

様式 C-19

科学研究費補助金研究成果報告書

平成 22 年 6 月 7 日現在

研究種目：若手研究 (B)

研究期間：2008～2009

課題番号：20790351

研究課題名（和文） ニパウイルスゲノムのもつ長い非翻訳領域の機能解析

研究課題名（英文） Analysis of long untranslated regions in Nipah virus genome

研究代表者

佐藤 宏樹 (SATO HIROKI)

東京大学・医科学研究所・助教

研究者番号：50418654

研究成果の概要（和文）：ニパウイルスの各遺伝子 mRNA が持つ長い UTR の意義を明らかにするために、dicistronic ミニゲノムアッセイ系を確立し、各遺伝子間の発現量の差を比較した。その結果、ウイルスゲノムの上流に位置する遺伝子に比べて、下流にいくに従って発現量が減少することが明らかになった。

研究成果の概要（英文）：To reveal the importance of long untranslated regions in Nipah virus mRNAs, comparative analysis of gene expression efficiency using a dicistronic minigenome assay system was conducted. It was revealed that upstream gene shows higher transcription efficiency than downstream genes.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合 計
2008 年度	2,100,000	630,000	2,730,000
2009 年度	1,300,000	390,000	1,690,000
年度			
年度			
年度			
総 計	3,400,000	1,020,000	4,420,000

研究分野：医歯薬学

科研費の分科・細目：基礎医学・ウイルス学

キーワード：病原性

1. 研究開始当初の背景

ニパウイルスは一本鎖のマイナス鎖 RNA をゲノムにもち、6 つの構造遺伝子を含む。各遺伝子は ORF の前後に 5', 3' 非翻訳領域 (UTR) をもつ。興味深いことに、ニパウイルスの各遺伝子間の UTR は著しく長く、ウイルス進化上不利と考えられるにも関わらず保持されていることから、ウイルスの増殖性や病原性に対して何らかの役割を果たしていることが推察される。

2. 研究の目的

本研究では、ニパウイルスの持つ長い UTR がウイルス生活環においてどのような意義を持つかを明らかにするために、ウイルス遺伝子発現量に焦点を絞り、各遺伝子間の UTR 領域による下流の遺伝子の転写効率をレポーター遺伝子の発現量として検索した。

3. 研究の方法

我々が既に確立しているミニゲノム系を基に、2種類の異なるルシフェラーゼ遺伝子の間に、ニパウイルスゲノム上の隣接する2つの遺伝子間の3'UTR-5'UTR配列を挿入した、dicistronic タイプのミニゲノムを確立した。これを基に、各遺伝子間のルシフェラーゼ発現量の変化を測定した。

4. 研究成果

ウイルスゲノムの上流に位置する遺伝子に比べて、下流にいくに従って発現量が減少することが明らかになった。ルシフェラーゼの発現量を Northern blot による RNA レベルで測定したところ、各遺伝子間では read through の効率にはほとんど差はなく、後半の遺伝子発現量のみが影響をうけていることが明らかになった。他のパラミクソウイルスでは、各遺伝子間の発現量には大きな変化がないという報告がなされており、この現象はニパウイルスに特徴的なものであると考えられた。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者は下線)

〔雑誌論文〕(計1件)

Sato, H., Honma, R., Yoneda, M., Miura, R., Tsukiyama-Kohara, K., Ikeda, F., Seki, T., Watanabe, S., Kai, C. Measles virus induced cell-type specific changes in gene expression. *Virology*, 321-330, 2008.

〔学会発表〕(計2件)

①Analysis of comprehensive downregulation of housekeeping genes triggered by morbillivirus infection. 第32回日本分子生物学会
②モービリウイルスアクセサリーC蛋白による宿主遺伝子群発現維持機構の解明。第56回日本ウイルス学会

〔図書〕(計1件)

①佐藤宏樹、甲斐知恵子 ジステンパーウィルス (特集:動物のウイルス感染症) Virus Report, 6, 72-80, 2009.

〔産業財産権〕

○出願状況(計0件)

名称:

発明者:

権利者:

種類:

番号:

出願年月日:

国内外の別:

○取得状況(計0件)

名称:

発明者:

権利者:

種類:

番号:

取得年月日:

国内外の別:

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1)研究代表者

佐藤 宏樹 (SATO HIROKI)
東京大学・医科学研究所・助教
研究者番号: 50418654

(2)研究分担者

()

研究者番号:

(3)連携研究者

()

研究者番号: