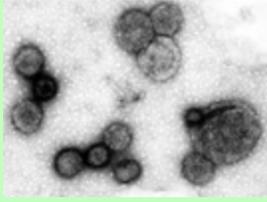


ヒトインフルエンザウイルスの遺伝子解析

国立感染症研究所(NIID)との共同事業

～ ヒトインフルエンザウイルス流行株の早期予測と薬剤耐性株の有効な監視体制の構築 ～



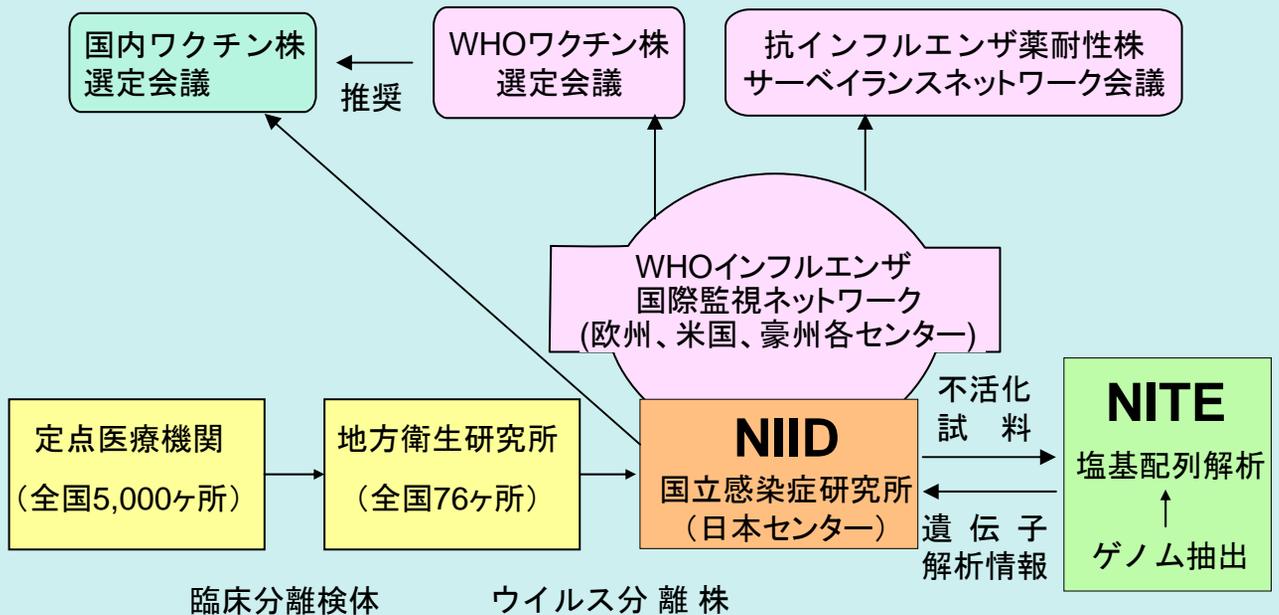
写真提供：
国立感染症研究所
ウイルス第3部
インフルエンザウイルス室

ヒトインフルエンザは我が国だけでも毎年1,000万人が罹患する重大なウイルス性疾患である。

インフルエンザウイルスは変異が起こりやすいため、翌シーズンに流行するウイルスを正しく予測し、適合ワクチン株を選定する必要がある。

また、タミフルなど抗インフルエンザ薬の使用量の増加に伴い、薬剤耐性株の出現が大きな問題となっているため、耐性株の監視も重要である。

ヒトインフルエンザウイルスの監視のための国際的な取り組み

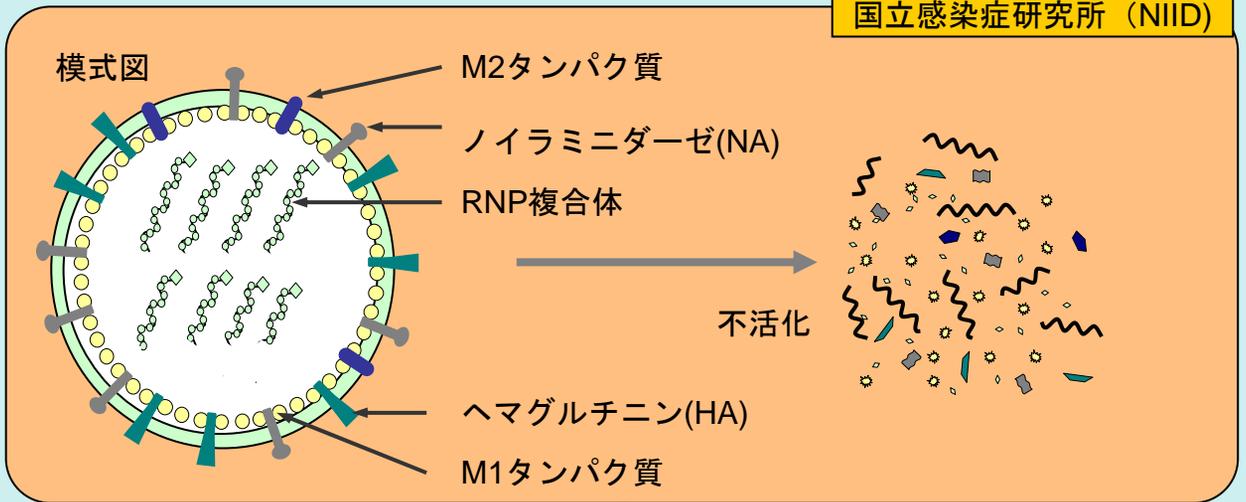


全国の地方衛生研究所および関連医療施設から集められたインフルエンザウイルスをNIIDが取りまとめ、感染の危険性の無い試料としたものをNITEで遺伝子解析を行う。

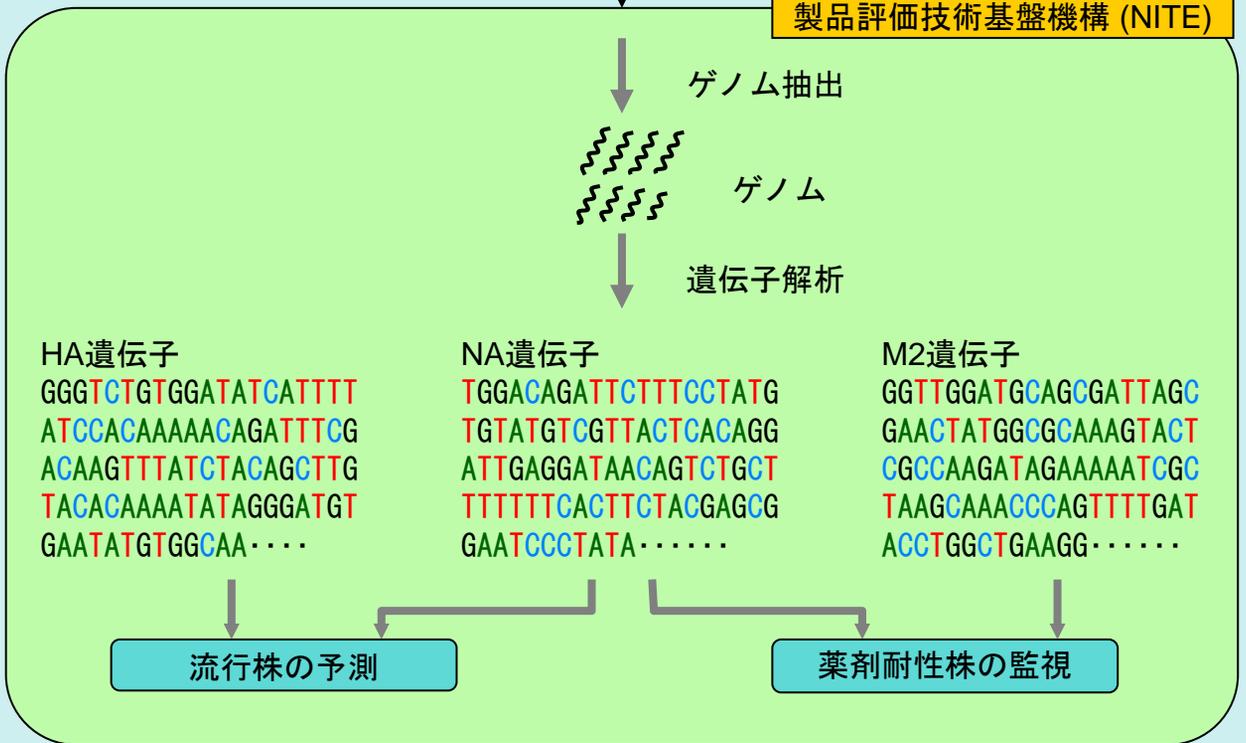
その情報を基にした系統解析等の結果をNIIDがWHOのワクチン株選定会議、抗インフルエンザ薬剤耐性株サーベイランス会議等に提供し、流行株の予測、ワクチン株の選定、薬剤耐性株の監視強化等に役立てている。

遺伝子解析の手法

国立感染症研究所 (NIID)



製品評価技術基盤機構 (NITE)



ノイラミニダーゼ(NA)、ヘマグルチニン(HA)の遺伝子解析により流行株の予測を行い、NA遺伝子、M2遺伝子解析により薬剤耐性株の監視を行うデータとしている。

※ヘマグルチニン(HA)の遺伝子解析は、NIIDでも実施している。

2007/2008シーズンに入って、タミフル耐性株がEU諸国で高頻度に分離されるようになり、世界的な流行の兆しをみせている。

WHOからの要請に基づき、全世界的にタミフル耐性株のサーベイランスが強化されており、最大のタミフル消費国である我が国でもNIIDとNITEが協力してより一層の監視体制の強化に取り組んでいる。