

MHV の Nucleocapsid gene 塩基配列解析はウイルスの由来推定に有効

田島優¹、小沢康彦²、太田晶子¹、愛原勝巳¹、鍵山壮一朗¹、加藤貴史¹、
金田安史¹、黒澤努¹

(大阪大学大学院医学系研究科実験動物医学教室¹)、(株)三協ラボサービス²)

はじめに：MHVは伝染力が強く、実験結果に与える影響も大きいが、汚染事故がしばしば報告されている。本年5月に、当施設のSPFマウス室4室(汚染室)で抗MHV抗体が検出された。導入時にMHV抗体陽性と判定された動物をCV室2室に収容しており、汚染源となった可能性があることから、汚染の経緯を解明するため、株を同定する必要があった。MHV株の同定は、変異が少ないMHVのNucleocapsid(N) geneの塩基配列を解析することで可能といわれている。MHVのN gene塩基配列を解析したところ、株が同定され、汚染経緯を明らかにすることができた。

材料と方法：サンプルは糞便あるいは大腸を用いた。RNAの抽出にはQIAGENのRNeasy Mini Kitを使用した。塩基配列解読のためのPCRにはYamadaら(2001)の報告したプライマーを用いた。

結果：一つの飼育室から検出されるN geneの塩基配列は、サンプル間での違いは7塩基以下であった。汚染室4室中3室の間ではそれぞれ塩基配列は数十カ所で異なっていた。CV室2室の間でも、検出された塩基配列は数十箇所異なっていた。1つの汚染室で検出された塩基配列は2つのCV室の一方で検出されたものと類似していた。また、もう一方の汚染室の塩基配列は、もう一方のCV室から検出されたものと類似していた。動物の室間移動が行われていた2つの汚染室からのサンプルは、塩基配列が一致していた。

考察：塩基配列解析の結果、汚染室2室のMHVは別々のCV室由来であることが示唆されたが、残り1室から検出されたMHVの由来は不明であった。MHVは動物の移動以外では、SPF室間での拡散は見られなかった。

参考文献：Yamada et. al. 2001, 51, 319-325. Comparative Medicine