The University of Osaka
Institutional Knowledge Archive

Title	Genetic Variations of Human Herpesvirus 7 by Analysis of Glycoproteins B and H, and R2-Repeat Regions
Author(s)	Duanthanorm, Thawaranantha
Citation	大阪大学, 2002, 博士論文
Version Type	
URL	https://hdl.handle.net/11094/43212
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、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

【104】

氏　　名	Duanthanorm Thawaranantha（デュアンタノン タワラナンサ）
博士の専攻分野の名称	博　士（医　学）
学　位　記　番　号	第　16669　号
学位授与年月日	平成14年3月8日
学位授与の要件	学位規則第4条第2項該当
学　位　論　文　名	Genetic Variations of Human Herpesvirus 7 by Analysis of Glycoproteins B and H, and R2-Repeat Regions （ヒトヘルペスウイルス7の遺伝学的変異－糖タンパクB、H、R2-repeat領域による検討）
論　文　審　査　委　員	（主査） 教　授　山西　弘一 （副査） 教　授　生田　和良　　教　授　松浦　善治

論　文　内　容　の　要　旨

【目的】

ヒトヘルペスウイルス7（human herpesvirus 7、HHV-7）は、健常人のCD4+T細胞より分離された。その後、慢性疲労症候群の患者、更に健常人の唾液よりも検出された。現在では、HHV-7と同様に突発性発疹の原因ウイルスとされている。ヘルペスウイルスがコードするタンパクの中で、エンベロープ糖タンパクは感染の過程において重要な役割を果たすと考えられている。ウイルスの細胞間の広がりやウイルスの細胞への進入に重要であるとされていて、βヘルペスウイルスに属するサイトメガロウイルス（human cytomegalovirus：HCMV）、HHV-6の糖タンパクB（glycoprotein B：gB）、糖タンパクH（glycoprotein H：gH）には、いくつかの遺伝子の変異が株間であることが報告されている。それ故、今回、タイ国、日本で分離されたHHV-7がコードする前初期タンパク、gH、gB、R2 repeat領域における遺伝子間の変異について解析を行った。さらに、家族間におけるHHV-7の伝播様式を調査するため、これらの遺伝子間の変異の解析を行った。

【方法ならびに成績】

日本（4検体）およびタイ団（18検体）における健常人（成人および子供）の唾液より、HHV-7を分離した。さらに、突発性発疹の患児より分離されたHHV-7およびアメリカの健常人より分離されたHHV-7も本解析に用いた。

1）PCR法によって、immediate-early（IE）-1、IE-2遺伝子領域の大きさの違いを検討したが、違いは認められなかった。

2）ウイルス株間でgB遺伝子のシークエンスを行ったところ、gBの全長シークエンス解析により、タイ国および日本から分離されたウイルス株、およびアメリカから分離されたRK株は、allele Cであり、アメリカから分離されたJI株のみが、alleleFであった。

3）日本（5検体）、タイ国（8検体）から分離されたウイルス株におけるgH遺伝子のシークエンスを行い、遺伝子変異の検討を行った。gH、691コドンのうち36コドンに株間で変異が認められた。これらのうち、塩基番号124、326、528、547、564の5つの位置を選択し、各々の違いを株間で検討したところ、HHV-7は、6つのグループに大別された。

4）分離された各々のウイルス株DNAを鋳型としてR2 repeat領域のPCRを行い、R2 repeatの数を調査したところ、repeatの数が、17、15、14、13、12個である株は、各々4.2%、45.8%、20.8%、25.0%、4.2%の割合で

あった。

5）さらに分離した2株のウイルスを10代継代培養し、それらのR2 repeatを調査したところ、R2 repeatの数に変化は見られなかった。

6）家族間のウイルスの伝播を調査するため、このR2 repeatの数と制限酵素切断パターンの違いを親子間で検討したところ、親子（父親と子供あるいは母親と子供）で、同じパターンを示した。これより、親子間でのウイルスの伝播が示唆された。

【総括】

本研究では以下の点を明らかにした。

1．gB、gHのシークエンス解析により、HHV-7が、2つのvariantに分けられるという可能性を明らかにした。また、gH解析において、variant 2には、さらなるvariationがあることが認められた。

2．R2 repeatの解析によって、親子間のHHV-7の伝播が確認された。また、この領域は、ウイルスの株間の違いを検討するのに適当な領域であることが示唆された。

論文審査の結果の要旨

本研究はヒトヘルペスウイルス7（human herpesvirus 7；HHV-7）が、コードしている糖蛋白（glycoprotein B；gB, glycoprotein H；gH）の塩基配列の解析を行いHHV-7が、ふたつのvariantに分けられるという可能性を明らかにした。また、gHの解析によりvariant 2には、さらなるvariationがあることを見いだした。

さらに、HHV-7 R2 repeatの解析により、親子間でHHV-7が伝播することを明らかにした。この領域は、ウイルスの株間の違いを検討するのに適当な領域であることを明らかにした。以上より、学位の授与に値すると考えられる。