

ヒト T 細胞白血病ウイルスに関する網羅的かつ高精度な新規ウイルス配列情報 検出方法を確立

ヒトレトロウイルス学共同研究センター熊本大学キャンパスの佐藤賢文教授は、佐賀大学 勝屋弘雄助教、鹿児島大学 宇都宮與客員教授、聖マリアンナ医科大学 山野嘉久教授らと共同で、ヒト T 細胞白血病ウイルス (HTLV-1) に感染した細胞 DNA に存在するウイルス情報を網羅的かつ高精度に取得する、新しい解析方法を確立しました。

HTLV-1 は、我が国に約 80 万人の感染者が存在し、感染者の一部にがんや慢性炎症性疾患を引き起こすことが知られています。HTLV-1 には感染した細胞 DNA にウイルス DNA を組み込ませる特性があります。感染した細胞 DNA に組み込まれたウイルスは、病原性発現の起点となることから、組み込まれたウイルス DNA に関する情報は、そのウイルスに関連した病気の診断やメカニズム解明の研究において極めて重要です。

従来、HTLV-1 感染者におけるウイルス感染病態を高い精度で把握するためには、ウイルス DNA の全長塩基配列 (欠損型ウイルスの有無)、ウイルス DNA の構造、ウイルス DNA の組み込み部位、感染した細胞の増殖度などの情報を取得するために、複数の解析法を組み合わせて行う必要がありました。本研究グループは、ウイルスに対する DNA プロブと次世代シーケンサーを活用した新手法で、それらのウイルス情報を網羅的かつ高精度に解析することが可能になることを見出しました (図 1)。

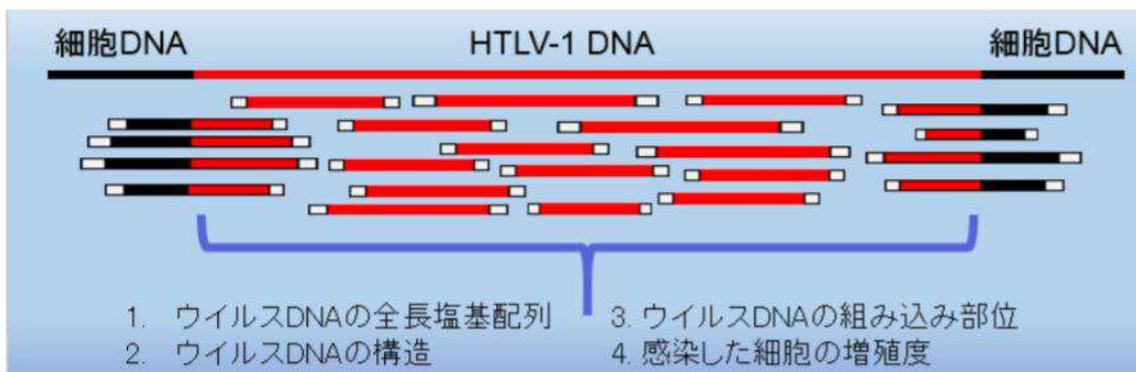


図 1 : HTLV-1 を網羅的かつ高精度に解析する新手法

さらにこの新手法を用いて、日本人の感染者約 100 人の網羅的かつ詳細なウイルス情報の取得を行いました (図 2)。そのウイルス情報は、論文としてオープンアクセスジャーナルで広く公開されるとともに、公的なデータベースに登録しその情報が広く発信され、今後の HTLV-1 研究推進や関連疾患の診断向上に資することが期待されます。

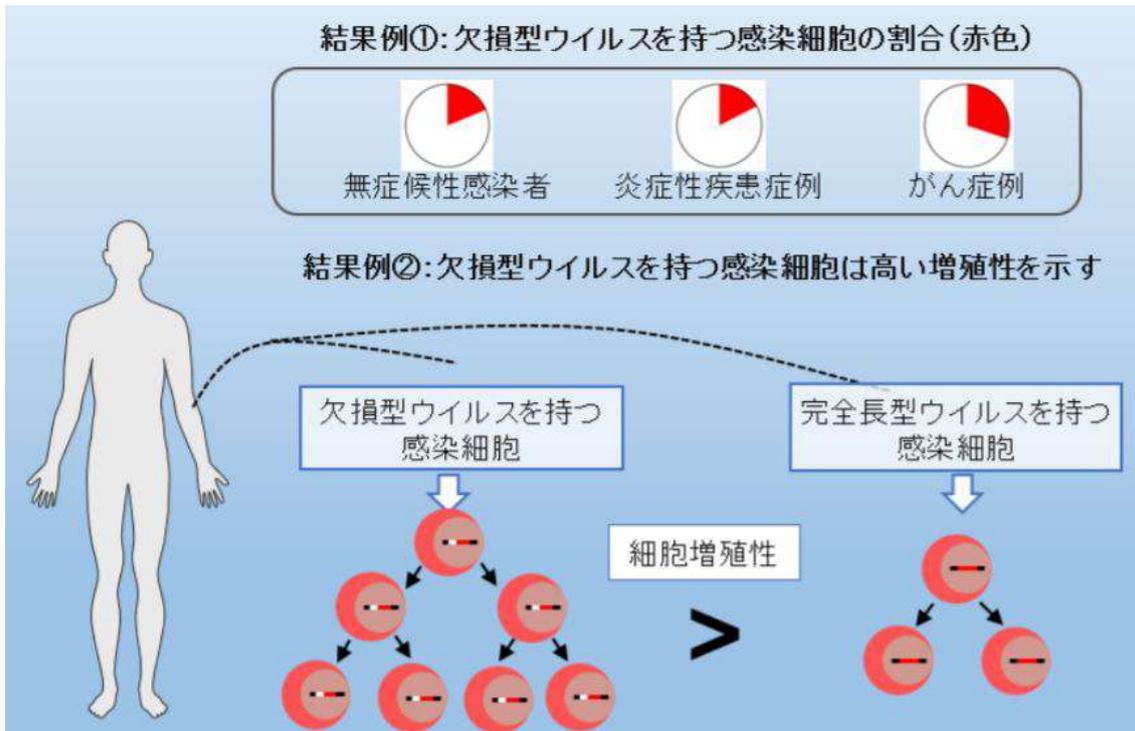


図 2：新解析法により取得されたウイルス情報の結果例

また、ウイルスに対する DNA プローブと次世代シーケンサーを活用した本研究手法は HTLV-1 感染症に限らず、他のがんに関わるウイルス感染症にも応用できる可能性があり、今後のさらなる展開が期待されます。

本研究成果は、2019 年 10 月 15 日午前 11 時（米国東部時間）発行の「Cell Reports」に掲載されました。

結論

ヒト T 細胞白血病ウイルス（HTLV-1）は、我が国に約 80 万人の感染者が存在し、感染者の一部にがんや慢性炎症性疾患を引き起こすことが知られています。

HTLV-1 にはウイルスが感染したヒト細胞の DNA にウイルス DNA を組み込ませる特性があり、それがウイルス病原性の起点となっています。

今回、ウイルスに対する DNA プローブと次世代シーケンサーを活用することで、網羅的かつ高精度に感染細胞 DNA に存在するウイルス情報を取得する、新しい方法を確立しま

した。

さらに本研究では、同法を活用した日本人の感染者約 100 人の網羅的なウイルス情報を取得しました。

本研究によって、今後の HTLV-1 研究推進や関連疾患の診断向上に資する情報が得られました。

今回の研究方法は HTLV-1 感染症に限らず、他のがんに関連するウイルス感染症などへの今後の更なる応用展開が期待されます。

論文情報

論文名 : The nature of HTLV-1 provirus in naturally infected individuals analyzed by viral DNA-capture-seq approach,

掲載誌 : Cell Reports

日文新聞发布全文

<https://www.kumamoto-u.ac.jp/daigakujouhou/kouhou/pressrelease/2019-file/release191016.pdf>

文：JST 客观日本编辑部翻译整理