

ID No.	2116
研究課題名	ATL 病態解明へ向けた HTLV-1 プロウイルスのゲノミクス・トランスクリプトミクス研究
研究代表者	佐藤 賢文 (熊本大学・教授)
研究組織	
受入教員	東條 有伸 (東京大学医科学研究所・教授)
研究分担者	宮里 パオラ (熊本大学・特任助教) 松尾 美沙希 (熊本大学・大学院生) ベンジー・タン・ジェック・ヤン (熊本大学・大学院生) 内丸 薫 (東京大学大学院新領域創成科学研究科・教授) 山岸 誠 (東京大学大学院新領域創成科学研究科・特任講師)
研究報告書	<p>申請者が報告したDNAプローブを用いたプロウイルス濃縮法と次世代シーケンサーを組み合わせた高精度なプロウイルス解析法を用いて、HTLV-1トランスクリプトーム解析を行った。医科学研究所の病態医療科学分野で、HTLV-1感染者コホート共同研究班(JSPFAD)の協力により成人T細胞白血病・リンパ腫(ATL)、計20検体の末梢血単核球を提供していただき、RNA抽出を行った。1人の検体からのRNAを2本に分け、イルミナ社のシーケンス解析用にcDNAライブラリーを作成した。その後、DNAプローブを用いてプロウイルス濃縮法を施行した。40検体の濃縮後cDNAライブラリーを、イルミナ社のNextseqを用いて次世代シーケンシングを2回実施した。プロウイルス濃縮法によりトランスクリプトーム解析のために十分なリード数を獲得することが可能であった。以前、HTLV-1キャリアの検体でも同法でトランスクリプトーム解析を行っており、そのデータと比較しキャリアとATLでの違いを分析した。また、この方法によりウイルスと宿主ゲノムのキメラトランスクリプトも検出された。このキメラトランスクリプトとHTLV-1ウイルスの病原性についてさらに研究を進めるために、DNAを用いてウイルスの組み込み部位解析が必要となる。そのため、この共同研究を継続しDNAシーケンスによりウイルスの組み込み部位を同定する予定である。</p>