBI (欧州)	EMBL 傘下の非営利学術機 関。バイオインフォマティ クスの研究とサービスの中 心機関。	Ensembl, ENA, EGA, ArrayExpress, ChEMBL, UniProt	約 77.1 億円 6,720 万ユーロ	513
NBDC/DBCLS (日本)	NBDC はライフサイエンス 分野のデータベース統合を 目的として発足。DBCLS は 文部科学省ライフサイエン ス分野の度統合データベー ス整備事業の中核機関とし て設立。両センターは、ライ フサイエンスデータベース 統合推進事業において共同 研究開発を実施。	NBDC ヒトデータ ベース, NBDC RDF ポータル	約 14.1 億円	64
DDBJ (日本)	国立遺伝学研究所の附属施 設。「生命情報学」の我が国 における研究拠点。 INSDC を運営。	JGA, DDBJ	約 14.6 億円	39

※予算、人員は平成 27 (2015) 年度時点

出典：NBDC、「ライフサイエンスデータベース統合推進事業 事業報告書」[25]

昨今の潮流として、分野を超えたデータベースの統合基盤を構築する機運が一層高まっており、そのための技術開発が実施されている（Figure 11）。例えば NBDC RDF portal という形で複数の DB が統合されたサイトが公開されている（<https://integbio.jp/rdf/>）。しかしながら、この潮流は汎用性の高い一部の生命科学分野に限定されており、本調査研究課題の対象である人獣共通感染症関連分野までは波及していない。一刻も早くこのデータベース統合の流れが人獣共通感染症関連分野にまで波及することが求められる。

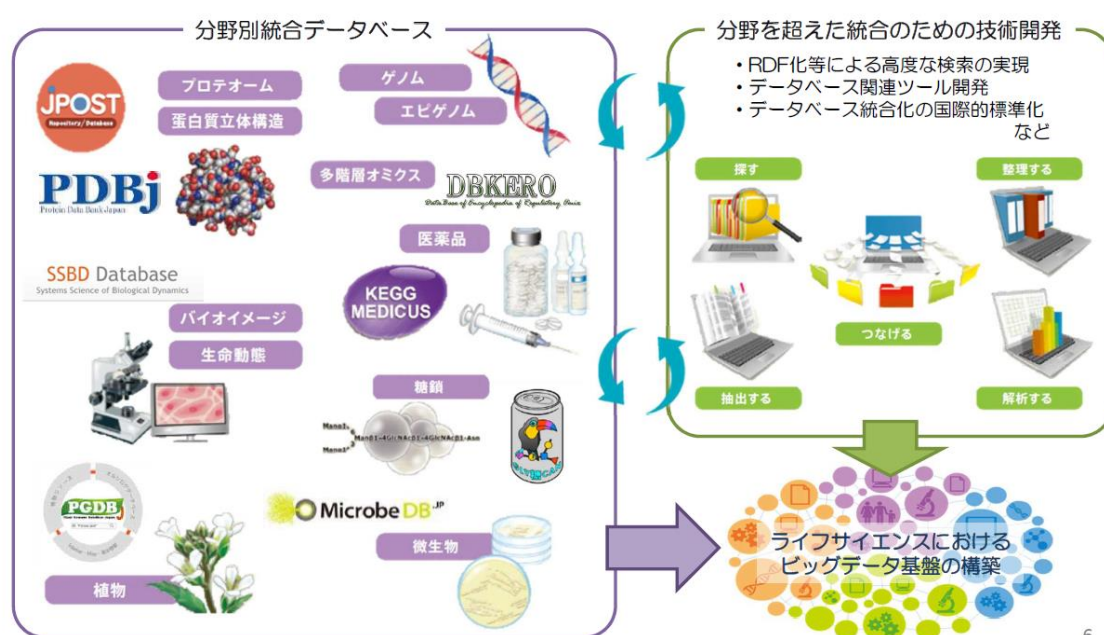


Figure. 11 日本におけるデータベース統合に向けた取り組み概要
（科学技術・学術審議会 ライフサイエンス委員会（第 86 回）資料 3「ライフサイエンスデータベース統合推進事業の進捗と今後の方向性について」より）

（6）総括

第 6 期科学技術・イノベーション基本計画（令和 3 年 3 月 26 日閣議決定）において、「新たな生物学的な脅威に対して、発生の早期探知、流行状況の把握と予測、予防・制御や国民とのリスクコミュニケーション等に係る研究開発を推進する」ことが示された。このように、本調査研究が対象とする未知の人獣共通感染症対策はまさに今後戦略的に取り組むべき問題である。

ここまで本調査研究の目標達成に向けた課題に関連する科学技術について概説したが、これらはいずれも今後の科学技術トレンドをとらえたものであり、日本の次期イノベーション戦略にも合致するものである（「統合イノベーション戦略 2020」（令和 2 年 7 月 17 日閣議決定））。そのため、これら分野の研究は今後劇的に加速することが期待され、本調査研究課題の目標達成に向けたイノベーションの実現可能性は高いと予想される。

3. Japan's position in overseas trends

（当該目標に関連する研究開発の動向（全体）、海外動向及び日本の強み）

（1）人獣共通感染症サーベイランス研究の国際的な動向

未知の人獣共通感染症に対する備えとして、欧米では 2009 年頃から大規模なプロジェクトが実施されてきた（ICONZ、ZELS、USAID PREDICT）。特に、USAID PREDICT では 2009-2019 年の 10 年間で世界中の発展途上国等パンデミック発生のホットスポットでウイルス探索を実施し数多くのウイルスを発見するとともに、途上国における人材育成や検査システムを構築する等のキャパシティビルディングに貢献している。また、このような病原体の探索研究以外に、海外では未知病原体の自然宿主として特に注目されているコウモリのゲノム情報を解析する研究（BAT1K project）も実施されており、病原体と野生動物どちらのサーベイランスにおいても日本よりはるかに取り組みが盛んである。オーストラリアにおいても、政府や産業界からのファンディングにより、野生動物や人獣共通感染症に関わる研究が多数実施されている。中国に関する詳細な情報はないが、GenBank に登録されているコウモリ由来ウイルスの解析情報の大半が中国の研究チームによるものであることからわかる通り、フィールドサーベイランスが盛んに行われていると予想される。このように、海外においては豊富な資金と人材によって逐次大規模なサーベイランス研究が遂行されてきた。

このようなサーベイランス研究と並行して、近年海外からは続々と未知の病原体によるスピルオーバーリスクの評価に関する論文が報告されている（Grange et al., 2021, PNAS 等）。特に、Grange et al.の論文ではリスクを評価するためのフレームワークとして「Spillover: Viral Risk Ranking (<https://spillover.global>)」という web サイトを作製しており、国際的な専門家集団によるリスク評価を指標としてスピルオーバーリスクの高い病原体をランキングしている。しかしながら、ウイルスの発見が急激に進んでいる昨今、登録される病原体の数が増加しすぎたことが原因でこのような従来のリスクアナリシスの正確性に疑義が生じており、様々なリスクアセスメント報告を受けてその正確性を評価した論文も発表されるなど（Wille et al., 2021）、野生動物からのスピルオーバーを評価するための手法開発は未だに発展途上であると考えられる。

このような状況において、日本においても地球規模課題対応国際科学技術協力プログラム（SATREPS）や J-GRID、AMED 等名前を変えながらも国際的な人獣共通感染症に関わる研究プロジェクトが実施されてきた経緯があり、海外プロジェクトと比較するとその規模は小さいながらも国際的な連携に向けた基盤は整備されてきた。特に、J-GRID（現 AMED）による海外の連携拠点における感染症研究においては、多くの新規未知ウイルスを同定するなど、重要な研究を推進している（J-GRID 成果報告書：https://www.amed.go.jp/program/houkoku_h28/0106jgrid.html）。

先に述べたように、人獣共通感染症が発生するリスクが高いホットスポットとして、アフリカや中南米、東南アジア等が注目されている。I.3.1 の項目で述べたとおり人獣共通感染症の発生は人の社会活動に起因する急激な環境変化や食糧問題と深く関連しているがゆえに、これらのホットスポットの多くが発展途上国である。そのため、世界的な人獣共通感染症対策には継続的なサーベイランスを可能にする途上国におけるキャパシティビルディングが重要であり、先進諸国がそれぞれ各地域と協力して対処する必要がある。その意味で、日本は地理的に東南アジアにおけるリーダーとしての役割を発揮すべきであり、この課題に国家として取り組むことが極めて重要と考えられる。

また、国際的な観点で未知の病原体に対応するためには、バイオセーフティ及びバイオセキュリティに配慮した専門の研究施設が必要不可欠である。アメリカでは 2000 年代に新たな BSL-4 施設が建設され、現在約 10 か所の BSL-4 施設が稼働している。また、2015 年以降、ドイツ、フランス、中国でも BSL-4 施設が増設され、検査、研究体制の整備が行われてきている。BSL-4 施設での研究は、感染症対策に必要な病原体等に関する科学情報の実験などによる収集分析、また、感染症の診断、治療、予防に関わる具体的な技術の研究開発に必要不可欠である。しかしながら日本では社会的な背景から BSL-4 施設の稼働は緊急時の検査目的のみとされ、研究目的での使用には制約がある。また、BSL-3 施設に限定しても、現状稼働しているのは、各都道府県にある公的な検査施設以外は大学、企業、国立研究機関を合わせても十数施設しかなく、その配備が行き届いているとは言い難い。今後日本が国際的に感染症対策のリーダーシップを発揮するためには、施設面での整備拡充も必要と考えられる。

（2）関連技術分野における日本の強み

II.2 において、フィールドにおけるサンプリングを支える基盤技術として NGS を挙げたが、NGS 解析の要となるデバイス開発において日本は海外に後れを取っている。現在の NGS 機器は欧米メーカーの独壇場であり、国産の NGS 技術開発は活発とは言い難い。しかしながら、NGS 解析を行う前段階としてのサンプル精製、ライブラリー調製等の技術や、NGS 機器から得られたデータを解析するプログラム開発などの分野においては、日本でも

活発な技術開発が行われている。本分野におけるデバイス開発は画期的なイノベーションにより劇的な技術革新が繰り返されていることは前項で言及したとおりである。日本においても新たなイノベーションに基づくデバイス開発に注力するとともに、それを活用するソフト面での技術開発も並行して実施することで、次世代のシーケンス技術で世界をリードすることも可能となるかもしれない。

NGS 技術を用いた解析の中で、環境 DNA に対するアプローチは日本が国際的にトップレベルであり、世界に先駆けて環境 DNA を専門とする学術団体が設立されるなど、世界をリードしている。特に、当該団体は水系における環境 DNA の採取・処理手法の国際的な標準手法を公開するなどデータを標準化して解析することを視野に入れた活動を早い段階で展開しており、本調査研究課題における研究分野において極めて重要な知見を有している。また、陸棲哺乳動物への環境 DNA 技術応用についても、哺乳動物用共通プライマーを世界に先駆けて開発した実績がある (Ushio et al., 2015)。そのため、人獣共通感染症への対策を講じるうえで、従来の感染症研究分野と環境 DNA 研究分野の融合が進むことで、日本の強みを示すことが可能となるかもしれない。特に、本調査研究課題が構想する野生動物における環境 DNA 解析においても日本が国際的なサンプリング手法の標準化をリードすることが期待される。

Leempoel et al. (2020) の報告によると、環境 DNA は土壌サンプルからカメラトラップと同等以上の生物種を検出することに成功しており (Figure 12)、本調査研究課題における当該技術の応用実現性はきわめて高いと考えられる。しかしながら、野生動物のゲノム情報を網羅していないデータベースの不十分さに起因する問題点も同時に指摘されており、野生動物種のゲノム情報の充実が今後の研究に必要不可欠であることが言及されている。野生動物のゲノム情報については、あらゆる動物のゲノム情報取得を目指す Genome 10K project という取り組みが行われるなど、現在急激な盛り上がりを見せている。日本もこの国際的な取り組みに参加することで、人獣共通感染症対策の基盤情報となる野生動物ゲノムを効率的に蓄積することに協力できると考えられる。日本は、世界の「生物多様性ホットスポット」の一つであり、日本固有種は哺乳類だけでも 50 種類存在する。このうちコウモリも 16 種が含まれる。従って、野生動物のゲノム情報を広く獲得するにあたり、日本が積極的に取り組んでいく意義は大きい。

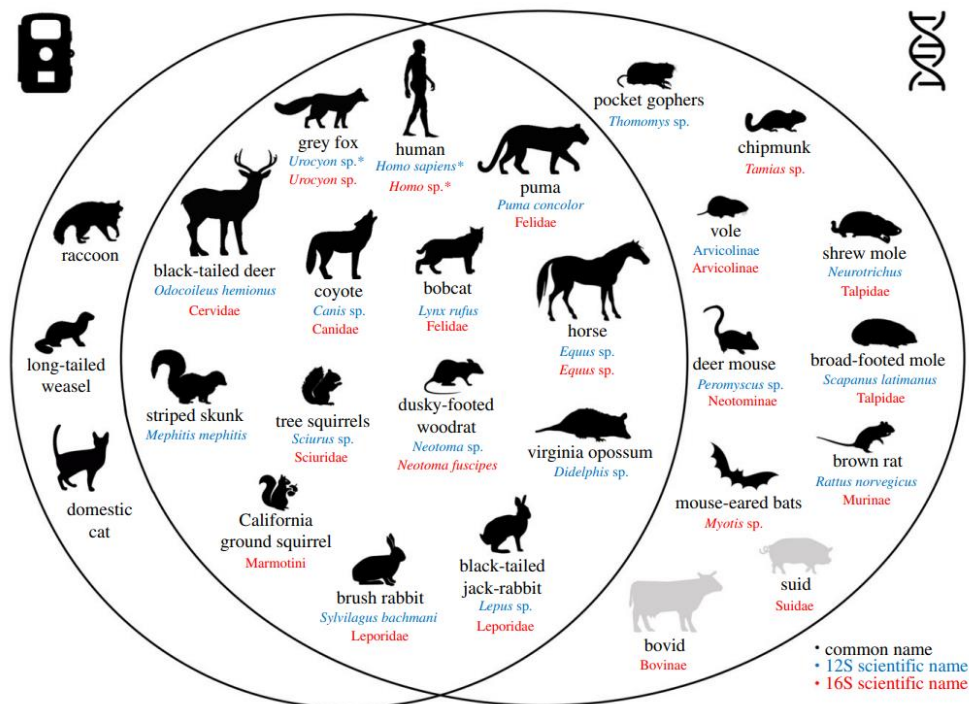


Figure 12 環境 DNA による検出能力の比較 (Leempoel et al. (2020) より)
 カメラトラップで検出された動物の多くが環境 DNA 技術でも検出可能であり、一部の動物は環境 DNA 技術でのみ検出が可能であった。

AI やビッグデータ駆動型研究等の情報工学分野は、現在米国や中国の存在感が極めて強い状況であるが、日本においても第 6 期科学技術・イノベーション基本計画（令和 3 年 3 月 26 日閣議決定）において AI 技術のさらなる発展が盛り込まれ、文科省の令和 3 年度戦略的創造研究推進事業の戦略目標においてバイオサイエンス研究分野のデジタルトランスフォーメーション（DX）が掲げられるなど（Figure 13）、当該分野の発展に向けた試みが開始されている。昨今の AI 分野の技術発展は劇的であり、今後の技術革新次第では状況が大きく変化する可能性がある。そのため、将来的なイノベーションによる次世代の技術開発により日本が国際的にトップを走ることも不可能ではないと考えられる。情報工学分野の技術開発は他のムーンショット目標において最先端の研究が遂行されているため、それらの技術発展が本調査研究にも波及的な効果をもたらすことが期待される。

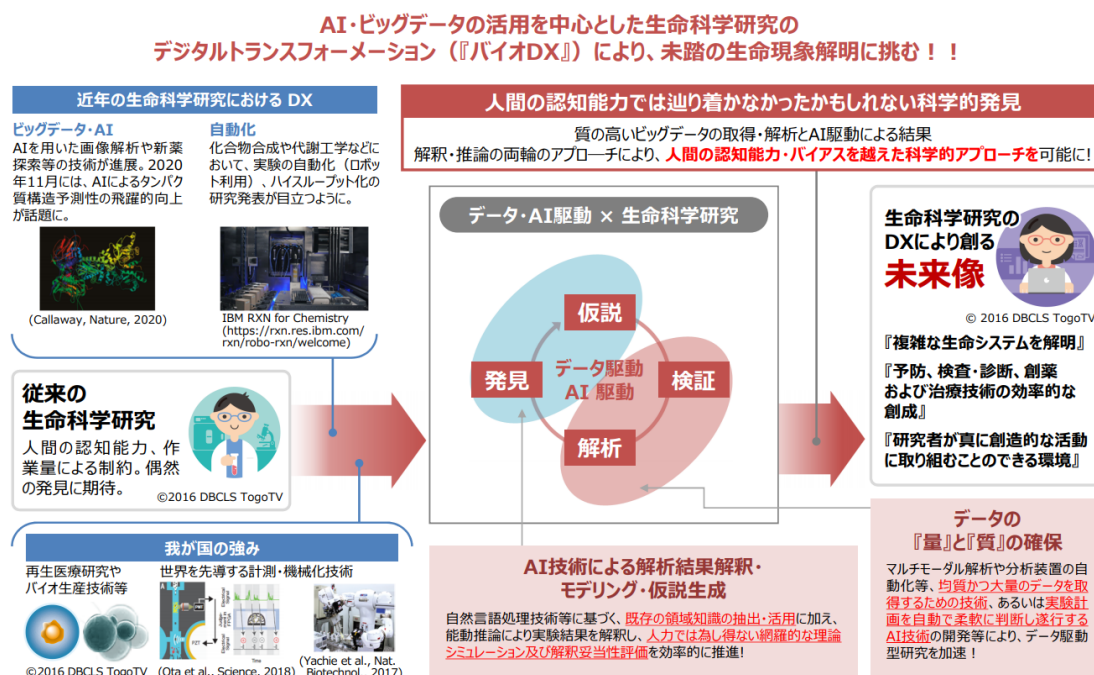


Figure 13 生命科学研究分野におけるデジタルトランスフォーメーションの構想
(文部科学省 令和3年度の戦略的創造研究推進事業の戦略目標等の決定について
(https://www.mext.go.jp/b_menu/houdou/2020/mext_00051.html) 説明資料より)

III. Plan for Realization（社会像実現に向けたシナリオ）

1. Area and field of challenging R&D, research subject for realization of the Goals (挑戦的研究開発の分野・領域及び研究課題)

本調査研究の目標達成に向けた課題を解決するために必要な技術分野はII.2で述べたとおりであり、①NGS技術を含むバイオテクノロジー、サンプリングのためのフィールド調査などの情報収集技術分野と、②AI研究やDBの統合化技術といった情報工学分野である。これらを含む関連分野全体で基盤整備と挑戦的な技術開発を推進することが必要である。

各課題の解決に向けた研究開発シナリオは以下のとおりである。

(1) 環境分野および動物衛生分野の研究で収集する情報の高解像度化

a) 環境 DNA 研究の技術を陸棲動物に応用するための発展研究

野生動物等の生態系情報を大規模・高解像度に収集する技術として、環境 DNA は非常に強力なツールとなり得る。しかし、現在の環境 DNA 技術は主に水を解析対象としているた

め、陸棲動物を対象とした研究を実施するためには解決すべきハードルが多く存在する。

例えば、環境 DNA 解析で得られた情報を解釈するためには、そのサンプリング地点で取得した情報がカバーし得る時空間スケールが明らかになっていなければならない。水系においては、環境 DNA が拡散・分解などの挙動でどのような時空間ダイナミクスを示すか計算するためのデータ蓄積がある一方で、陸上における環境 DNA はこれらの情報蓄積が乏しい状況である。そのため、野生動物研究に環境 DNA 技術を応用するためには、これらの基盤的な情報を蓄積する研究から始める必要がある。また、環境 DNA をサンプリングするターゲットについても、すでに研究実績がある泉のような水場からのサンプリング以外に、土壌や空気等あらゆる状況を想定したサンプルから環境 DNA を解析するための技術開発が必要である。

野生動物における未知病原体の動態を明らかにするためには、生息している動物種のデータに加えてそれらの生息密度や個体数のような定量的な情報が必要である。環境 DNA 技術を用いて収集するデータに定量性を持たせるためには、遺伝子増幅の際の増幅バイアスや使用するプライマー配列の最適化、サンプル処理方法の国際的な統一などの問題を解決しなければならない。これらの課題解決に向けた技術開発も必要である。

また、生物種や個体数といった情報以外に、各個体の年齢、血縁関係、性別などの情報も取得できることが好ましい。これは、年齢や性別、血縁関係等の要素が個体の行動範囲や病原体を伝播させ得る行動と直結するためである。包括的なメタデータを取り扱う環境 DNA 研究においてこのような詳細な個体識別データを取得するためには、既存の手法にとられない革新的な技術開発が求められる。取得した環境 DNA のエピジェネティックなデータから年齢等を推定する技術が実現すれば、これらの課題を解決できる可能性がある。

さらに、環境 DNA を用いた研究を開始する際の重要な課題として、得られた情報の精度を確認する必要がある。そのためには、環境 DNA 解析とともに目視や定点カメラ等を用いた既存の定量的な観測を並行して実施し、両データの整合性を検証しなければならない。このような旧来的な観測研究はコストと人件費の面で大規模に実施することが非常に難しく、この問題を解決するためのブレイクスルーが必要不可欠である。近年、センシングデバイスと AI を組み合わせたデータ収集技術や、AI の画像判定技術を活用した動画解析技術の開発も盛んに実施されている。そのため、このような技術を環境 DNA 解析技術と組み合わせて野生動物のフィールド調査に応用することで、現在よりも高解像度な情報を効率的に取得することが可能となることが期待される。

環境 DNA にかかわる課題は非常に多岐にわたるため、これらの問題解決を目指した中長期的な課題設定が必要である。

b) NGS を用いた病原体研究に関わる技術開発

微量であるがゆえに検出が困難であるウイルスゲノムを検出するために様々な技術開発が行われており、日本発の技術としては、ウイルスのみが複製の過程で2本鎖RNAを形成することに着目してウイルス由来2本鎖RNAのみを抽出精製するFLDS (Fragmented and primer Ligated dsRNA Sequencing) 法が報告されている (Urayama et al., 2016)。このように、NGS 解析の前処理としてウイルスを効率的に分取することを可能とする技術を開発させることで、現在よりも圧倒的に効率よくウイルスのゲノム情報を収集することが可能となるかもしれない。

ソフトウェアの面では、メタゲノム解析等により取得された大量の遺伝子配列から未知のウイルスの配列を探索するためには、既存技術とは異なる観点でウイルス由来配列を探索するための新規技術開発が必要である。新しい遺伝子配列解析モデルの構築や、あるいは機械学習などの技術を用いて遺伝子配列中に存在する「ウイルスらしさ」を探索する全く新しいアルゴリズムの開発がこの問題を解決するためのブレイクスルーとなり得るかもしれない。近年、ウイルスの遺伝子配列を言語として捉え、AI の自然言語解析 (Natural Language Processing) を用いて文法と意味を解釈することでウイルス遺伝子を解析する手法が報告された (Hie et al., 2021)。このように、ウイルスの遺伝子解析技術はAI 技術を応用することで全く新しい発見をもたらす可能性がある。また、新たなウイルス遺伝子解析技術を開発する際に、ワクチン効果や病原性の評価に重要なウイルスの遺伝子変異などを予測する技術応用も視野に入れることで、将来的な波及効果が極めて大きくなることが期待される。

上記のような課題は、過去に蓄積された配列データや保存サンプルを用いることで技術開発や検証を行いつつ、将来的に収集されるサンプルへの適用を見据えた研究課題設定が必要と思われる。

NGS デバイスの小型化やポータブル化については、Oxford Nanopore Technologies の MinION が途上国におけるエボラウイルスのパンデミック時の検査に活用されるなど、現場のニーズにこたえる研究開発が実用化レベルで実施されている。しかしながら、この技術にも遺伝子配列を決定する際の誤りが多いという欠点があり、未だ解決すべき課題が残っている。

現在行われている多くのウイルスメタゲノム研究の問題点として、観察対象となる宿主生物種やサンプリング箇所が単一であるため、特に家畜において疾病症状を示さない新規ウイルスを対象とした大規模なコホート研究の実施が困難である点が指摘されている (Wille et al., 2021)。NGS を用いたウイルスメタゲノムサーベイランスには、複数の宿主動物種をサンプリング対象とし、その個体の年齢や場所といったメタ情報を含めたウイルス

メタゲノム試験を継続的に行う事が重要となる。宿主個体の情報やサンプリング地点をはじめとするメタ情報も併せて収集・共有することで、数理科学や情報技術分野の研究者がメタゲノム解析と個体情報を連動させた研究に用いることが可能になる。新規感染性ウイルスを事前に把握するためには、未知のウイルスゲノムを探索するサーベイランス研究を進めるとともに、宿主個体情報や採取地点に関する情報を合わせて収集・公開することを推進する必要がある。

実験工程全体を見ると、現在のボトルネックは人の手による遺伝子抽出やサンプル調製であり、発展途上国におけるサーベイランス研究では実験を実施するための施設（実験器具や電源等）を確保することが困難なケースも多い。これらの工程を省略可能な技術開発は未知の感染症のホットスポットにおけるサーベイランス研究を劇的に加速することが期待される。

c) ウイルス分離に資する技術の開発

近年の NGS 技術発展に伴い新たなウイルスの遺伝子配列が発見されるケースが急増し、その登録件数は年々増加している。その一方で、感染性を持つウイルスの分離が困難であるケースが散見される。これは、ウイルスの分離培養技術は材料の鮮度や実験に用いる培養基質等の影響を強く受けるため、遺伝子解析技術と比較してハイスループット化が困難なためである。ウイルスの動物に対する病原性や性質の評価には、遺伝子データからの予測と合わせて分離ウイルスを用いた実験が不可欠であることから、ウイルスの分離培養技術の革新は重要である。この課題を解決するために、野生動物に由来する細胞を作出する技術の開発などが実施されてきた。近年では、II.2 の項目で述べた通りオルガノイドや iPS 細胞を作出する技術を応用したウイルス分離手法が報告されている。しかしながら、人やマウスで確立された技術体系とはいえ、オルガノイドや iPS 細胞を作出維持する技術を野生動物や家畜動物全体に波及するためには、技術面でもコスト面でも課題が山積している。そのため、これらの技術を野生動物研究にも応用できるよう、野生動物における遺伝子発現等の基盤情報を蓄積するとともに当該技術をより安価に活用できるようにするための技術開発も必要である。現時点ではコストがかかる最先端技術はパンデミックリスクとなる病原体を保有している可能性が高いコウモリやげっ歯類、霊長類などに限定して用いるなど、リスクに基づいて優先順位を考慮した開発実施を行い、将来的に上記のような特殊な細胞を作出するための技術・コスト面のハードルを緩和する新たな技術革新がおきることで、この技術を広く普及させることが可能となるかもしれない。

(2) 学際融合研究を加速するための情報連携基盤構築

a) 野生動物のゲノム情報を整備するプロジェクト

(1) の項目で述べた環境 DNA 解析やウイルス遺伝子の探索のような研究を実施するにあたり、対象とする野生動物のゲノム情報を完備する必要がある。例えば、環境 DNA 解析を行うためにはあらゆる動物の遺伝子を増幅するためのユニバーサルプライマーを設計する必要がある。しかしながら、野生動物のゲノム情報が完備されていない状況では、全動物種に共通するプライマー配列を設計することが困難である。また、ゲノム情報が完備されていなければ、検出された遺伝子配列から動物種を同定することも困難となる。そのため、本調査研究の大前提として、野生動物に関連するゲノム情報の整備は必要不可欠である。現在、環境 DNA 解析のターゲットとして主にミトコンドリア DNA に由来する遺伝子配列が使用されている。そのため、最低限各動物種のミトコンドリア DNA 配列を網羅したデータベースの構築が必要である。また、(1) の a) の項目で述べたように将来的に血縁関係や年齢などといった詳細な個体情報の収集が望まれていることを踏まえると、最終的にはエピジェネティックな性質まで含んだ宿主 DNA の解読が実現することが期待される。

植物研究の分野においては、野生環境に生息する植物から有用形質を探索して栽培種に導入するためのゲノム解析研究が実施されている。このように、野生動物のゲノム解析は予期せぬ恩恵をもたらす可能性がある。実際に、コウモリ of 全ゲノム解析を行うことで、コウモリが多種多様なウイルスと共存関係を成立させている原因として免疫に関する遺伝子が特殊に進化していることが明らかとなった (Pavlovich et al., 2018)。そのため、野生動物のゲノム解析は感染症対策のみならず比較生物学あるいは進化学的にも重要な知見をもたらす可能性があり、今後の重要な課題と言える。野生動物のゲノムプロジェクトは上述の通り国際的な取り組みが実施されているため、既存プロジェクトと連携した研究体制の構築が重要である。

b) DB 間の情報を連携するための基盤技術構築

NBDC RDF portal のように異なる DB 間の情報を RDF 化によって紐付けることで、今後の AI 等を用いたデータ解析にスムーズに対応することが可能となる。本調査研究課題で収集される人獣共通感染症に関わる情報を格納した DB、例えば生態系情報や土壌、植生、気候といったものもこの RDF 化技術により他 DB と統合されることで、将来的な人獣共通感染症マネジメントシステム構築に向けた関連分野の研究が一層加速すると考えられる。

また、上記の統合 DB 開発と並行して、多層的な情報を分析、解釈するための手法が求め

られる。本調査研究を行う過程で、非常に多様な情報が収集され、それらの中には数値データ以外に記述的なドキュメントベースの情報やマルチオミクスのような情報が含まれることが予想される。2050 年に達成を目指す社会においては、これらの情報を総合的に分析することで未知感染症リスクを評価したうえで、その成果を国民あるいは政策決定者に向けて結果の解釈を含めて説明、発信することが可能なシステムの構築が期待される。この構想を実現するにはまだ長い時間が必要と考えられるが、その実現のためにはデータの収集、蓄積と並行して、新たな理論モデル構築を目指した研究や、AI を活用した研究の遂行が必要と思われる。このような研究を実施する際は、昨今の潮流をとらえた分析の根拠を説明することが可能な機能を搭載した AI や、複雑なコンテキストから適切な結果を見つけ出す推論が可能な AI の活用が期待される。例えば、深層学習によるパターン認識とナレッジグラフを用いたシステムを組み合わせることで、その実現が可能となるかもしれない。

本調査研究課題の最終目標である「あらゆる情報を統合して解釈可能なリスクマネジメントシステム」は、日本のみならず国際的にも活用可能な技術となることが望ましい。そのために日本に期待されることは、これまで記述したような技術的解決を率先して目指すとともに、そのようなビジョンを各国と共有して国や地域を超えた枠組みを実現させるために強いリーダーシップを取っていくことである。まずは日本国内における情報を収集して本調査研究構想の理論実証を行い、ロードマップを世界に発信するとともに、その過程で培われたハード技術とノウハウを提供することで、世界中のあらゆる地域で情報収集から最適なモデル構築まで可能となることが期待される。そして、最終的に各地域で得られた成果を統合し、どのような条件のもとでパンデミックを起こす可能性の高い未知の病原体が出現し人にスピルオーバーするかについて一般測を見出すことが将来の目標として設定できるのではないかと考えられる。

2. Direction of R&D for realization of goals

(2030 年・2040 年・2050 年のそれぞれにおける、達成すべき目標（マイルストーン）、マイルストーン達成に向けた研究開発、これによる波及効果)

本調査研究では、2030 年までに基盤的な技術開発や連携体制構築に注力し、その後の研究を効率的に遂行するための準備を整えるとともに、並行して野外サンプルの収集を継続することで未知病原体の解析に向けたサンプルの充実を目指す (Figure 14)。2030 年までの 10 年間は基盤的な研究や技術開発、日本国内における情報収集やサンプリングに重点を置き国内における協力体制や研究環境の整備に努めるとともに、既知の病原体などを対象として病原体のスピルオーバーリスクが環境や生態系の情報、家畜動物における病原体浸潤状況等とどのようにかかわっているのかを明らかにし、理論実証のモデルケースを構築することに努める。

海外におけるサーベイランスや協力体制構築については、将来的な協力体制構築を見据えたキャパシティビルディングやアクションプラン策定といった社会的課題解決に向けた取り組みを実施する。

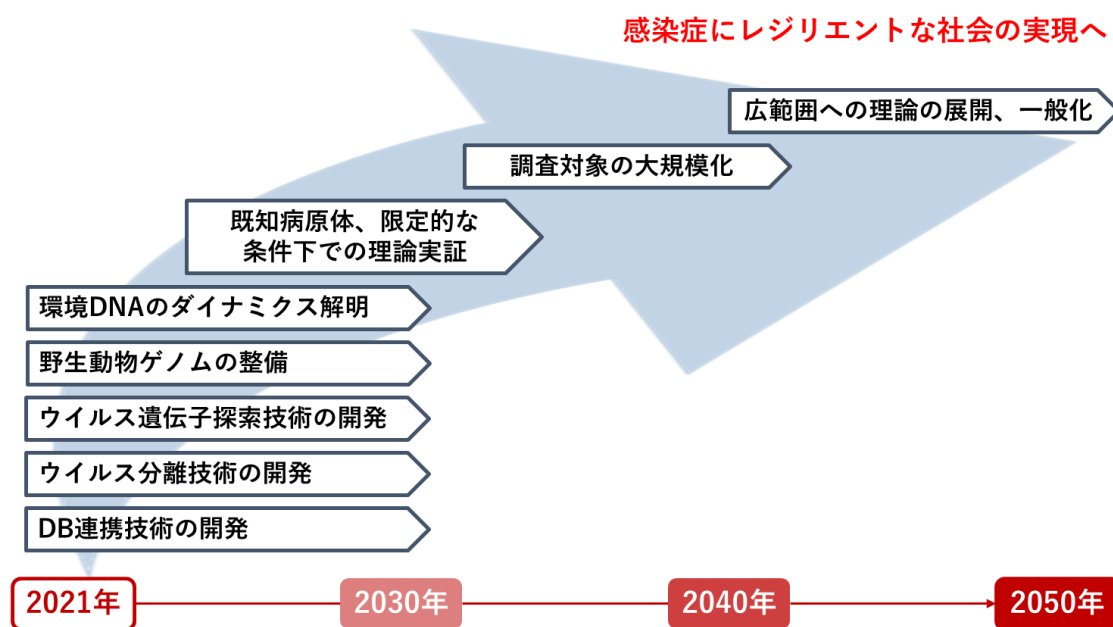


Figure 14 目標達成に向けたシナリオ。2030 年までに基盤的な技術開発を行い情報の収集を開始し、その後大規模な情報収集とそれらのデータを分析、活用する技術を開発する。

2030 年までの具体的なシナリオは以下のとおりである。

(1) サンプル収集及び情報収集技術

環境 DNA 技術については、陸棲生物への適用を可能とするために水以外の土壌や空気といったサンプルの有用性検証や、得られたデータがカバー可能な時空間スケール等に関する基礎的な知見を収集する。また、並行して遺伝子増幅のための共通プライマーデザインや採取された遺伝子配列から動物種を判別するために必要な野生動物ゲノム情報の解読を実施し、本格的な情報収集のための技術基盤を整えることを目指す。

環境 DNA 技術で得られた情報の精度を確認するための手段として、定点カメラや画像解析等の従来技術による観察手法の改良も並行して実施し、両者のデータを用いて情報の蓄積を行う。

野生動物からの未知病原体探索研究については、これまで様々な研究機関で蓄積してきたノウハウや協力体制を活用し、引き続き調査研究を継続する。その際、調査を継続的に実施していくためにも、各分野に所属する研究者や協力者が互いに恩恵を得ることができる

協力体制の構築に配慮し、スムーズに調査を遂行できるように関連行政機関の協力を促す。

病原体のゲノム解析や分離培養技術については、既知の病原体や過去に収集したサンプルを活用することで技術開発の結果を検証するとともに、将来的に収集されるサンプルに随時適用拡大していく。

ソフトウェア面での技術開発については、まずは既存 DB 内に保管されている豊富なウイルスゲノム情報などを用いることで、新たな手法開発に注力する。開発した手法は、フィールド調査で収集した材料から収集される膨大な遺伝子情報の解析へと適用する。

上記の技術開発の過程で多くの技術がスピナウトすることが予想される。例えば、環境 DNA 技術は生態学研究において非常に有用なツールであるため、生態学分野でも大いに活用が期待される。また、野生動物のゲノム解析情報は、種の保全や進化学的な研究、野生動物が保有する有用な遺伝形質の探索など、感染症研究以外の分野での利用が期待される。このように、本調査研究で開発を行う技術は様々な分野へと波及効果をもたらすと考えられる。

(2) 情報連携基盤の構築研究

将来的な構想に向けて、まずは既存 DB の中から抽出連携すべき情報の優先順位付けを行い、順次格納されている情報を連携可能な形式に修正変更する作業を実施する。また、特定の既知病原体をモデルとして理論実証やケーススタディを行うため、例えば SFTSV のような既知病原体に関する情報を統合し、病原体が人にスピルオーバーするリスクと関連する情報や条件を活用可能な理論、分析手法の開発を目指す。

(3) 疫学調査のための協力体制構築

本研究に関わるフィールド調査の実施には、感染症研究者や野生動物研究者、生態学研究社などの協力が不可欠であるため、コンソーシアムなどを形成することで貴重な情報やサンプルを共有する体制を整える。また、野生動物のサンプルのみならず、家畜動物のサンプルも併せて管理保管するための体制構築を目指す。

このような協力体制の構築については、例えば SFTSV のように人に病気を起こす重要な病原体であり、且つ病原体を伝播するダニ、自然環境中でダニとともに生息している野生動物、野生動物が生息している環境、そしてその環境周辺で飼育されている家畜動物というように非常に多層的な要素が関わっている病原体をモデルケースとすることで、着実な成果が期待される (Figure 15)。SFTS の発生には日本国内でも地域差があることから、上記の

各要因が互いにどのように連携して人へのスピルオーバーに関与しているかを検証するための有用なモデルケースとなることが期待され、このような既知病原体を用いた検証を行うことで本構想の有用性が検証できるものと思われる。

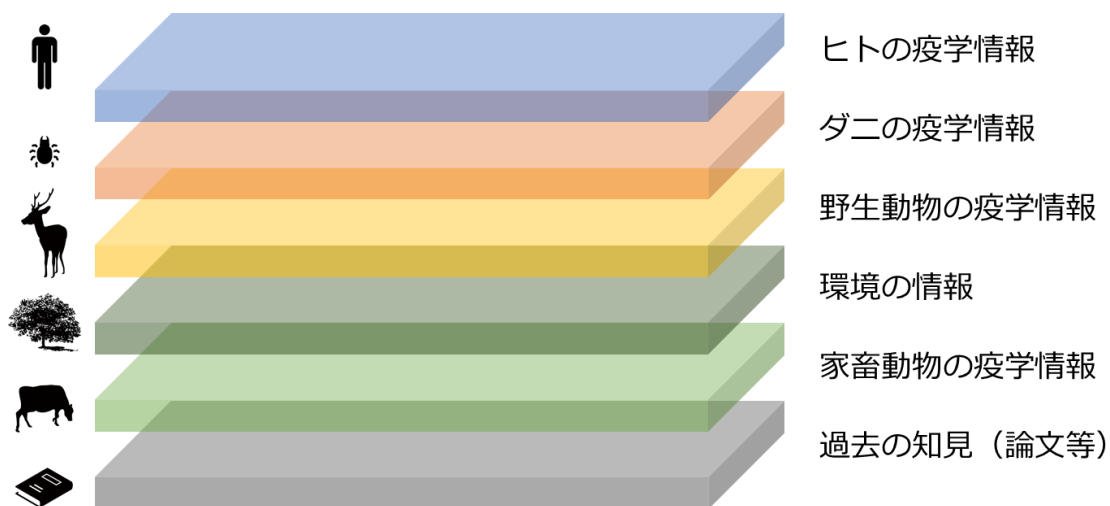


Figure 15 SFTS の発生に影響する要因

SFTS の発生には、様々な分野の要素が複雑に関与している。そのため、本課題の研究開発における有用なモデルケースとなりえる。

上記シナリオから、以下の社会的・科学技術的課題の解決がマイルストーンとして設定可能と考えられる。

- ・ 課題遂行のために必要な協力体制（コンソーシアム）が構築され、研究者や行政の間でサンプルの保存・共有体制が整う。
- ・ 既知病原体をモデルとして、人社会へのスピルオーバーリスクと連動する関連因子を明らかにする。

上記マイルストーン達成を目指しつつ、それらの技術を活用して既知病原体の解析データや日本の環境条件における解析結果を世界に発信しつつ調査対象をさらに拡大して、新興感染症ホットスポットを含む世界各地における情報を蓄積して2050年の目標達成を目指す。

3. International cooperation

（目標達成に向けた国際連携の在り方）

昨今、人獣共通感染症への対策は各国各機関において大規模なプロジェクトとして推進されている。しかしながら、野外におけるサーベイランスやフィールド調査が必要な研究に関しては、一国家あるいは単独のプロジェクトでパンデミックホットスポットとなりえる発展途上国を含む世界各地全体をカバーしてそれぞれの地域で未知病原体の探索を行うことは困難であり、国際的な役割分担や担当地域の割り振り、計画的なキャパシティビルディングに則った事業継続などが必要と思われる。そのためには、日本も各研究機関単独での国際的協力関係構築と並行して、国策として国家間での情報やサンプルの共有体制を築いていかなければならない。本構想で掲げる研究開発の実施は、情報や成果を共有するための重要な基盤となるのみならず、自国における対策を充実させることで、地域のパンデミックリスクの低減に貢献し、国際的なリーダーシップを発揮していくためにも重要であると考えられる。

これまでの項目ですでに述べた通り、日本では長年にわたり国際連携拠点の整備を実施してきた。今後もこのような取り組みを継続するとともに、例えば Grobal Virome Project や Genome 10K project のような国際的な情報共有ネットワークへの参画については、研究者個人々の短期的な研究資金に依存した参画ではなく国家として参画して国内の研究者全体が恩恵を得ることができるような仕組みにしていくことが必要である。

感染症研究に関わる途上国でのサンプリングは、遺伝資源の問題などからも当事者（あるいは当事国同士）の信頼関係構築が欠かせない。これまで各研究機関が築いてきた信頼関係を尊重しつつ、それらをさらに発展させる形での国際連携体制構築が望ましい。

4. Interdisciplinary cooperation

（目標達成に向けた分野・セクターを越えた連携の在り方）

人獣共通感染症の問題が様々な研究領域にまたがる課題であることはこれまで述べた通りであり、特定の研究分野の研究者単独で解決することは困難である。そのため、この取り組みには研究者以外にも非常に多くのセクターを超えた連携が必要であり、実に多様な専門分野横断的な協力体制を構築しなければならない。

継続的に実施可能な協力体制を構築するためには、その課題に携わる研究者全員が対象に対して興味を持ち、面白いと感じるような課題設定が必要である。本調査課題も、ただ単純にサンプルや情報を集めることそれ自体を目的とするのではなく、それぞれの研究課題の達成がスピニアウトして新たな課題解決に結びつくような研究を遂行し、その過程で有用な情報やサンプルが集約されていく体制の構築が好ましい。プロジェクトあるいはコンソーシアムの中で参加者各人が自身の成果を最大化しながら目標達成に向けて研究を実施していける体制を構築する必要があるだろう。そのためには、5. ELSI の項目で述べるように未知の感染症への備えとしての研究による成果や価値を適切に評価できるよう、社会の

在り方も再考する必要があるだろう。

5. ELSI (Ethical, Legal, Social Issues)

(目標達成に向けて取り組むうえでの倫理・法的・社会的課題及びその解決策)

倫理および法的な面での課題として、円滑な調査研究や情報共有を推進するために各省庁の縦割り行政や法規制及び制度の改革が必要となるかもしれない。例えば、野生動物からのサンプリングを実施するためには実に様々な行政的手続きを踏まねばならない。このような手続きを可能な限り簡略化することができれば、スムーズな人獣共通感染症対策を行うことができるだろう。そのため、研究成果と感染症対策の効率を最大化することができる行政システムを構築する試みが必要となるかもしれない。また、動物衛生の分野においては、家畜動物における病原体浸潤状況を疫学的に調査することの重要性は認識されているものの、特定の地域あるいは農家への風評被害に対する懸念などから、全国的なサンプルバンキング体制は整えられていない。この課題を解決するためには、リスクコミュニケーションや国民へのインフォームドコンセント、サンプルの取り扱いルールを定めた規則の策定などの対応が必要となり、研究者のみで実施することは不可能である。人獣共通感染症発生に備えた万全の体制を整えるためには、行政的、政治的な協力が不可欠である。上記のような課題を考慮すると、国内における司令塔機関として、例えば海外の感染症対策を行う専門機関（CDC など）に相当する国内機関の設立も必要となるかもしれない。

未知の人獣共通感染症に対する対策の重要が認識される一方で、その活動が生み出す金銭的な価値（市場性や社会実装）の評価が困難であることが、過去に当該分野における研究開発の律速となっていたことは否めない。そのため、本目標の達成のみならず今後継続的に対策を講じるためには、感染症対策による成果を適切に評価するシステムが必要となるだろう。現在の価値観では、例えば感染症対策が成功するということはその病気のための医薬品もワクチンも必要なくなり、医薬品市場が生まれなくなるため経済的な価値が算出できないということになってしまう。しかし、10 年間のパンデミック予防的対策に必要なコストは COVID-19 による経済損失のわずか 2%程度であるという試算や、感染症対策を行うことに付随する生態系保全効果がもたらす経済的な効果（ダスグプタ・レビューの概念）は、感染症対策の成果を裏付ける証拠となるだろう。これらの成果を正しく国民に説明し理解を得るための努力や、受け手側の価値観の変革が求められる。

IV. Conclusion（結論）

以上のことから、本調査研究ではポスト COVID-19 時代における新たなムーンショット目標として「2050 年までに、動物由来の未知感染症に対するマネジメントシステムを構築し、感染症にレジリエントな社会を実現する」ことを提案する。

本目標は、人類への新興感染症発生リスクを低減するのみならず自然環境や生態系の保全にも貢献し、食糧及び資源問題や気候変動といった地球規模の問題解決に向けた他ムーニョット目標における取り組みとともに、地球規模での課題解決に向けた有用な知見をもたらすことが期待される。

V. References (参考文献)

1. Allen T, Murray KA, Zambrana-Torrel C, Morse SS, Rondinini C, Di Marco M, Breit N, Olival KJ, Daszak P. 2017. Global hotspots and correlates of emerging zoonotic diseases. *Nat Commun* 8:1124. <https://doi.org/10.1038/s41467-017-00923-8>.
2. Carroll D, Daszak P, Wolfe ND, Gao GF, Morel CM, Morzaria S, Pablos-Méndez A, Tomori O, Mazet JAK. 2018. The Global Virome Project. *Science* 359:872-874. <https://doi.org/10.1126/science.aap7463>.
3. Center for Research and Development Strategy, Japan Science and Technology Agency. 2018. Integration of Bio-Medical Things (IoBMT). Strategic Proposal CRDS-FY2018-SP-06. <https://www.jst.go.jp/crds/pdf/2018/SP/CRDS-FY2018-SP-06.pdf>. [accessed at July 7, 2021]
4. Center for Research and Development Strategy, Japan Science and Technology Agency. 2019. Panoramic View of the Life Science and Clinical Research Field (2019). CRDS-FY2018-FR-04. <https://www.jst.go.jp/crds/pdf/2018/FR/CRDS-FY2018-FR-04.pdf>. [accessed at June 27, 2021]
5. Dasgupta P. 2021. The Economics of Biodiversity: The Dasgupta Review. https://assets.publishing.service.gov.uk/government/uploads/system/uploads/attachment_data/file/962785/The_Economics_of_Biodiversity_The_Dasgupta_Review_Full_Report.pdf. [accessed at June 27, 2021]
6. Dobson AP, Pimm SL, Hannah L, Kaufman L, Ahumada JA, Ando AW, Bernstein A, Busch J, Daszak P, Engelmann J, Kinnaird MF, Li BV, Loch-Temzelides T, Lovejoy T, Nowak K, Roehrdanz PR, Vale MM. 2020. Ecology and economics for pandemic prevention. *Science* 369:379-381. <https://doi.org/10.1126/science.abc3189>
7. Grange ZL, Goldstein T, Johnson CK, Anthony S, Gilardi K, Daszak P, Olival KJ, O'Rourke T, Murray S, Olson SH, Togami E, Vidal G, Mazet JAK. 2021. Ranking the risk of animal-to-human spillover for newly discovered viruses. *Proc Natl Acad Sci U S A* 118. <https://doi.org/10.1073/pnas.2002324118>.
8. Hie B, Zhong ED, Berger B, Bryson B. 2021. Learning the language of viral evolution and escape. *Science* 371:284-288. <https://doi.org/10.1126/science.abd7331>
9. Holmes EC, Rambaut A, Andersen KG. 2018. Pandemics: spend on surveillance, not prediction. *Nature* 558:180-182. <https://www.nature.com/articles/d41586-018-05373->

w. [accessed at June 27, 2021]

10. Huddleston J, Barnes JR, Rowe T, Xu X, Kondor R, Wentworth DE, Whittaker L, Ermetal B, Daniels RS, McCauley JW, Fujisaki S, Nakamura K, Kishida N, Watanabe S, Hasegawa H, Barr I, Subbarao K, Barrat-Charlaix P, Neher RA, Bedford T. 2020. Integrating genotypes and phenotypes improves long-term forecasts of seasonal influenza A/H3N2 evolution. *Elife* 9. <https://doi.org/10.7554/eLife.60067>.
11. Johnson CK, Hitchens PL, Pandit PS, Rushmore J, Evans TS, Young CCW, Doyle MM. 2020. Global shifts in mammalian population trends reveal key predictors of virus spillover risk. *Proc Biol Sci* 287:20192736. <https://doi.org/10.1098/rspb.2019.2736>.
12. Leempoel K, Hebert T, Hadly EA. 2020. A comparison of eDNA to camera trapping for assessment of terrestrial mammal diversity. *Proc Biol Sci* 287:20192353. <https://doi.org/10.1098/rspb.2019.2353>.
13. Maeda K. 2016. The Topic of This Month: Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) in Japan, as of February 2016. *Infectious Agents Surveillance Report (IASR)* 37:51-53. <https://www.niid.go.jp/niid/images/idsc/iasr/37/433j.pdf>. [accessed at June 27, 2021]
14. Maeda K, Noguchi K, Tatemoto K, Sakai Y, Shimoda H, Takano A, Morikawa S, Matsuu A, Kirino Y, Okabayashi T, Hayasaka, D, Mizutani T, Matsuno K, Shiranaga N, Suzuki K. 2019. The Topic of This Month: Severe fever with thrombocytopenia syndrome (SFTS) in Japan, as of June 2019. *Infectious Agents Surveillance Report (IASR)* 40:116-117. <https://www.niid.go.jp/niid/images/idsc/iasr/40/473.pdf>. [accessed at June 27, 2021]
15. Pavlovich SS, Lovett SP, Koroleva G, Guito JC, Arnold CE, Nagle ER, Kulcsar K, Lee A, Thibaud-Nissen F, Hume AJ, Mühlberger E, Uebelhoer LS, Towner JS, Rabadan R, Sanchez-Lockhart M, Kepler TB, Palacios G. 2018. The Egyptian Rousette Genome Reveals Unexpected Features of Bat Antiviral Immunity. *Cell* 173:1098-1110.e18. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.03.070>.
16. PREDICT Consortium . 2020. The PREDICT Legacy Book. https://ohi.vetmed.ucdavis.edu/sites/g/files/dgvnsk5251/files/inline-files/PREDICT%20LEGACY%20-%20FINAL%20FOR%20WEB%20-compressed_0.pdf. [accessed at June 27, 2021]
17. Scheben A, Ramos OM, Kramer M, Goodwin S, Oppenheim S, Becker DJ, Schatz MC, Simmons NB, Siepel A, McCombie WR. 2020. Unraveling molecular mechanisms of immunity and cancer-resistance using the genomes of the Neotropical bats *Artibeus jamaicensis* and *Pteronotus mesoamericanus*. *bioRxiv*. <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2020.09.09.290502v1.full.pdf>. [accessed at

June 27, 2021]

18. Taylor LH, Latham SM, Woolhouse ME. 2001. Risk factors for human disease emergence. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci* 356:983-9. <https://doi.org/10.1098/rstb.2001.0888>.
19. UK Research and Innovation. 2021. Zoonoses and Emerging Livestock Systems (ZELS): Reducing the risk to livestock and people - Supplementary Research Projects 2019-2021. <https://bbsrc.ukri.org/documents/zels-sr-brochure-pdf/>. [accessed at June 27, 2021]
20. United Nations Environment Programme and International Livestock Research Institute. 2020. Preventing the next pandemic - Zoonotic diseases and how to break the chain of transmission. <https://wedocs.unep.org/bitstream/handle/20.500.11822/32316/ZP.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. [accessed at June 27, 2021]
21. Ushio M, Fukuda H, Inoue T, Makoto K, Kishida O, Sato K, Murata K, Nikaido M, Sado T, Sato Y, Takeshita M, Iwasaki W, Yamanaka H, Kondoh M, Miya M. 2017. Environmental DNA enables detection of terrestrial mammals from forest pond water. *Mol Ecol Resour* 17:e63-e75. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12690>.
22. Urayama S, Takaki Y, Nunoura T. 2016. FLDS: A Comprehensive dsRNA Sequencing Method for Intracellular RNA Virus Surveillance. *Microbes Environ* 31:33-40. <https://doi.org/10.1264/jsme2.ME15171>.
23. Wille M, Geoghegan JL, Holmes EC. 2021. How accurately can we assess zoonotic risk? *PLoS Biol* 19:e3001135. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3001135>.
24. World Health Organization. 2021. WHO-convened Global Study of Origins of SARS-CoV-2: China Part. https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/final-joint-report_origins-studies-6-april-201.pdf?sfvrsn=4f5e5196_1&download=true. [accessed at June 27, 2021]
25. 国立研究開発法人科学技術振興機構 バイオサイエンスデータベースセンター. 2016. ライフサイエンスデータベース統合推進事業 事業報告書. https://biosciencedbc.jp/gadget/unei/jigyoku_houkoku.pdf. [accessed at June 27, 2021]
26. 国立研究開発法人日本医療研究開発機構. 2017. 感染症研究国際展開プログラム (J-GRID) - 平成 28 年度 研究成果報告書 -. https://www.amed.go.jp/program/houkoku_h28/0106jgrid.html. [accessed at July 7, 2021]
27. 国立研究開発法人日本医療研究開発機構 戦略推進部 感染症研究課. 2018. 感染症研究国際展開戦略プログラム (J-GRID) 活動状況について. <https://www.amed.go.jp/content/000015373.pdf>. [accessed at June 27, 2021]
28. 内閣府. 2019. 統合イノベーション戦略 2019. https://www.kantei.go.jp/jp/singi/tougou-innovation/pdf/togo2019_honbun.pdf.

[accessed at July 7, 2021]

29. 内閣府 . 2020. 統合イノベーション戦略 2020.
https://www8.cao.go.jp/cstp/togo2020_honbun.pdf. [accessed at July 7, 2021]
30. 内閣府 . 2021. 科学技術・イノベーション基本計画 .
<https://www8.cao.go.jp/cstp/kihonkeikaku/6honbun.pdf>. [accessed at July 7, 2021]
31. 農林水産政策研究所. 2007. 高病原性鳥インフルエンザのアセアン諸国への社会経済的影響. アジアにおける鳥インフルエンザ-各国の対応と農業・経済への影響:11-77.
https://www.maff.go.jp/primaff/kanko/project/attach/pdf/070330_19zinzyu1_01.pdf.
[accessed at June 27, 2021]
32. 文部科学省 . 2021. 「バイオ DX」による科学的発見の追求 .
https://www.mext.go.jp/content/20210312-mxt_kiso-000013144_5.pdf. [accessed at June 27, 2021]