

令和5年度 第39回 大学院セミナー

令和5年8月4日

| | |
|---------------------------------------|--|
| 分野名 Area of Research (責任者名)(内線) | 新興ウイルス感染症学分野 責任者名(安田 二郎) 内線(7848) |
| 演題 Title | シングルセル解析による HTLV-1 感染病態メカニズム解明 |
| 講師 Presenter | 佐藤 賢文 教授 熊本大学ヒトレトロウイルス学共同研究センター |
| 概要 Abstract | <p>日本の HTLV-1 感染者はその大部分(約 95%)は無症候性キャリアであるが、約 5%の感染者で極めて予後不良な感染細胞のがんである成人 T 細胞白血病(ATL)、また約 0.5%の感染者で難病 HTLV-1 脊髄症(HAM)を発症する。HTLV-1 無症候性キャリアでは末梢血液中に約 1~2%の感染細胞が存在し、ウイルス持続感染が維持されている。この抗ウイルス薬非依存的で無症候性の持続潜伏感染には、感染細胞におけるウイルス抗原発現と抗ウイルス免疫応答とのバランス維持が重要と考えられる。そのバランスの破綻が、ATL や慢性炎症性疾患 HAM などの HTLV-1 関連疾患発症の一因となっている。</p> <p>私達の研究室では、次世代シーケンスなど先端的研究手法を活用し、宿主ゲノムへ組み込まれたウイルスゲノムの組み込み部位やエピゲノム情報を高精度に取得する事で、ウイルスの持続感染メカニズム解明を進めてきた(1,2,3)。</p> <p>最近では、HTLV-1 感染者サンプルのシングルセル解析を行い、末梢血液細胞および脳脊髄液細胞のシングルセルトランスクリプトームやT細胞受容体情報を取得し、慢性持続感染機構、ウイルス病原性発現機序の解明研究を進めている。10xGenomics 社の Chromium システムを使用し、現在までに、HTLV-1 感染者46例(AC4例、ATL9例、HAM33例)、非感染者3例の末梢血液単核球、さらに HAM 患者16例から脳脊髄液細胞について、シングルセルデータ取得を行った。取得したシングルセルデータを先端的なバイオインフォマティクス解析を行うことで、HTLV-1 感染による宿主細胞の腫瘍化プロセスを可視化することに成功した(4)。</p> <p>現在、炎症性疾患である HAM の病態についても解析が進行中であり、本講演では、シングルセル解析の内容を中心に紹介する。</p> <p>参考文献</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Satou Y et al, <i>PNAS</i> 113: 3054-59, 2016. 2. Katsuya H et al, <i>Cell Reports</i>, 29, 724-735, 2019. 3. Matsuo M et al. <i>Nat Commun</i>, 13(1):2405, 2022. 4. Tan B et al, <i>JCI</i>, 131(24):e150472, 2021. |
| 開催日時 Date and Time | 令和5年9月7日(木) 16:00 ~ 17:00 |
| 開催方法 | 高度感染症研究センター1F 大会議室 |
| 備考 Notes | <p>問合せ先：柳 雄介 (高度感染症研究センター 内線 8501 or Email:yyanagi@nagasaki-u.ac.jp) Contact Prof. Y. Yanagi for questions regarding this seminar. (ext. 8501 or Email:yyanagi@nagasaki-u.ac.jp)</p> |

- 先端医療科学特論 (基礎編)
- 先端新興感染症病態制御学特論
- 日本語 (Japanese)
- 対面 (Face to face)

- 先端医療科学特論 (臨床編)
- 先端放射線医療科学特論
- 英語 (English)
- オンライン (Online)