



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	<a href="https://hdl.handle.net/11094/43212">https://hdl.handle.net/11094/43212</a>
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">大阪大学の博士論文について</a>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	デュアンタノン タワラナンサ Duanthanorm Thawaranantha
博士の専攻分野の名称	博 士 (医 学)
学 位 記 番 号	第 1 6 6 6 9 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<sup>+</sup>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おり、 $\beta$ 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) およびタイ国 (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 遺伝子のシーケンスを行ったところ、gB の全長シーケンス解析により、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、allele F 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 遺伝子のシーケンスを行い、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のシーケンス解析により、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。