平成30年度大阪大学微生物病研究所共同研究成果報告書

共同研究代表者	谷村 憲司
所属・職名	神戸大学医学部附属病院総合周産期母子医療センター 講師
研 究 題 目	不育症における MHC クラス Ⅱ 分子の機能解明

平成30年度研究成果抄録

ミスフォールド β 2 グリコプロテイン I と MHC クラス II 分子の複合体に対するネオセルフ抗体の基準値を正常女性 100 人の 99%ile 値から決定した。前方視的に不育症女性 227 人のネオセルフ抗体を測定したところ、52 人(23%)で陽性(>52.6U/ml)となった。リスク因子不明の不育症カップル 123 組中 24 組(20%)でネオセルフ抗体陽性であった。ネオセルフ抗体の測定は、これまで原因不明とされてきた不育症患者の原因検索に利用できる可能性がある。

共同研究代表者	本間 一
所属・職名	東京女子医科大学医学部・国際環境・熱帯医学教室 助教
研 究 題 目	サルマラリア原虫間の比較ゲノム解析によるオルソログあるいは種固有
	の遺伝子グループの特定

平成30年度研究成果抄録

アジアのマカクを宿主とするマラリア原虫 Plasmodium simiovale の新規ゲノム解読を行った。近縁なマラリア原虫種との比較ゲノム解析から抗原遺伝子群のレパートリーが種間で異なることを明らかにした。また、大規模ゲノム情報を用いた系統樹推定によりマラリア原虫種の分岐順序を高い精度で再構築した。

共同研究代表者	小沢 学
所属・職名	東京大学医科学研究所システム疾患モデル研究センター生殖システム研
	究分野 准教授
研 究 題 目	疾患モデル動物の作製および表現型解析を通した病態発症の分子基盤の
	探索

平成30年度研究成果抄録

選択的スプライシングの制御タンパク質であるPTBP1の精子形成における役割を明らかにすることを目的として、大阪大学微生物病研究所(伊川研究室)との共同研究においてノックアウトマウスを作成し、その遺伝子機能を探索した。その結果、Ptbp1が精原幹細胞の増殖性を制御し、精子形成に寄与することが明らかになった。

共同研究代表者	西川 義文
所属・職名	帯広畜産大学原虫病研究センター 准教授
研 究 題 目	トキソプラズマ原虫の $\operatorname{NF} \kappa \operatorname{B}$ 依存的な病態発症メカニズムの解明

平成30年度研究成果抄録

トキソプラズマ原虫は、分泌性のエフェクター分子を介して宿主細胞を操作している。本研究では、 免疫応答を担う $NF \kappa B$ 経路を制御する 2 種の原虫タンパク質に着目し、これらの分子が $NF \kappa B$ 経 路を活性化することで、宿主防御的な免疫応答を活性化することを明らかとした。両分子はトキソプラズマの宿主を生かす寄生戦略に重要な働きを担っていると考えられる。

共同研究代表者	黒須 剛
所属・職名	国立感染症研究所ウイルス第1部 主任研究官
研 究 題 目	デングウイルス重症化マウスモデルを用いた、血漿漏出・重症化機序及び
	骨髄の解析

平成30年度研究成果抄録

デングウイルス感染症による重症化は宿主の過剰な生体防御反応によって起こると考えられているが、機序の解明には至っていない。本研究では、デングウイルス感染重症化マウスモデルを用いた NGS・DNA マイクロアレイ解析を行い、病原機序を解明することを目的した。解析の結果「病態初期」「中期」「末期」における病態を左右していると考えられる因子群と経路が同定された。また重症 化の原因と考えられる過剰なサイトカイン産生の機序について明らかにした。

共同研究代表者	好井 健太朗
所属・職名	北海道大学大学院獣医学研究院公衆衛生学教室 准教授
研 究 題 目	節足動物媒介性ウイルスの媒介宿主における感染の分子機構の解析

平成30年度研究成果抄録

フラビウイルスは節足動物において持続感染しているが、本研究では、ウイルスゲノム RNA3'非翻訳領域と相互作用する節足動物蛋白質の同定を試み、フラビウイルスの節足動物細胞におけるウイルス排除機構からの回避にこれらの宿主蛋白が関与している可能性を示した。

共同研究代表者	柏本 孝茂
所属・職名	北里大学獣医学部獣医公衆衛生学研究室 准教授
研 究 題 目	ビブリオバルニフィカス感染における Mast cells の致死機構と活性化機
	構の解明

平成30年度研究成果抄録

ビブリオ バルニフィカス(V.v.)は、傷口から侵入した後、感染局所において皮膚や筋肉などの軟部 組織を短時間内に壊死させる、いわゆる人食いバクテリアである。本年度実施した共同研究により、V.v.の宿主体内での増殖と致死活性には、宿主の Mast cells が促進的に働いていることを明らかにした。

共同研究代表者	Brian M. Sullivan
所属・職名	スクリプス研究所 (米国) 免疫学微生物学部門 助教
研 究 題 目	Development of ML29-based polyvalent mammarenavirus
	live-attenuated vaccines

平成30年度研究成果抄録

ML29 is a reassortant between Lassa virus and non-pathogenic Mopeia virus and is currently

the most promising LASV live-attenuated vaccine (LAV) candidate. In this study, to establish basic technology of the ML29-based polyvalent vaccine platform, we generated a recombinant ML29 (rML29) expressing a reporter gene and analyzed the properties of rML29 as a LAV candidate.

共同研究代表者	藤田 盛久
所属・職名	江南大学(中国)生物工程学院 教授
研 究 題 目	GPI アンカー型タンパク質の生合成調節機構の解明

平成30年度研究成果抄録

一部の細胞および組織では、グリコシルホスファチジルイノシトール(GPI)がタンパク質に付加されないまま、細胞表面に発現することが明らかとなってきた。本研究課題では、Free GPI の生成機構を解析し、小胞体関連分解の関与を明らかにした。現在、さらにその機構を明らかにすべく共同研究を行っている。

共同研究代表者	左近 直美
所属・職名	大阪健康安全基盤研究所微生物部 主任研究員
研 究 題 目	大規模塩基配列決定による大阪府内の原因不明疾患の新規病原体同定

平成30年度研究成果抄録

大規模塩基配列決定によって、臨床検体から直接病原体遺伝子を検出・同定するための迅速かつ高感度な検出方法の確立を目指している。便試料を用いたリード数の向上化検討により得られた改良法を応用し、ロタウイルスの 11 分節二本鎖 RNA の同定を行い、新規リアソータントの検出および集団発生への対応を講じることができた。