

第七回ウイルス学キャンプ in 湯河原 プログラム

8月9日(月)

13:00 ~ 受付・ポスター貼付け・スライド受付

13:30 頃 開会 開会挨拶： 増田道明

13:45 Session 1 教育講演(1) 座長 川口寧

○ヴァイロコントロール：悪玉カビを病気にする善玉ウイルス
鈴木信弘(岡山大学資源植物科学研究所)

14:35 Session 2 教育講演(2) 座長 小柳義夫

○C型肝炎ウイルスの複製と粒子形成
鈴木哲郎(浜松医科大学医学部医学科感染症学講座感染機構解析分野)

15:30 Session 3 教育講演(3) 座長 森康子

○C型インフルエンザウイルスあれこれ
村木 靖 (金沢医科大学 医学部 微生物学部門)

16:30 Session 4 一般口演 座長は発表者が相互に行う

○計算ウイルス学・免疫学の展開-ウイルス感染力推定法の開発-
岩見真吾 (科学技術振興機構 (JST) さきがけ)

○ウイルス粒子産生効率を最大化する最適な HSV 遺伝子発現制御機構の解析：
GAを用いた解析と global expression data との比較
中林潤 (総合研究大学院大学 生命共生体進化学専攻)

○単純ヘルペスウイルス粒子中の最も主要な構成因子 UL47 の制御と機能
箕輪敦子 (東京大学医科学研究所)

○サル免疫不全ウイルス複製制御群における細胞性免疫応答の解析
岩本南 (東京大学医科学研究所感染症国際研究センター)

○NP によるインフルエンザウイルスゲノム複製促進と新規ウイルス RNP 複合体形成

川口敦史(筑波大・院・人間総合科学、北里大・院・感染制御学府)

19:00 ~ 夕食 高田礼人

夜 集中討論

(一般口頭発表の討論が長引いて押した場合夜セッションを行うかも知れません)

8月10日(火)

7:30 ~ 朝食

8:50 集合・鍵返却

9:00 Session 5 ポスター発表 小池智

11:40~ 総合討論

12:00 閉会 永田恭介

教育講演

○ヴァイロコントロール：悪玉カビを病気にする善玉ウイルス

鈴木 信弘（岡山大学 資源植物科学研究所）

ヴァイロコントロール(Virological + control)とは、マイコウイルスを用いて植物病原糸状菌を防除することを意味する（狭義）。本講演では、ヴァイロコントロールの取り組みと関連するウイルスの複製・病徴発現因子について紹介する。

○C型肝炎ウイルスの複製と粒子形成

鈴木 哲郎（浜松医科大学医学部医学科 感染症学講座感染機構解析分野）

近年、C型肝炎ウイルス（HCV）のライフサイクル研究が大きな進展を見せている。本発表では、HCV の感染性粒子形成過程における非構造蛋白の役割、またゲノム RNA 複製機構の解析から最近開発した複製可視化モデルなどについて紹介する。

○C型インフルエンザウイルスあれこれ

村木 靖（金沢医科大学 医学部 微生物学部門）

C型インフルエンザウイルスは「インフルエンザ」の原因ではなく、主に小児に上気道感染症を引き起こすウイルスである。5歳頃までにほぼすべてのヒトがこのウイルスに対する抗体を獲得することから、ヒトの世界に広く浸淫しているウイルスといえる。私は、このウイルスの遺伝子や蛋白質の構造・機能連関を解析している。今回の発表では、今までに得られた知見のいくつかを紹介し、また今後の研究の方向を述べたい。

一般口演

○計算ウイルス学・免疫学の展開-ウイルス感染力推定法の開発-

岩見真吾（科学技術振興機構 さきがけ）

1990年代後半からの数理モデルを用いた研究によって、ウイルス感染の様々なパラメーター（ウイルス粒子や感染細胞の半減期など）の定量化が可能になってきた。しかしながら、ウイルスの複製率・感染率という動的なパラメーターの定量化は、未だ実現されていない課題の1つである。これらの値は、ウイルスの病原性を支配する重要な要因であり、感染個体の臨床経過や治療経過に深く関係する事が想定される。つまり、複製率や感染率が推定できれば、ウイルス株内・株間・種間での定量的な病原性比較が可能になり、ウイルスを理解するためだけに留まらず、治療戦略を考える上でも重要な情報を得る事になる。以上の事から、複製率・感染率の定量化手法の開発は、対象ウイルスを特定する事なく必要とされているのである。本講演では、「ウイルスが標的細胞に感染する割合（ウイルス感染率）」を定量化する実験的・理論的な方法を紹介する。

○ウイルス粒子産生効率を最大化する最適な HSV 遺伝子発現制御機構の解析：

GAを用いた解析と global expression data との比較

中林潤（総合研究大学院大学 生命共生体進化学専攻）

細胞内における Herpes Simplex Virus type I (HSV-1) 複製過程を数理モデル化し、遺伝子発現率をフリーパラメータとして、ジェネティックアルゴリズム (GA) を用いて、ウイルス粒子産生量を最大化する最適なウイルス遺伝子発現パターンを推定した。その結果、一様にランダムな発現からスタートして、実験によって観察される immediate early→early→late gene という時間的発現パターンが GA によって選択されることが解ったので、結果の詳細について紹介すると共に、実験的に得られている global expression data との比較および実際の進化プロセスとの関係などについて考察したい。

○単純ヘルペスウイルス粒子中の最も主要な構成因子 UL47 の制御と機能

箕輪敦子（東京大学医科学研究所）

単純ヘルペスウイルス UL47 は、ウイルス粒子の最も主要な構成因子であるにもかかわらず、その制御機構や機能は不明な点が多い。今回我々は、UL47 の細胞内局在が、ウイルスプロテインキナーゼ Us3 によるリン酸化によって制御され、この制御がウイルスの in vivo での増殖および病態発現に重要であることを明らかにした。また、UL47 は Us3 と安定な複合体を形成し、Us3 の核移行を促進するという UL47 の新規機能を明らかにした。

○サル免疫不全ウイルス複製制御群における細胞性免疫応答の解析

岩本南（東京大学医科学研究所感染症国際研究センター微生物学分野）

我々はサル免疫不全ウイルス(SIV)感染サルエイズモデルにおいて、Gag 特異的 CTL 誘導予防エイズワクチン接種により SIV 複製制御に至るアカゲザル群で誘導される SIV 特異的細胞性免疫応答の経時的解析を行った。本研究により、SIV 複製制御群では多様な SIV 抗原特異的 CTL 応答が誘導されていることが示された。さらに、これらのアカゲザル群ではワクチン接種では複製制御出来ない変異体 SIV を複製抑制可能な細胞性免疫応答が誘導されていることが明らかとなり、多様な HIV に対応可能な免疫応答誘導の可能性が示された。

○NP によるインフルエンザウイルスゲノム複製促進と新規ウイルス RNP 複合体形成

川口敦史（筑波大・院・人間総合科学、北里大・院・感染制御学府）

インフルエンザウイルスゲノム複製の開始反応は転写反応とは異なり、プライマー非依存的である。精製ウイルス粒子より調製した viral ribonucleoprotein 複合体 (vRNP) を酵素源とした試験管内ウイルス RNA 合成反応では、プライマー非依存的な完全鎖長の cRNA 合成活性は検出できない。本研究では、宿主およびウイルス性因子を添加してプライマー非依存的な試験管内ウイルスゲノム複製反応を再構成し、その反応機構の解明を目的とした。ウイルスゲノム複製および新規 vRNP 形成機構について議論する。