



Title	B型肝炎ウイルスDNAの組み込みに伴う宿主DNAの欠失の解析
Author(s)	中村, 孝昭
Citation	大阪大学, 1988, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/36680
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 ＜a href="https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed">https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed >大阪大学の博士論文についてをご参照ください。

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

氏名・（本籍）	なか 中	むら 村	たか 孝	あき 昭
学位の種類	医	学	博	士
学位記番号	第	8355	号	
学位授与の日付	昭和63年10月19日			
学位授与の要件	学位規則第5条第2項該当			
学位論文題目	B型肝炎ウィルスDNAの組み込みに伴う宿主DNAの欠失の解析			
論文審査委員	(主査)			
	教授 松原 謙一			
	(副査)			
	教授 吉川 寛 教授 羽倉 明			

論文内容の要旨

〔目 的〕

B型肝炎ウィルス（以下HBVと略す）DNAはしばしば肝細胞癌や慢性肝炎組織に組み込まれていることが知られている。しかし、組み込み機構についてはよく知られていない。本実験では多くの肝癌組織より得られたHBVを含むDNAクローンに組み込まれたHBVゲノムの構造を解析した。その大部分は、宿主染色体への組み込み後、複雑な再編成を行っていた。本実験の目的は、ウィルスゲノムが単純な形のクローンを選び、正常組織における組み込み部位の構造と比較解析することによって、HBVの組み込みに伴ってどのような変化が宿主DNAに起こったのかを考察することにある。

〔方法ならびに成績〕

肝癌組織よりHBVDNAをプローブとして、HBVゲノムを含むDNA断片をλファージにクローニングし、プラスミドに再クローニングした。この中のクローンpYには、約3.1kbのウィルスゲノムが組み込まれていた。ウィルスの5'末端はDR1より2bp5'側にあり、3'端はX遺伝子の中にあった。ウィルスゲノムの中に再編成や欠失は認められなかった。pYのウィルスDNAに隣接する宿主側の配列の中からユニークな断片を選び、これらをpYの5'及び3'側プローブした。正常人白血球DNAに対してこの両プローブを用いSouthern法で解析したところ、HindⅢ消化した場合、両プローブが同じDNAfragmentに対応することが分った。従って、両プローブは、正常組織では約5kbの範囲内にあると推定された。またこのプローブを用い、正常人白血球DNAから作製したcosmidライブラリーより組み込み部位を含むDNA断片をクローニングし、プラスミドベクターに再クローニングした。これをpNYと名付けた。pYとpNYの制限酵素地図を作成し、比較したところ、HBVの組み込みに伴

う宿主側配列の再編成や大きな欠失は認められなかった。更に、組み込み部位の構造を詳細に調べる為に塩基配列の決定を Sanger の方法に従って行い、pY と pNY について比較したところ、以下のことが分った。

(1) HBVDNA の組み込み部位には、15bp の欠失が生じていた。これは HBV の組み込みに伴って生じたと思われる。

(2) ウィルス-宿主ジャンクション付近に宿主とウィルスとの塩基配列の相同性は見つからなかった。しかし、5' 側ジャンクション近旁にあるウィルスの配列 CCTCT が、欠失した宿主の 15bp の配列の中にも存在していた。また、3' 側のジャンクション近旁にあるウィルスの配列 TAA が欠失した宿主の配列の中にも存在していた。

(3) pY の 3' 側ジャンクションの宿主側の塩基配列が T から A へ置換されていた。これには多型性による可能性と、ウィルスの組み込みに伴って生じた可能性の 2 通りが考えられる。以上の知見を既に報告のあった解析例と比較してみたところ以下のことが分った。他の 1 例で、pY と同様に全長に近い長さのウィルスゲノムが DR1 から X 遺伝子まで組み込まれていた。宿主側に短い欠失を伴い、うち一部がウィルスの末端と短い相同性を有していた。また、別の 2 例では、組み込まれたウィルスゲノムは全長の $\frac{1}{2}$ ~ $\frac{3}{4}$ であるが、一端は cohesive end 領域であり、やはり宿主に短い欠失を起こさせており、欠失した一部の DNA 配列とウィルスの方に短い相同性が認められた。これらは、多くの integrant の中でも、一群のユニークなグループを構成していると思われる。これら、pY を含めた 4 例は全く別個の肝癌組織に由来することから、以上の現象は、組み込みに伴って一般的に起こる現象の一部と考えられる。

〔総括〕

肝癌組織よりクローニングした HBV の integrant の中より、ウィルスゲノムが単純な形をとっているクローンを選び、その組み込み部位付近の構造を組み込み体と組み込み前の正常組織について比較解析した結果、組み込みの標的となった宿主 DNA は小さな欠失を生じ、かつ欠失した DNA とウィルスの間に相同性が認められた。ウィルスの一端は cohesive 端であり、ウィルスにも欠失が認められた。また、別に同じような解析例が 3 例報告されている。これら組み込み体は、ウィルス側にも宿主側にも再編成が認められないことから、以上の現象がウィルス組み込み後の早い段階で起こっていることを示唆している。

論文の審査結果の要旨

B型肝炎ウィルスの肝癌における組み込みについての解析はこの数年いくつかの報告がなされている。しかし、これらの報告は特殊と思われるクローンや少数例をもって組み込み機構を一般化しようとする傾向があった。本論文では、組み込み機構を解析するために組み込み体のウィルスゲノムが単純で、かつ別の肝癌組織にもよく似たものが見られるクローンを選んだ。それらについて、組み込み体と組み込

み前の宿主DNAと比較解析することによって、組み込み反応の機構を探ろうとした。

本論文により1) 宿主側の塩基配列に組み込みに伴った数bp～十数bpの欠失が生じていた。2) 組み込み体のウィルスゲノムは cohesive 領域を中心とした欠失が生じていた。3) 組み込み体のウィルスゲノムの一端は必ず cohesive 領域にあった。4) 欠失した宿主側の配列と cohesive 領域側にある宿主ウィルス組点付近にあるウィルスゲノムの配列との間に5～6bpの短いホモロジーが見られた等の事実が明らかになった。以上の点が全く別個の4例の肝癌より得られたクローンに見られたことを既に報告されている解析例を引用することによって示した。さらに、これらの組み込み体クローンが組み込み反応の初期の産物である可能性を示唆し、ウィルスの1次組み込み反応が、ウィルスの複製中間体を基質として、cohesive 領域近くの配列と宿主との相同組み換えによっておこる可能性を示した。

本論文より得られた知見は、B型肝炎ウィルスDNAのヒト染色体への組み込み反応の初期の過程、およびこれに続く2次の再編成反応、更に肝癌発生の機構解明に大いなる意義をもつものであり、博士論文としてふさわしいものとする。