

昨今、高病原性鳥インフルエンザウイルスや中東呼吸器症候群ウイルス (MERS-CoV)、エボラウイルス、ジカウイルスなど、種間伝播を介した新興ウイルス感染症が世界的な脅威となっている。新興・再興ウイルス感染症の問題は日本においても例外ではなく、2013年以降、重症熱性血小板減少症候群ウイルス (SFTSV) による致死性疾患の報告やデング熱の流行報告が相次いでいる。新興ウイルス感染症は、異種を自然宿主とするウイルスがヒトに種間伝播・適応進化・病原性獲得することにより勃興するが、その成否を規定する基本原理は不明である。本研究では、エイズウイルスを始めとした、ヒト・サル・ネコのレンチウイルスを対象とし、実験ウイルス学的解析とさまざまな解析手法 (分子系統学、数理科学、構造生物学、実験動物学) を融合させた独創的な研究体系により、種間伝播・病原性獲得のメカニズムの一端を解明することを目的とした。まず、ヒト化マウスモデルを用いた感染実験系により、HIV-1 の祖先ウイルス SIVcpz のヒトへの適応メカニズムの一端を明らかにした。また、培養細胞を用いたウイルス学的実験と分子系統学、構造生物学の融合研究により、サル・ネコのレンチウイルスとほ乳類の進化的軍拡競争の分子メカニズムを明らかにした。さらに、実験ウイルス学と数理科学の融合研究により、HIV-1 増殖効率を定量的に解析することに成功した。

実験ウイルス学とさまざまな解析手法 (分子系統学、数理科学、構造生物学、実験動物学) の学際融合研究による、ウイルスの種間伝播・病原性獲得原理の理解・解明

