<速 報>

従前未知の遺伝子型 “genotype 5” を代表すると思われる野生猪由来
E 型肝炎ウイルス塩基配列高橋 和明¹⁾ 寺田 修三²⁾ 國立 裕之³⁾ 新井 雅裕¹⁾ 三代 俊治^{1)*}

緒言：我々は、静岡県野生猪 140 頭を調べ、HEV RNA 陽性を示した 5 例のうち 3 例は genotype 4, 1 例は genotype 3, 残る 1 例の genotype は「不明」と報告した¹⁾。而るに此の「不明例」の HEV は 1 型から 4 型までの既知 genotype には属し得ず、新規「5 型」のプロトタイプたるべき塩基配列を有していることが判明したので報告する。

対象と方法：静岡県浜松市天竜区の山林で 2009 年 2 月 1 日に捕獲された体重約 10 kg の雄猪 (ID#135) の血清から HEV RNA を抽出し、ORF1 領域内 326 塩基の配列を決定した (isolate name は JBOAR135-Shiz09, accession number は AB573435)。既知配列との比較は Multiple Sequence Alignment by CLUSTALW に依り、系統樹は Unrooted N-J Tree 法で描いた。

結果：JBOAR135-Shiz09 は既知 1~4 型 genotype のどれにも属し得ぬ配列を有していることが、系統樹解析 (Fig. 1) から示唆された。同様の示唆は JBOAR 135-Shiz09 と 1~4 型 HEV 既報株との間の nucleotide identity (72.7-76.4% vs G1, 75.5% vs G2, 71.2-78.2% vs G3, 74.9-78.2% vs G4) から得られた。最近注目のウサギ由来 HEV²⁾ (GDC9 と GDC46) は我々の系統樹解析では genotype 3 の中に入り (Fig. 1 参照), JBOAR 135-Shiz09 との nucleotide identity も G3 に相応しい値 (75.5~77.3%) を示した。

以上の示唆は ORF2 領域の 412-nt sequence の解析 (data not shown) によっても再現された。

考察：愛知県から静岡県西部にかけての地域は、本州には稀な HEV genotype 4 がヒトから³⁾⁴⁾も野生猪から¹⁾⁵⁾も見つかる特異なエリアとして予てより注目されて来たが、今回の地域内 (正確には浜松市天竜区の山林) に棲む野生猪から genotype 5 と推定される HEV 株が採取されたことは、この地域への我々の関心を一層強く惹起する。更に探せば、もっと珍奇な HEV 株が見つかるかもしれない。

今回見つけた HEV-G5 がヒトやブタにも感染可能か否かの実証は今後の課題であり、ヒト細胞や動物を用いた感染実験の為に、HEV-G5 のプロトタイプとしての JBOAR135-Shiz09 の全長ゲノム塩基配列決定が急務である。

索引用語：E 型肝炎ウイルス、遺伝子型、野生猪

文献：1) 寺田修三, 國立裕之, 高橋和明. 治療学 2010 ; 44 : 1046—1049 2) Zhao C, Ma Z, Harrison TJ, et al. J Med Virol 2009;81: 1371—1379 3) 清水裕子, 山田正彦, 立松英純, 他. 肝臓 2006 ; 47 : 465—473 4) 川村欣也, 小林良正, 早田謙一, 他. 肝臓 2010 ; 51 : 418—424 5) 伊藤 雅, 小林慎一, 山下照夫, 他. 肝臓 2006 ; 47 : 316—318

1) 東芝病院

2) 焼津市立総合病院

3) 京都桂病院

*Corresponding author: shunji.mishiro@potoshibaco.jp

<受付日2010年8月6日><採択日2010年8月9日>

Fig. 1 Phylogenetic tree (CLUSTALW Unrooted N-J Tree Method) of HEV based on 326-nt sequence within ORF1. Sequences compared with our JBOAR135-Shiz09 are as follows;
 Genotype 1: B1-Burma (M73218), HEVNE8L-Myanmar (D10330), Haryana-India (AF459438), TK15-92-Nepal (AF051830), ABB-2b-Pakistan (AF185822), Hebei-China (M94177), Xinjiang-China (D11092), SAR55-Pakistan (M80581), Uigh179-China (D11093), hev037-India (X98292), Morocco-Morocco (AY230202). Genotype 2: M1-Mexico (M74506). Genotype 3: US1-USA (AF060668), Meng-USA (AF082843), swKOR-2-Korea (FJ426404), US2-USA (AF060669), HE-JA10-Japan (AB089824), JKN-Sap-Japan (AB074918), Arkell-Canada (AY115488), JIO-Sai97L-Japan (AB291951), JIO-swJ19-1-Japan (AB443623), JSW-Kyo-FH06L-Japan (AB291955), wbJYG1-Japan (AB222184), swJ570-Japan (AB073912), JE03-1760F-Japan (AB301710), JHK-Toy04C-Japan (AB291962), JTT-Kan-Japan (AB091394), JRA1-Japan (AP003430), JMNG-Oki02C-Japan (AB236320), JDEER-Hyo03L-Japan (AB189071), JSO-Hyo03L-Japan (AB189073), E088-STM04C-Japan (AB369689), swMN06-A1288-Mongolia (AB290312), Osh205-Kyrgyzstan (AF455784), swMN06-C1056-Mongolia (AB290313), swX07-E1-Sweden (EU360977), SW626-Spain (EU723512), TLS25-France (EU49514), JMH-Osa04C-Japan (AB291961), swJ8-5-Japan (AB248521), HE-JA04-1911-Japan (AB248520), GDC9-China (FJ906896), GDC46-China (FJ906896). Genotype 4: T1-China (AJ272108), swCH25-China (AY594199), HEVN2-Japan (AB253420), swDQ-China (DQ279091), HE-JA2-Japan (AB220974), swCH31-China (DQ450072), E067-SIJ05C-China/Japan (AB369690), SH-SW-zs1-China (EF570133), HE-JA19-Japan (AB220975), JKK-Sap-Japan (AB0749176), HE-JF4-Japan (AB220972), JSM-Sap95-Japan (AB161717), JKO-Aba-FH06C-Japan (AB291967), HRC-HE14C-Japan (AB291965), JTC-Kit-FH04L-Japan (AB291959), HE-JA28-Japan (AB220976), HE-JK4-Japan (AB099347), JSF-Tot03C-Japan (AB19317), JSN-Sap-FH02C-Japan (AB20239), HE-JA1-Japan (AB197812), HE-JI4-Japan (AB080575), swJB-H7-Japan (AB481227), JAK-Sai-Japan (AB074915), IND-SW-00-01-India (AY723745), E087-SAP04C-Japan (AB369688), CCC220-China (AB108537), JYI-ChiSai01C-China/Japan (AB197674), KNIH-hHEV-Korea (FJ763142), JKO-ChiSai98C-China/Japan (AB197673), swGX32-China (EU366959).

英文要旨

**A wild boar-derived hepatitis E virus isolate
presumably representing so far unidentified
“genotype 5”**

Kazuaki Takahashi¹⁾, Shuzo Terada²⁾,
Hiroyuki Kokuryu³⁾, Masahiro Arai¹⁾,
Shunji Mishiro¹⁾*

A peculiar nucleotide sequence of HEV RNA was recovered from a wild boar (*Sus scrofa leucomystax*) of male sex with about 10 kg of body weight, captured 1-Feb-2009 in the forest of Tenryu-ku, Hamamatsu, Shizuoka, Japan. The sequence (JBOAR 135-Shiz09, accession number AB573435) showed only less than 80% nucleotide identity to so far reported sequences of HEV genotype 1 through 4 (72.7-76.4% vs G1, 75.5% vs G2, 71.2-78.2% vs G3, 74.9-78.2% vs G4) and also to the rabbit HEV isolates recently reported from China (75.5-77.3%). Since the rabbit HEV segregates to genotype 3 in the present phylogenetic analysis (CLUSTALW Unrooted N-J Tree Method), we propose our JBOAR 135-Shiz09 isolate as the first member of new genetic group of HEV, “genotype 5”.

Key words: hepatitis E virus, genotype, wild boar

Kanzo 2010; 51: 536—538

1) Toshiba General Hospital

2) Yaizu City Hospital

3) Kyoto Katsura Hospital

*Corresponding author: shunjimishiro@potoshibaco.jp