

研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		カモシカの生息域拡大と人獣共通ポックスウイルスの環境汚染拡大との関連			
研究テーマ (欧文) AZ		Epidemiology of zoonotic poxvirus infection in wild Japanese serows (<i>Capricornis crispus</i>)			
研究氏 代 表 名 者	カカナ CC	姓) イノシマ	名) ヤスオ	研究期間 B	2018 ~ 2019 年
	漢字 CB	猪島	康雄	報告年度 YR	2019 年
	ローマ字 CZ	Inoshima	Yasuo	研究機関名	岐阜大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		岐阜大学応用生物科学部共同獣医学科・教授			
<p>概要 EA (600 字～800 字程度にまとめてください。)</p> <p>【目的】 1973 年、パラポックスウイルス (PPV) によるカモシカの皮膚病が岩手県で初報告された。その後東北から全国のカモシカに蔓延した。カモシカは 1970 年代より急速に生息数が増加し、生息域の拡大が続いている。ヒツジの PPV 感染症は 1970 年以前にも散発的に発生していた。そのため、ヒツジの PPV がカモシカに侵入し、カモシカの生息域拡大とともに、環境を汚染、拡散している可能性が指摘されているが、その詳細は不明のままである。 そこで本研究は、ヒツジのウイルスとカモシカのウイルスが同一、あるいは近縁であるのか、遺伝学的に明らかにすることを目的とした。</p> <p>【材料と方法】 カモシカで最初に PPV 発生の報告があった岩手県のヒツジから 1970 年に分離したウイルス 1 株、1985～2008 年にかけて、全国各地のカモシカから分離したウイルス 6 株、合計 7 株について、ウイルスゲノム中のオープンリーディングフレーム(ORF)11 の塩基配列を決定し、推定アミノ酸配列の系統樹解析を実施した。カモシカ由来 3 株については、さらに ORF117、119、125、127 の塩基配列も決定し、推定アミノ酸配列による系統樹解析を実施した。</p> <p>【結果と考察】 ORF11 全長 (1,137bp) の推定アミノ酸配列 (378aa) はカモシカ由来の 6 株間で 100%一致した。ヒツジ由来株とも 100%一致し、ORF11 はカモシカ株とヒツジ株で高度に保存されていることが明らかとなった。一方、カモシカ由来株の中には ORF117 を完全に欠失している株、ORF119 を一部欠失している株もあった。しかし、ORF125、127 については、96～100%一致した。 以上より、カモシカ、ヒツジに感染している PPV は、同じ PPV が環境を汚染し、蔓延しているのではなく、遺伝学的に異なる PPV がそれぞれに感染していることが示唆された。</p>					
キーワード FA	パラポックスウイルス	カモシカ	ヒツジ	分子疫学解析	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}	Genetic variability of 3'-proximal region of genomes of orf viruses isolated from sheep and wild Japanese serows (<i>Capricornis crispus</i>) in Japan							
	著者名 ^{GA}	Shimizu K et al.	雑誌名 ^{GC}	Frontiers in Veterinary Science					
	ページ ^{GF}	印刷中	発行年 ^{GE}	2	0	2	0	巻号 ^{GD}	印刷中
雑誌	論文標題 ^{GB}	なし							
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}	なし							
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}	なし							
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}	なし							
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要^{EZ}

Parapoxvirus infections are known as one of dermal diseases in sheep in Japan. In 1973, the infection in wild Japanese serows (*Capricornis crispus*) has been first reported in Iwate Prefecture. Since then, it has spread among them throughout Japan. It is suggested the possibility that the virus transmitted from sheep to the Japanese serows in Iwate Prefecture, and the virus-contaminated environment has been expanded along with the expansion of living areas of Japanese serows. In this study, to clarify the relationship between parapoxviruses in sheep and in Japanese serows, we analyzed parapoxviruses isolated from both sheep and Japanese serows from 1970 to 2007 genetically.

The sequences of open reading frame (ORF) 111, 117, 119, 125, and 127 of viral genome were determined and compared. Sequence analysis revealed that the ORFs 111, 125, and 127 were highly conserved among parapoxviruses from sheep and Japanese serows. However, high genetic variability with deletions or duplications was observed in the ORFs 117 and 119 in one strain from sheep and two strains from Japanese serows, respectively. These results suggest that, since genetic variability exists in parapoxviruses even in the same host species, different parapoxviruses could be circulating among sheep and Japanese serows.