

15. 野生鳥類の大量死の原因となり得る病原体に関するデータベースの構築

長 雄一，高田雅之（北海道環境科学研究センター），
大橋和彦，岡崎克則（北大獣医*），金子正美（酪農大環境システム）
遠藤大二，浅川満彦（酪農大獣医），坪田敏男，浅野 玄（岐阜大獣医）
赤松里香（EnVison環境保全事務所）

*：現在の所属 北海道医療大学

1 研究目的

我が国の多くの野生鳥類は、人間社会の狭間で生活している。そのため、生息環境（繁殖地・越冬地・渡りの中継地）の適地が限定され、その結果、過密化状態になり、流行性の病原体による大量死が危惧されている。しかしながら、家禽に悪性腫瘍や大量死を引き起こすマレック病、ニューカッスル病やインフルエンザ症、原虫症、蠕虫症等の野生動物における情報が不足しており、対症療法で終わっているのが現状である。このため、ガンカモ類等の野生鳥類を中心として、ウイルス等の病原体の遺伝子情報・病状等を収集する。さらにGISを用いて鳥類の分布等の生態情報と統合し、病原体データベース及び公開システムを構築する。さらに病原体検出キットの開発により病原体の地域における発生状況を把握し、将来的な野生動物防疫システムの構築に寄与する。

2 研究の概要

1) 病原体GISの構築と病原体分布様式の把握

体系的なサンプリングを行うことで、野生鳥類の病原体の発生状況をデータベース化し、周囲環境・位置情報等をGISにより管理・解析する。

2) 大規模データベースの設計と運用

ウイルス等の遺伝子情報あるいは病変部の画像データ、電子カルテを一括管理出来る大規模なデータベースを構築・運営するとともに、情報公開システムを設計する。

3) 野鳥由来ウイルスの分離・ゲノム遺伝子解析

強毒マレック病ウイルスやニューカッスル病ウイルスのゲノム配列を、PCR法により解析する。

4) 野鳥におけるインフルエンザウイルスの生態解析

ガンカモ類を始めとする野鳥の死体および糞便からインフルエンザウイルスを分離し、自然界におけるウイルスの分布状況を把握する。

5) 病原体検査システムの構築と寄生虫学的な調査

寄生原虫・蠕虫の潜在的な分布状況を把握し、虫卵のDNA塩基配列ライブラリを作成することで、糞中での検査方法を確立する。

6) RDA法を用いた感染病原体の特定

RDA法（ウイルスが感染細胞には存在し、正常細胞には存在しないことを利用して、そのウイルス塩基配列を検出する方法）を用いることにより、野生動物疾病の原因となる病原体の調査を短期間・低予算で実施する。