

原因不明症例におけるNGSを用いた ウイルスの網羅的解析

SATテクノロジー・ショーケース2026

■はじめに

次世代シーケンサー(NGS)とは、一度に大量のDNA断片を分析して遺伝子配列を決定できる機器であり、がんや遺伝性疾患、微生物、感染症などの分野で活用されている。

当所では、感染症発生動向調査の一環として平時よりウイルス感染を疑う症例の検査・分析を行っている。しかし、症状や患者情報から想定される病原体を対象とした通常の検査方法(PCRや培養細胞によるウイルス分離等)では限界があり、原因が特定できない症例が散見される。これらの原因不明症例について、当所ではNGSを用いたウイルスの網羅的解析を行い、原因ウイルスの特定を試みている。今回は、これまで当所で解析を実施した原因不明症例について報告する。

■活動内容

1. 材料と方法

2019年4月から2025年3月までに、当所の通常の検査で病原体が検出されなかつた149症例(283検体)を材料とした。材料から抽出した核酸をもとにライブライアリ調整を行い、NGSを用いたウイルスの網羅的解析を実施した(図1)。

2. 結果

149症例のうち5症例(3.4%)でウイルスが検出された(表1)。その内訳は、パラインフルエンザウイルス3型(HPIV-3)が1検体、ヒトコロナウイルスHKU1(HCoV-HKU1)が1検体、JCウイルス(JCV)およびアデノウイルス(ADV)が1検体、WUポリオーマウイルス(WUPyV)が1検体、オズウイルス(OZV)が3検体であった。

OZVはヒトから検出されたことのないウイルスであったため、疾患との関連を調べるために、医療機関および国立感染症研究所と連携し、さらに詳細な解析を実施した。その結果、本症例ではOZVが心筋炎を引き起こし、致死性不整脈の契機となったことが明らかとなつた。^{*1}

3. 考察

本研究により、県内の原因不明症例において、新規ウイルスによる感染症が発見された。近年NGSの活用により、マダニや野生動物などの自然環境から新規ウイルスが発見されており、その中には病原性を有する可能性があるものが含まれている。しかし、新規ウイルスによって引き起こされる感染症は、通常の検査方法だけでは原因の特定が難しいのが現状である。本研究におけるOZVの検出は、このような課題を解決する方法の1つとしてNGSによる解析

が有用であることを示している。NGSの活用には、検査費用が高額であること、検査に時間を要すること、網羅的な解析方法では特異的な遺伝子検査と比較して感度が低いことなどの課題も多い。試験方法の改良について検討を行い、今後も原因不明症例の原因特定に努めていきたい。

■関連情報等(特許関係、施設)

本研究は令和6年度より特別電源所在県科学技術振興事業補助金の支援を受けて行われた。

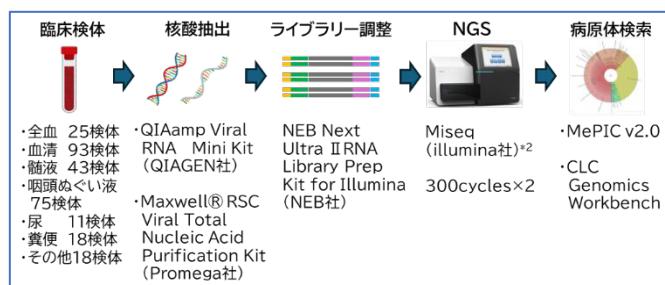


図1 NGSを用いたウイルスの網羅的解析のフロー

表1 ウィルスが検出された症例の詳細

症例 No	診断名	年齢・性別	結果	
			検体	検出ウイルス
1	急性脳症	10歳未満 男性	咽頭ぬぐい液	HPIV-3
2	急性脳炎	20歳代 女性	咽頭ぬぐい液	HCoV-HKU1
3	急性脳炎	60歳代 女性	尿	JCV、ADV
4	川崎病・ 急性脳症	10歳未満 男性	咽頭ぬぐい液	WUPyV
5	ダニ媒介 感染症	70歳代 女性	全血・血清・尿	OZV ※死亡例

*1 N Engl J Med. 2025;393(9):924-926. doi:10.1056/NEJM2503343

*2 <https://jp.illumina.com/systems/sequencing-platforms/miseq.html>

代表発表者 小室 慶子(こむろ けいこ)
所 属 茨城県衛生研究所 ウィルス部
問合せ先 〒310-0852 茨城県水戸市笠原町993番2
TEL:029-241-6652 FAX:029-243-9550
E-mail: eiken4@pref.ibaraki.lg.jp

■キーワード: (1) 次世代シーケンサー
(2) ウィルス遺伝子解析
(3) 原因不明症例