

ウシロタウイルス C の検出および遺伝学的性状に関する研究
(Detection of bovine rotavirus C and study on its genetic properties)

学位論文の内容の要旨

馬 渡 隆 寛
(指導教授：田 中 良 和)

長年、ウシはウイルス分類学上、ロタウイルス C (RVC) の自然宿主に含まれない状況にあった。しかし、1991 年にウシを自然宿主とする RVC Shintoku 株が初めて北海道の成牛の下痢便から分離された。その後、2002 年 4 月に山形県の一農場で集団発生した乳用成牛の下痢症例から RVC Yamagata 株が検出され、性状解析の結果からウシが RVC の自然宿主の 1 つであることが裏付けられた。従って、RVC は成牛の下痢症に関与しウシ RVC と呼ぶことを提唱した。

それ以降、ウシ RVC が広く認知され、加えてウシ RVC を含む主要な下痢関与ウイルス検出用のマルチプレックス RT-PCR の開発も相まって、症例報告が相次いだ。本研究では野外におけるウシ RVC の発生実態を解明するために、10 年間に山形県内の農場で発生した下痢症例から主要な下痢関与病原微生物を検出し、また、発生状況や臨床症状など得られた情報を整理した。その結果、ウシ RVC は秋から春先にかけて集団発生する乳用成牛の下痢症に関与する主要な病原微生物の 1 つであることがわかった。好発季節および発生形態はウシコロナウイルス (BCoV) 病およびウシロタウイルス B (RVB) 病と共通傾向を示し、臨床症状はウシ RVB 病と類似するが、BCoV 病とは相違点がみられた。このように、野外におけるウシ RVC の発生実態は徐々に解明されてきたが、遺伝子情報が少ないために遺伝子性状はほとんど明らかにされていなかった。そのため、既に検出した RVC6 株の全 11 遺伝子分節を解析し、遺伝的多様性、遺伝子動態

そして生態について考察した。その結果、VP4 遺伝子に欠損と挿入のある相同性の低い株がみつき、多様性のあることが初めて確認された。また、同じ遺伝子型に属する株が文節ごとに独立してリアソータントを繰り返し、遺伝的多様性を獲得していることが示された。このことから、異なった遺伝的背景をもつ複数の株が国内に広く分布し、ウシの下痢症に関与することが明らかとなった。また、ウシ RVC 病が近隣農場で続発および同一農場で再発した症例から遺伝子レベルで同一株や新たな株の侵入が初めて確認され、ウシ RVC の生態の一端が明らかになった。