

口述発表

インフルエンザ非流行期の集団発生から分離された AH3 型ウイルスの抗原性の解析

吉田綾子¹⁾ 筒井理華¹⁾ 石川和子¹⁾
三上稔之¹⁾ 阿部芳則²⁾ 三戸波子³⁾
角田純一³⁾

1) 青森県環境保健センター、2) 阿部クリニック

3) 上十三地域県民局地域健康福祉部保健総室(上十三保健所)

Key Words : ① *Influenzavirus* ② AH3 Type
③ antigenic drift

I. はじめに

インフルエンザウイルスは、毎年冬から春先にかけて流行する呼吸器感染症の原因ウイルスで、A・B・Cの3型がある。現在ヒトの間で大きな流行を起こしている型は、Aソ連型(H1N1亜型)、A香港型(H3N2亜型)、B型である。

A型とB型ウイルス粒子の表面には赤血球凝集素(HA)とノイラミニダーゼ(NA)という糖蛋白があり、これらが感染防御免疫の標的抗原となっているが、ウイルス遺伝子に起こる突然変異の蓄積によってHAとNAの抗原性が少しずつ変化する(連続抗原変異: antigenic drift)ので、毎年のように流行を繰り返している。

II. 目的

青森県における2007/2008シーズンのインフルエンザの流行は、2008年2月までAH1型ウイルスのみの検出であった。しかし、インフルエンザ非流行期の2008年6月に救護施設において、インフルエンザ集団発生があり、ウイルス検査を実施した結果、AH3型であることが判明した。

インフルエンザ非流行期の分離株は、次シーズンの流行株になる可能性が考えられることから、HA遺伝子を解析してワクチン株と比較し、遺伝子変異と抗原性の変化について検討した。

III. 方法

患者の鼻腔ぬぐい液13検体について、MDCK細胞を用いてウイルス分離を行った。

分離された4検体について、国立感染症研究所から配布された2007/2008シーズンインフルエンザ同定キットと0.75%モルモット赤血球を用いて赤血球凝集抑制(HI)試験を行い、分離株を同定した。

また、上述の13検体からRNAを抽出し、RT-PCR及びダイレクトシーケンスを実施し、HA1領域の遺伝子解析を行った。

IV. 結果

分離した4株は、抗A/Hiroshima(広島)/52/2005(H3N2)(ホモ価1,280)に対しHI価80を示した。一方、抗A/Solomon Islands/3/2006(H1N1)(同640)、抗B/Shanghai(上海)/361/2002(同1,280)、抗B/Malaysia/2506/2004(同1,280)に対しては、いずれもHI価<10であり、分離株は全てAH3型に同定された。

一方、RT-PCRでは7検体からAH3型遺伝子が検出され、そのうちの6検体についてダイレクトシーケンスを実施したところ、シーケンスが可能であったHA1領域の322アミノ酸において、6検体は全て一致した。

また、同アミノ酸配列を2007/2008シーズンワクチン株A/Hiroshima(広島)/52/2005及び2008/2009シーズンワクチン株A/Uruguay/716/2007と比較した結果、前者はアミノ酸レベルで97.5%、後者は98.8%の相同性を示した。(図1)

V. 考察

分離株の抗原性は、ワクチン株であるA/Hiroshima(広島)/52/2005に対し、HI試験で16倍と大きく異なっており、また、シーケンスの結果から、塩基配列の変異によるアミノ酸置換が、ワクチン株との抗原性の変化に現れたと推察された。当該施設の流行は、ワクチン接種を行っていたものの、この抗原性の差異から、インフルエンザ集団発生に繋がったものと考えられる。

一方、分離株のHA1領域のアミノ酸配列は、次シーズンのワクチン株に相同性が高く、この時期の分離株は次シーズンの流行株になる可能性が考えられることから、ワクチンの効果を期待するとともに、今後の発生動向に注意したい。

VI. 文献

1) 国立感染症研究所ウイルス第3部第1室, WHOインフルエンザ協力センター, 独立行政法人製品評価技術基盤機構: 2006/07シーズンのインフルエ

- ンザウイルス流行株の解析, 病原微生物検出情報, 28 (11), 313-320, 2007
- 2) 奥野良信: インフルエンザウイルス概論, 臨床とウイルス, 35, 409-415, 2007.12
- 3) 川上千春他: 横浜市におけるインフルエンザウイルスの流行 (平成 18 年度), 横浜市衛生研究所年報,

46, 71-76, 2007

- 4) 石川和子他: 2008 年 6 月の非流行期での高齢者救護施設における AH3 亜型インフルエンザウイルスの流行 - 青森県, 病原微生物検出情報, 29 (8), 16-17, 2008

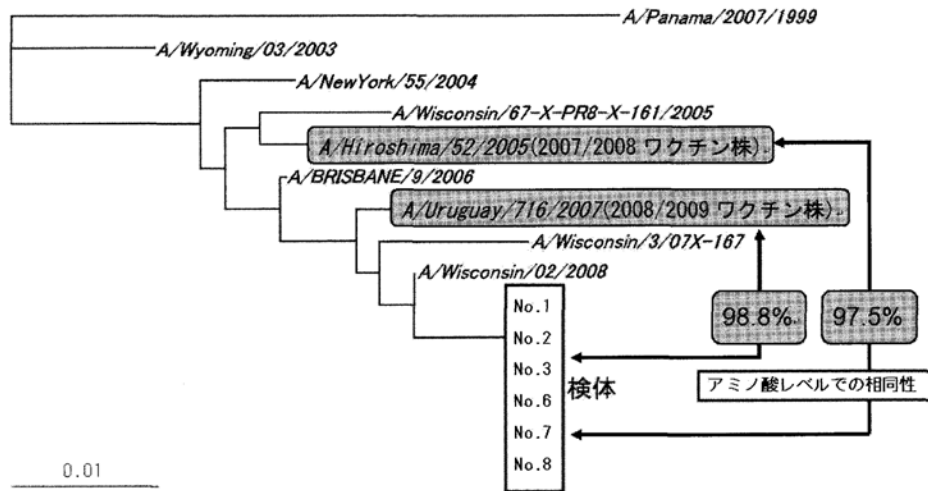


図1 HA1 遺伝子 322 アミノ酸の系統樹解析