博　士（獣医学）　エドガー　シミュルンドゥ

学 位 論 文 題 名

Characterization of influenza A viruses isolated from wild waterfowl in Zambia

（ザンビアの野生水禽から分離されたインフルエンザAウイルスの性状解析）

学位論文内容の要旨

Since the emergence of the H5N1 highly pathogenic avian influenza virus in Asia and its eventual global spread, together with the understanding that all mammalian influenza A viruses, including pandemic influenza strains have their origin in the avian influenza virus (AIV) pool, great emphasis has been directed towards AIV surveillance worldwide with the aim of averting the threat of influenza pandemics. However, the African continent is highly underrepresented in influenza surveillance. In the present thesis, valuable data for a better understanding of the ecology and epidemiology of AIVs in Zambia has been provided. During active AIV surveillance conducted in Lochinvar National Park from 2006-2009, 13 nonpathogenic strains of various subtypes (H3N6, H3N8, H4N6, H6N2, H9N1, and H11N9) were isolated from wild waterfowl. In the first study, it was demonstrated that all the gene segments of the first AIV isolate (H3N6) in Zambia belonged to the Eurasian lineage and that some genes may have been derived from Europe, Asia and Africa through reassortment events facilitated by the overlap of flyways across these regions. This finding was reiterated in the second study where twelve more isolates were genetically analyzed. It was notable that some genes were closely related to those of AIVs isolated from domestic birds (e.g. ostrich) in South Africa, suggesting possible AIV exchange between wild birds and poultry in southern Africa. It was also shown that several AIV subtypes circulate in Zambia and that they could persist in a southern Africa ecosystem at times when Eurasian migratory birds are usually absent or rare. It was further demonstrated that some AIVs isolated from wild waterfowl in Zambia may have the potential to infect mammals directly without adaptation. It is hoped that continued monitoring of AIVs in wild and domestic birds in southern Africa and the complete characterization of isolates may help in averting the sustained threat of influenza-related disasters in animals as well as in humans.

学位論文審査の要旨

主　査　　教　授　　高　田　礼　人
副　査　　教　授　　喜　田　　宏
副　査　　教　授　　澤　　洋　文
副　査　　准教授　　伊　藤　公　人

学位論文題名

Characterization of influenza A viruses isolated from wild waterfowl in Zambia

(ザンビアの野生水禽から分離されたインフルエンザAウイルスの性状解析)

アジア、ヨーロッパおよびアフリカ諸国におけるH5N1亜型のインフルエンザAウイルスによる高病原性鳥インフルエンザの流行および同ウイルスの度重なる人への感染によって、H5亜型のウイルスによるインフルエンザのパンデミックが危惧されている。同時に、インフルエンザAウイルスの自然宿主である野生水禽へのH5N1高病原性鳥インフルエンザウイルスの伝播が問題となっており、地球規模での鳥インフルエンザのサーベイランスの必要性に迫られている。しかし、アフリカ大陸における鳥インフルエンザのサーベイランスは殆ど実施されておらず、疫学およびウイルスの生態に関する情報は限られていた。本研究では、アフリカ南部に位置するザンビア共和国の野生水禽におけるインフルエンザAウイルスの保有調査を実施し、13株の鳥インフルエンザウイルスを分離した。第一章では、ザンビアで初めて分離された鳥インフルエンザウイルスの8本の遺伝子分節全ての塩基配列を決定し、進化系統解析を行った結果、大陸間を移動する渡り鳥によって運ばれるウイルス間の遺伝子再集合が確認された。第二章では、分離された13株全てを用いて進化系統解析を行った。これらのウイルスの一部の遺伝子は、南アフリカ共和国で家禽の間に流行しているウイルスと近縁であったことから、野生水禽と家禽の間のウイルス伝播が示唆された。また、遺伝的に非常に近縁なウイルスが複数年にわたり分離されたことから、ザンビアに飛来する野生水禽が保有するウイルスの遺伝子が安定に保存されていることが確認された。さらに、これらの分離株の中には、継代・馴化させることなしにマウスの肺で効率よく増殖するものが存在し、それらのウイルスは哺乳動物から分離されるウイルスに特徴的に認められるアミノ酸残基を複数有していた。本研究によって、家禽および野鳥における鳥インフルエンザウイルス保有状況の継続的モニタリングの必要性が強調されるとともに、分離株の詳細な解析が家畜、家禽および人のインフルエンザの発生予測と制圧対策に貢献することが期待される。

審査委員一同は、上記論文提出者、Edgar Simulundu氏が博士（獣医学）の学位を授与されるに十分な資格を有するものと認めた。