

令和2年度助成研究の概要

厚生労働省など、国の機関及び公益法人などの公募により採択された研究です。

本年度は、神奈川県公衆衛生協会「調査研究助成」1課題、公益財団法人 大同生命厚生事業団「地域保健福祉研究助成」1課題、日本学術振興会・科学研究費助成事業「基盤研究C」4課題を実施しています。

神奈川県公衆衛生協会「調査研究助成」

No.	研究員	所属	研究課題(概要)
1	関戸 晴子	企画情報部 衛生情報課	<p>基幹感染症情報センターにおける感染症サーベイランスシステムを用いた統計学的検討～新型コロナウイルス感染症への対応から</p> <p>現在、世界的な流行がみられる新型コロナウイルス感染症(COVID-19)は、2020年2月に感染症法による指定感染症となり、感染症発生動向調査におけるサーベイランスシステム(NESID)に情報を入力していたところである。しかし、新しい感染症であるため、感染症予防と蔓延防止の観点から更なる情報を収集する必要があったことから、国はCOVID-19に関する新システム(HER-SYS)を構築し運用を始めた。そこで、行政担当者への研修・実地指導を通じて、COVID-19におけるNESIDから移行するHER-SYSの安定した運用体制を構築し、さらにNESIDとHER-SYSの両方のシステムで収集した情報を統計学的手法を用いて解析し、基幹感染症情報センターとして有益な情報の公開を目指す。</p>

公益財団法人 大同生命厚生事業団「地域保健福祉研究助成」

No.	研究員	所属	研究課題(概要)
1	政岡 智佳	微生物部 細菌・環境生物G	<p>神奈川県で検出されたカルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)の分子疫学解析</p> <p>近年増加傾向にあるカルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)感染症について、県内で検出された菌株の遺伝子型の分布状況を把握し感染源の調査などに役立てるために、次の解析を実施した。2018年度及び2019年度の当所に搬入されたCRE菌株のうち、搬入株数の多かった<i>Klebsiella aerogenes</i>及び<i>Enterobacter cloacae</i>の計68株について、パルスフィールドゲル電気泳動(PFGE)法による遺伝子型別を実施した。得られたPFGEパターンについて検出された地域や時期などの疫学情報とあわせて解析を行った。その結果、同一もしくは非常に似たPFGEパターンを示す菌株が同じ地域から複数検出されていることが明らかとなった。それらの菌株は、近い時期に検出されているものもあれば、数か月離れて検出されている場合もあり、地域によっては長期間にわたってCRE菌株が維持されている可能性が示唆された。</p>

日本学術振興会・科学研究費助成事業「基盤研究C」

No.	研究員	所属	研究課題(概要)
1	日紫喜隆行	微生物部 ウイルス・リケッチアG	<p>低分子化合物を用いたデングウイルス複製機構の解析</p> <p>本研究の目的はケミカルバイオロジー的手法を用いてデングウイルス複製に関与する宿主因子を同定し、それらの作用機序からウイルス複製制御機構を明らかにすることである。これまでの解析によって得た抗デングウイルス活性を有する候補化合物について、別ロットの化合物に対し抗ウイルス活性解析および細胞毒性試験をおこない偽陽性を排除した。また、候補化合物の類似化合物やそれらが関与するシグナルを特異的に制御する化合物を用いた解析により、ウイルス複製における化合物の作用機序を推定することに成功した。さらに、感染実験において培養細胞上清中のウイルスカ価だけでなく、細胞内外のウイルスRNAならびにタンパク質の発現量についても解析し、抗ウイルス活性の強い化合物の絞り込みに成功した。</p>
2	陳内 理生	微生物部 細菌・環境生物G	<p>髄膜炎菌における新規分子疫学的解析法の開発</p> <p>髄膜炎菌の分子疫学的解析法は、これまで、施設間のデータ比較が容易なMultilocus Sequence Typing(MLST)により実施されてきた。MLSTは海外株との比較が可能であるものの、分解能が低く、侵襲性髄膜炎菌感染症の集団発生時や薬剤耐性髄膜炎菌の拡散過程の解析には不十分であった。そこで、本研究ではMLSTより分解能が高いMultilocus variable-number tandem-repeat analysis (MLVA)に着目し、次世代シーケンサーを用い、データ共有が容易な新規MLVAの開発を行うとともに、この新規MLVAと薬剤耐性関連遺伝子の検出を同時に行う新たな分子疫学的解析法を開発する。今年度はこの新規分子疫学的解析法の基礎条件の検討として、マルチプレックスPCRを用いたシーケンス解析の条件検討を行った。</p>
3	日紫喜隆行	微生物部 ウイルス・リケッチアG	<p>デングウイルスレプリコン細胞を用いたウイルス複製制御機構の解明</p> <p>デングウイルス感染症は熱帯・亜熱帯地域で流行しているだけでなく、日本国内でも2014年、そして2019年に国内感染症例が報告され、国内外において公衆衛生上の大きな問題となっている。しかしながら未だ抗ウイルス薬がないことからその新規開発が喫緊の課題となっている。本研究では、デングウイルスレプリコン細胞や感染性ウイルスを用いてウイルス複製に関与する新規宿主因子を同定し、ウイルス複製制御機構を明らかにするとともに、抗ウイルス候補化合物を探索する。本研究成果はウイルスの生活環の解明だけでなく、新たな創薬標的の分子を見いだすことにも繋がり、より効率的な抗ウイルス薬開発へ向けての応用が期待される。</p>

4	田所 哲	理化学部 薬事毒性・食品機能G	<p>抗アレルギー活性を有するIgE標的デコイリポソーム製剤の開発</p> <p>近年、アレルギー疾患は増加傾向にあり、社会問題として取り上げられる機会が増えている。アレルギー疾患に関与するマスト細胞は、細胞膜表面上にIgE受容体を発現している。抗原とIgEを介してIgE受容体が架橋されると、ヒスタミンなどの炎症性メディエーターが細胞外に放出され、アレルギー症状を引き起こされることになる。既存の喘息治療薬であるオマリズマブは、血中のIgEに結合することでIgEとIgE受容体の結合を阻害する抗体医薬品であり、優れた抗アレルギー活性を示すが薬価が高い。本研究では新たな抗アレルギー薬の開発に資するために、オマリズマブと同様の機序で抗アレルギー活性を示すリポソーム製剤を構築することを目的としている。今年度は、IgE受容体の組み換えタンパク質の取得に向けて、大腸菌の作製及び組み換えタンパク質の発現条件に関する検討を実施した。</p>
---	------	--------------------	--