

# ハンタウイルスの遺伝的多様性に対応した遺伝子検出系の構築

## ■ 研究者情報

- 研究者名 新井 智
- 所属 予防接種研究部
- 共同研究 獣医科学部・前田 健

## ■ 研究アイデア・技術シーズ

### ■ 研究の独自性・優位性

- 齧歯類に限らず、無盲腸目、翼手目のハンタウイルスも検出可能
- いち早く、未知・既知のハンタウイルスを同定可能となり、早期検出からワクチン開発や新規診断系の開発へ繋げることが可能となる

### ■ 主要成果

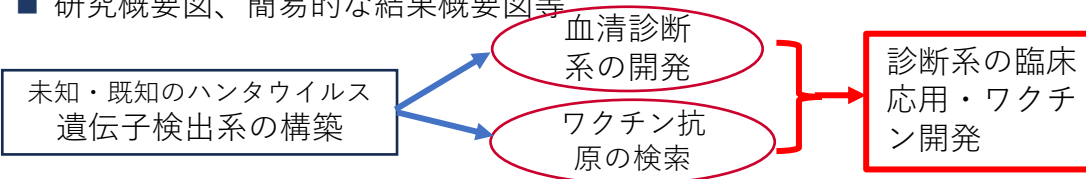
- [1] **Arai S**, Ohdachi SD, Asakawa M, Kang HJ, Mocz G, Arikawa J, et al. Molecular phylogeny of a newfound hantavirus in the Japanese shrew mole (*Urotrichus talpoides*). Proc Natl Acad Sci U S A. 2008;105:16296–301. <https://doi.org/10.1073/pnas.0808942105>
- [2] **Arai S**, Nguyen ST, Boldgiv B, Fukui D, Araki K, Dang CN, et al. Novel bat-borne hantavirus, Vietnam. Emerg Infect Dis. 2013;19:1159–61. <https://doi.org/10.3201/eid1907.121549>
- [3] **Arai S**, Aoki K, Son NT, Tú VT, Kikuchi F, Kinoshita G, et al. Author Correction: Đakrông virus, a novel mobatvirus (*Hantaviridae*) harbored by the Stoliczka's Asian trident bat (*Aselliscus stoliczkanus*) in Vietnam. Sci Rep. 2020;10:760. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-57832-y>
- [4] Yamada K, Kikuchi F, Dunnum JL, Gutierrez-Moreno P, Gonzalez DP, Armien B, et al. Genetically distinct hantaviruses in two bat species in Panama. iScience. 2025;28:112749. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2025.112749>

## ■ 背景・解決したい課題

- ハンタウイルスは、齧歯類など小型哺乳類を自然宿主としたウイルスで、ヒトに対して重篤な疾患を引き起こすが、ワクチンや効果的な治療法は確立していない
- 日本では、過去30年間、ヒト症例は確認されていない。しかし、齧歯類から感染する為、潜在的もしくは散発的に発生している可能性を否定できない
- 血清診断系の開発や、ワクチン抗原の候補探索、ワクチン開発へ繋げる研究の橋渡しを行う

## ■ 研究概要図

- 研究概要図、簡易的な結果概要図等



## ■ 今後の計画等

- 血清診断系への応用を検討中
- ワクチン抗原の候補検索を計画中