

ID No.	3078
研究課題名	α ヘルペスウイルス亜科における宿主特異性決定機構についての解析
研究代表者	藤井 ひかる (岡山理科大学・助教)
研究組織	
受入教員	川口 寧 (東京大学医科学研究所・教授)
研究分担者	加藤 哲久 (東京大学医科学研究所・准教授)
研究報告書	
<p>α ヘルペスウイルス亜科に属するウイルスにおいて、ネコヘルペスウイルス 1 型 (FeHV-1) は in vivo のみならず in vitro においても宿主特異性が高く、一方単純ヘルペスウイルス 1 型 (HSV-1) やオーエスキー病ウイルス (PRV) は宿主特異性が低く、自然宿主以外にも感染可能であり、様々な動物由来の細胞において増殖可能である。このような宿主特異性の決定機構の解明を目指し、侵入、およびそれ以降のステップに分けて解析を行った。</p> <p>侵入に必要なウイルス因子の同定を目指し、Virus-free fusion assay の確立を試みた。FeHV-1 感染時に効率良く Fusion 形成をする株化細胞をセレクションした。本細胞に PRV の侵入に必須である 4 種の糖蛋白質 (gB, gD, gH, gL) を発現させた細胞を重層した際には Fusion の形成が確認され、いずれか 1 種の糖蛋白質が欠損した際には Fusion 形成が起こらないことが確認された。また、Fusion 形成の有無を Luciferase 活性を指標に定量的に評価する系を確立した。本系を用いて、FeHV-1 gB, gD, gH, gL の侵入への寄与を評価したところ、これら 4 種の糖蛋白質を発現させた際にも、非発現時と同レベルの Luciferase 活性であった。現在、他の FeHV-1 糖蛋白質の侵入への寄与についても解析中である。</p> <p>また、侵入以降のステップの宿主特異性決定への寄与を検証するために、ウイルスゲノムを各種細胞へ導入した際の、前初期、初期、後期ウイルス蛋白質をコードする遺伝子 mRNA の発現を検証した。</p>	