管理番号	15

研究内容の説明文

献血者説明用課題名※ (括弧内は公募申請課題名)	献血検査でHTLV-1陽性となった検体を用いたHTLV-1ウイルス遺伝子の網羅的解析 （ HTLV-1 感染細胞の次世代シーケンサーによるクローン解析）
研究期間	平成 28 年４月　～　平成 32 年３月
研究機関名	国立感染症研究所
研究責任者職氏名	血液・安全性研究部長　浜口　功

※献血者に対しても理解しやすく、平易な文言を使用した課題名を記入してください。

研究の説明

１　研究の目的・意義

HTLV-1 抗体検査は、献血時の検査項目の１つであり、また妊婦健診においても必須の検査項目となっています。しかしながら、検査キットの反応性が十分ではないために判定が困難な場合が少なからず存在することから、HTLV-1 抗体検査法の感度・特異性向上は、血液製剤の安全性向上に極めて重要と考えられます。

HTLV-1 には、遺伝子配列上でいくつかのサブタイプが存在し、それぞれの遺伝子配列情報は公開されており、参照可能ですが、ウイルス遺伝子情報の登録数は未だ十分とは言えません。また本邦の HTLV-1 を保有する献血者の個々の感染細胞のクローンの変異やそのサイズはよく判っていません。本研究では、多数の HTLV-1 陽性献血者の HTLV-1 完全長ウイルスゲノムの塩基配列(シーケンス)決定とウイルスの遺伝情報の登録、また個々の感染細胞クローンのウイルスゲノム解析を通じて、効果的な抗原領域の選定し、抗体検出法の感度および特異性の向上と、反応性の幅の拡大を検討します。

２　方法《献血血液の使用方法含む》

九州等の感染流行地域を端緒として、血液より DNA を抽出します。抽出した DNA を用いて、HTLV-1 ウイルスゲノムの完全長のシーケンスを決定し、配列情報を INSDC 国際塩基配列データベースに登録します。ウイルスゲノムの宿主細胞ゲノムへの挿入部位を次世代シーケンサーで同定し、個々の感染細胞のウイルスゲノム情報やクローン種別とそのサイズを決定します。

３　予測される研究の成果等

本邦の HTLV-1 保有者のウイルスゲノム情報を集積することで、その共通配列を同定することが可能になり、抗体検出系におけるユニバーサル抗原として有効な抗原領域を選択でき、抗体検査法の感度向上に寄与すると期待されます。

受付番号	28J0014

本研究に関する問い合わせ先

所属	国立感染症研究所　血液・安全性研究部
担当者	浜口　功
電話	042-561-0771
Mail	130hama@niid.go.jp

本書は日本赤十字社ホームページで公開され、必要に応じ献血者への説明資料として使用されます。