

宮崎県内の重症熱性血小板減少症候群（SFTS）ウイルスの 遺伝的多様性と地域性

微生物部 ○成田 翼、宮原 加奈、新田 真依子
水流 奈己、三浦 美穂、吉野 修司
宮崎大学産業動物防疫リサーチセンター 岡林 環樹

1 はじめに

重症熱性血小板減少症候群（SFTS）は 2011 年に中国で発見されたフェヌイウイルス科バンヤンウイルス属の重症熱性血小板減少症候群ウイルス（SFTSV）によって引き起こされる感染症であり、マダニによって媒介される人獣共通感染症である。国内では 2013 年に SFTS 患者 1 例目が報告されてから 2023 年 4 月 30 日までに 835 人の患者と 97 名の死亡（発生届出時点での死亡者数）が確認されている。発症者及び死亡者は高齢者を中心に発生しており、致死率は 6.3%-30%と考えられている¹⁾。宮崎県は全国で SFTS 患者発生数が最も多く、2013 年の 1 例目から 2023 年 7 月 2 日までに 107 名の感染者と 29 名の死亡者（発生届出後も含む）が確認されている。SFTS の患者発生地域は少しずつ北上しており、2019 年には東京でも患者が確認されている。SFTS は治療薬がなく、治療は対症療法が中心となっているため、SFTSV の感染の仕組みを理解することは、患者及び死亡者数の減少のために重要な課題となっている。

SFTSV は 3 分節の 1 本鎖マイナス RNA で構成され、L(6368bp)、M(3378bp)、S(1746bp)の 3 つの分節に分かれており、L 分節は RNA 依存性 RNA ポリメラーゼを、M 分節はエンベロープ糖タンパク（Gn 及び Gc）を、S 分節は核タンパク（NP）と非構造タンパク（NSs）をコードしている。

過去に行われた研究では、SFTS は中国に多い C1-C5 と日本に多い J1-J3 の 8 つの型に分類される事が判明している²⁾。

当所では、次世代シーケンサーを用いて SFTSV の L 分節、M 分節、S 分節について全ゲノム解析を行っており、SFTSV の S 分節の塩基配列と地域性及び致死率の間に一定の関連性が確認できたため報告する。

2 対象及び方法

1) 対象

2013 年から 2023 年の間に、当所の PCR 検査で SFTS 陽性が確定した検体（血清）のうち、S 分節の塩基配列が確定した 80 検体。

2) 方法

全ゲノムシーケンサー（iSeq/MK1C）を用いて全ゲノム解析を行った検体のうち、coverage95%以上、read depth10 以上かつ gap が無い検体について S 分節の系統樹解析を行った。この結果、系統樹において 4 検体以上の遺伝子集団（以下クラスター）からなる分岐に対して、地域性と致死率の違いを確認した。

3 結果

系統樹解析の結果、S 分節のクラスターは 80 検体中 36 検体が A-D の 4 つに分類された（図 1）。このうち、A は以前より県南を中心に発生している J3 型で、B は鹿児島県を中心に発生しているクラスター、C は県北を中心に発生しているクラスター、D は県央を中心に発生しているクラスターであった（図 2）。このうち、C と D は J1 型の一部を構成している株であった。各クラスターの致死率は、A (3/13=23.1%)、B (0/4=0%)、C (5/13=38.5%)、D (1/6=16.7%) であった。また、患者

