

チュウザンウイルスの分子遺伝学的研究

著者	山川 睦
雑誌名	動物衛生研究所研究報告
巻	108
ページ	86-87
発行年	2002-03-31
URL	http://doi.org/10.24514/00001759

doi: 10.24514/00001759

チュウザンウイルスの分子遺伝学的研究

山 川 睦

Studies on molecular genetics of Chuzan virus

Makoto YAMAKAWA

1985年から1986年にかけて南九州を中心に水無脳症・小脳形成不全症候群 (hydranencephaly-cerebellar hypoplasia syndrome) を主徴とする異常仔牛の出産が多発した。その総数は2463頭に達し、畜産農家に多大な経済的被害をもたらした。その後の血清疫学的及び病因学的研究により、本病は1985年におとり牛血液及びウシヌカカ (*Culicoides oxystoma*) から分離されたウイルスに起因するものであることが明らかにされた。このウイルスはレオウイルス科オルビウイルス属パリアム血清群に分類され、分離地である鹿児島市中山町にちなんでチュウザンウイルスと命名された。パリアム血清群ウイルスはアジア、オーストラリア、アフリカを含む世界中の熱帯・亜熱帯地域に分布し、蚊、ヌカカ、ダニなどの多様な吸血昆虫によって媒介され、牛を主体とする反芻動物に感染することが知られている。以前からパリアム血清群ウイルスの流産・先天性奇形を伴う牛の異常産への関与が示唆されていたが、チュウザンウイルスによる本病の発生をみるに至るまで、その病原性について明確にされることはなかった。ここに新しい節足動物媒介ウイルス (アルボウイルス) 性疾病として「チュウザン病」が確立された。

近年の遺伝子工学的技術の導入によって、ブルータングウイルス (BTV) やアフリカ馬疫ウイルス (AHSV) を中心にオルビウイルスの分子生物学的性状が急速に解明されつつあり、遺伝子診断法や分子疫学的研究手法の確立、組換えウイルスタンパク質を用いた血清診断法、ワクチンの開発などが精力的に試みられている。しかしながら、チュウザンウイルスを含むパリアム血清群ウイルスに関する分子レベルの研究は、これまでほとんど行われていないのが現状である。チュウザン病の診断・予防法の改良、パリアム血清群ウイルスの疫学や遺伝学的・進化的関連性の解明のためには、チュウザンウ

イルスの分子生物学的研究が必要である。そこで、本研究ではチュウザンウイルスの遺伝子構造を明らかにし、組換えバキュロウイルスによる主要カプシドタンパク質VP7の発現と性状解析、並びにノーザンブロットハイブリダイゼーションやRT-PCR法を用いたパリアム血清群ウイルスの分子レベルでの比較解析を試みた。

最初に、1985年におとり牛血液から分離されたチュウザンウイルスK-47株のRNAを抽出・精製し、cDNAライブラリーを構築した。これをもとに全10分節の塩基配列を決定した結果、チュウザンウイルスのゲノムは、分節1の3930 bpから分節10の728 bpまで、総塩基数18915 bpからなり、7個の構造タンパク質及び3個の非構造タンパク質 (計6071個のアミノ酸) をコードすることが明らかとなった。各RNA分節は介在配列のない単一のオープンリーディングフレームを有し、その5'及び3'末端には共通の塩基配列5' GU (U/A) UAAA..... (A/G) C (U/A) (U/C) AC 3'や分節に特異的な逆位反復配列が認められた。チュウザンウイルス遺伝子と他の血清群に属するBTV, AHSV, シカ流行性出血熱ウイルス (EHDV) 及びBroadhavenウイルスの遺伝子をアミノ酸レベルで比較した結果、コアタンパク質VP3が最もよく保存されていた (35.5~63.9%)。一方、ウイルス中和抗原の本体である外殻カプシドタンパク質VP2間の相同性は19.7~22.5%と最も低かった。また、オルビウイルス間では、VP2の場合を除いて、非構造タンパク質より構造タンパク質の方が保存されていることが判明した。さらに分子系統樹解析を行ったところ、宿主域や分布地域、病性が異なるにも関わらず、チュウザンウイルスは遺伝的にAHSVに最も近縁であることが明らかとなった。

次いで、組換えバキュロウイルスによって主要コアタンパク質VP7を発現させ、性状解析を行うとともに、その血清診断用抗原としての有用性を検討した。発現した

VP7は、SDS-ポリアクリルアミド電気泳動によって分子量38Kの単一のバンドとして検出され、抗チュウザンウイルス血清を用いた間接蛍光抗体法によって組換えウイルス感染昆虫細胞質内に確認された。各種パリアム血清群ウイルスに対する抗血清、抗BTV及び抗EHDV血清を用いて組換えVP7の抗原性状について検討したところ、免疫沈降法とイムノプロット法で異なる結果が得られた。免疫沈降法では、VP7はパリアム血清群ウイルスに対する抗血清すべてと強く反応し、通常の血清試験では交差反応を示さない抗BTV及び抗EHDV血清とも反応した。一方、イムノプロット法では、VP7は抗チュウザンウイルス血清を含むすべての抗血清と反応を示さなかった。チュウザンウイルスVP7はパリアム血清群特異抗原であることが確認されたが、その抗原決定基は一次構造によって直接決定されるlinearなものではなく、立体構造に依存するconformationalなものであると考えられた。また、VP7には血清群を越えて保存されている抗原決定基の存在も示された。組換えVP7を用いて寒天ゲル内沈降反応を行ったところ、パリアム血清群ウイルスに対する抗血清とVP7の間に明瞭な沈降線が確認された。しかしながら、免疫沈降反応でみられた抗BTV及び抗EHDV血清とVP7の間の交差反応は認められなかった。以上のことから、組換えバキュロウイルスを用いて発現させたチュウザンウイルスVP7は、チュウザン病及びパリアム血清群ウイルスに起因する牛異常産の血清診断用抗原として利用可能であることが明らかとなった。

最後に、チュウザンウイルスとパリアム血清群ウイルスのRNA電気泳動パターンの比較、チュウザンウイルスのcDNAクローンをプローブとして用いたノーザンブロットハイブリダイゼーション、さらにRT-PCR法によるパリアム血清群特異遺伝子の検出と分子疫学的解析を行った。チュウザンウイルスはRNAゲノムの電気泳動により他の血清群と容易に区別されたが、パリアム血清

群ウイルスとは共通のパターンを示した。また、ハイブリダイゼーションの結果、外殻カプシドタンパク質をコードするRNA分節2及び6を除く8分節は血清群内で保存されていることが明らかとなった。これらの成績をもとにパリアム血清群ウイルスRNA分節5、7及び9を特異的に検出するRT-PCR法を確立し、日本、オーストラリア及びジンバブエ分離株24株のウイルスから得られたPCR産物の塩基配列を解析した。チュウザンウイルス分離株の遺伝子の変化を分離年順に調べたところ、これらRNA分節にはほぼ同時期に塩基の置換が認められた。また、同じ地域で分離されたウイルス株は血清型に関係なく相互に遺伝的に近縁であり、地域型 (topotype) 別に分類されることが判明した。分子系統樹解析により、1991年に日本で分離されたD'AguiarウイルスKY-115株は、異なる地域型間で起こったRNA分節の交換 (reassortment) によって生まれた可能性が示された。

PCR産物を用いて制限酵素断片長多型解析を行った結果、調べたオーストラリア及びジンバブエ分離株の全8株、日本分離株1株 (KY-115株) の計9株の同定が可能であった。KY-115株以外の日本分離株については個々の同定はできなかったが、1991年を境に2つの群に分けられた。この方法は、新たに分離されたパリアム血清群ウイルスの地域型や遺伝子の変異を迅速かつ簡便に知るための有力な手段となることが示された。

本研究で明らかになったチュウザンウイルスの全塩基配列データは、本ウイルスの抗原性、病原性の詳細な解析やサブユニットワクチンの開発を容易にするだけでなく、オルビウイルス属の分類学的・進化的研究の推進にも貢献すると考えられる。また、組換えVP7を用いた寒天ゲル内沈降反応やRT-PCR法は、チュウザン病の診断や本ウイルスのモニタリングに有効利用されると思われる。