

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 6 月 27 日現在

機関番号：12602

研究種目：基盤研究(A)

研究期間：2010～2013

課題番号：22256001

研究課題名(和文) エイズパンデミック発生の謎をコンゴ盆地最奥部への探訪で解き明かす研究

研究課題名(英文) A study to solve the mystery of AIDS pandemic by expeditions into the most remote areas in the Congo basin.

研究代表者

井戸 栄治 (Ido, Eiji)

東京医科歯科大学・医歯(薬)学総合研究科・特任教授

研究者番号：70183176

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 35,100,000円、(間接経費) 10,530,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は、HIVがいつ、何処で発生し、どのようにして人間社会に侵入し、やがて世界中にエイズパンデミックを起こしたのか、その謎を明らかにすることを目的とする。そのため、コンゴ盆地内の最奥地にまで踏み入り、分子疫学的手法と次世代型DNAシーケンサーを利用した。これまでにコンゴ民主・コンゴ両共和国内の辺境の地を探訪し、HIVの遺伝子型の多様性が最も高い地域はコンゴ盆地中流域周辺である可能性が高いことを突き止めた。そこでは多種多様なHIV株が同一地域に流行しており、重感染とゲノムの組み替えであるリコンビネーションを通じて、更に新たな型のウイルスが絶えず生成されている現場でもあると考えられた。

研究成果の概要(英文)：The purpose of this study is to clarify the mystery of AIDS pandemic (when, where and how did it occur?) as well as the origin of HIV. To do so, we have expedited into far remote provinces in both Democratic Republic of Congo and Republic of Congo. In addition to the conventional molecular epidemiological techniques, we also employed the so-called second generation high-throughput DNA sequencer. So far the areas showing the most diversified profiles of HIV genotypes are the central region of Congo basin and nearby areas the majority of which is covered with the giant Congo River and its numerous branch rivers. In those areas, not only a great variety of genotypes of HIV strains are co-circulating but also new types of viruses seem to be continuously generated with high probability by way of dual infection of two different genotypic HIV strains and recombination of their genomes as a natural consequent event.

研究分野：医歯薬学A

科研費の分科・細目：ウイルス学

キーワード：ウイルス HIV 感染症 エイズ 進化 アフリカ コンゴ盆地 コンゴ民主共和国

1. 研究開始当初の背景

(1) エイズウイルスの起源に関する諸説

エイズウイルス(HIV)の起源については、遺伝子の多様性が最も高い中央部アフリカが発祥の地であるという説に研究者らの間で異論はない。しかし、いつ、何処で、どのように人間社会に拡がったのかという問いかけに対しては、まだ明解な答えが出ている訳ではない。米国 Hahn 博士らのグループによれば(Science, 313(5786), 523, 2006)、カメルーンに生息するチンパンジーから分離された SIV が遺伝的に最も HIV-1 に近かったことから、これが HIV-1 の祖先ウイルスだと主張されている。ところが 2008 年に発表された同じく米国の Worobey 博士らによると(Nature 455(7213), 661, 2008)、現コンゴ民主共和国(旧ザイル)の首都キンシャサ市内の病院で 1960 年にリンパ腫患者から作成されたパラフィン包埋ブロックが見つかり、その中から HIV 遺伝子が検出されたとのこと。その遺伝子配列を最古の株とされているザイル株のそれと比較したところ、遺伝子距離(約 10%)と変異速度から計算して、20 世紀初頭には HIV が人間社会に登場したと考えられ、キンシャサの町を起点として HIV がやがて世界中に広がったのではないかと推定されている。

(2) アフリカ開発の歴史との関係

コンゴ川のほとりにあったそれまでは小さな集落に過ぎなかった村が、モートン・スタンレーによるコンゴ川探検を契機としてコンゴ盆地の開発を旗印に、19 世紀末頃より川の流域の各地から急速に人々が集まり始まることになった。その町は当時の植民地コンゴ自由国の所有者であったベルギー国王の名前にちなんでレオポルドビルと名付けられ、これが現在の首都キンシャサとなっている。対岸の町も同様な理由から急速に発展し、こちらは初期の開発を主導したド・ブラザ將軍にちなんでブラザビルと名付けられている。

(3) コンゴ盆地の調査の重要性

では、カメルーンやコンゴ・コンゴ民主、あるいはその周辺地域を含めて、いったい何処が本当の HIV 発祥の地なのであろうか。ここで忘れてならないのは、従来のアフリカ調査は、カメルーンのように社会的インフラが整っており、従って研究環境も良い国からの報告ばかりで、実はコンゴ民主やコンゴが大きな調査空白地帯であったことを忘れてはならない。当該地域が、永らく続いた戦争や内紛など治安上の理由から、他国の研究者らがこの足を踏んだという背景事情があったこともその一因であったろう。

本研究代表者らのグループは早くからこの地域の重要性に着目し、主に都市部を中心に調査活動を続け、数々の HIV 遺伝子解析に関する論文を発表してきた。その結果、コンゴ・コンゴ民主両国とも、カメルーンと同様に極めて遺伝子型が多様であることが明ら

かとなり、しかも調査を進めるほど遺伝子変異の大きい株が存在することや従来の血清学的判定規準では 1 型とも 2 型とも判別し難い検体が少なからず存在していることが分かって来た。エイズパンデミック発生の謎とそれがどのように世界に拡散したのかを解明するためには、今こそコンゴ盆地の最奥部の村々にまで分け入り、HIV および関連ウイルスについて可能な限り広範な分子疫学調査研究を行なうべきであろうと考えたのである。

2. 研究の目的

エイズウイルスの起源については、上記の背景で述べた通り、まだ完全に答えが分かっている訳ではない。そこで本研究の目的は、エイズパンデミック発生の謎、即ち現在世界中に蔓延した HIV 感染はいつ如何なる場所で発生し、どのような経路で世界各地に拡がったのかを明らかにすることである。それと同時に、現在激しい変異やリコンビネーションによりゲノムの姿を刻々と変化させつつあるこのウイルスの未来は一体どうなるのかを予測することも狙いとしている。そのために、これまでほとんど調査されたことが無かったコンゴ盆地の最奥地にまで足を踏み入れ、また解析のスピードと精度を上げるべく、次世代型 DNA シーケンサーという最新の解析機器・技術を導入しながら、分子疫学的に解明しようとするものである。

3. 研究の方法

(1) 対象調査国・地域

HIV の遺伝子型は決して単一ではなく、これまでの我々のグループを含む諸外国からの報告により、アフリカ大陸中央部のそれが最も多様性が高いことが明らかにされている。本研究では大陸中央部に位置するコンゴ民主・コンゴの 2 ヶ国を主な調査対象とする。両国全土にまたがるコンゴ盆地内の病院や診療所を訪れ、エイズの診断等のため収集された血液検体の一部を現地側の許可を得て分与を受けることにした。

(2) ウイルス学的調査項目

提供者の性別・年齢・病態の基礎データに加え、得られた検体については、初めに種々の検査試薬を用いて HIV 関連ウイルスの血清学的診断を行う。HIV については、通常 BioRad 社の PA 凝集法による抗体検査 Genedia HIV-1/2 でスクリーニングを行い、次に BioRad 社の Western Blot 検査 Lavplot I/II で HIV-1 と HIV-2 の鑑別確認試験を行う。陽性と判定された場合には、次に pol 遺伝子領域に設定したプライマーを用いて nested PCR を行う。このプライマーは極めて多種のレンチウイルスに保存性のある遺伝子配列を持っているので、相当に幅広い株まで増幅が可能となるようにデザインされている。PCR 産物が得られたら、TA クローニング法により一旦別なプラスミドに組み込むか、あるいは

direct sequencing 法によて、DNA 塩基配列を求め、遺伝子解析ソフト Genetyx によて分子系統樹を作成し、遺伝子型の帰属を明らかにした。また分析従来法による遺伝子解析法に加え、特に重感染症例や未知のウイルス株らしき症例に対しては、最近開発された次世代型超高速 DNA シーケンサー(ロッシュ社 454 FLX システム)を使用し迅速かつ複雑な解析の効率化を図った。

4. 研究成果

研究目標を達成するためには、広大なコンゴ盆地の中から、エイズウイルスが発生してから最も時間が経過していると思われるところを探し当てなければならない。時間がそれだけ経ていれば、即ちウイルスがそれだけ変異している筈で、各地域の HIV の遺伝子型の多様性の大きさがその指標となる訳である。以下、調査地域毎に得られた成果を述べることにする。

(1)赤道州 Mbandaka 市周辺の調査

首都であるキンシャサ市周辺に流行する HIV 遺伝子型がサブタイプ A から K の 10 種類以上のサブタイプが混在して流行していることは既に知られていることなので、コンゴ川の上流を徐々に遡るように調査の基本方針を事前に立てていた。赤道州の Mbandaka 市は、コンゴ川の主流と最も大きな支流であるウバンギ川が合流する地点にほぼ近く位置している。この地点の多様性を調べることで、次の調査地域に関する示唆が得られるものと考えられた。この町では首都のように大きな病院はなく、国境無き医師団などが運営する小さな診療所に患者たちは治療薬と援助を求めて集まって来るのが実情である。これまでに 61 人の患者の検体を調べることが出来た。遺伝子型分布の内訳は、サブタイプ A 型を主として (48%)、続いて G、F、D、C となり、検体数が比較的少ないにも拘わらず、極めて多様な遺伝子型が共存することが明らかとなった。既報のデータベースと当研究グループがそれまでに得ていた解析データと比較して、どうやらコンゴ盆地の中央部分に行くほど HIV の遺伝的多様性が高い傾向が明らかであり、エイズパンデミックの発祥の地として、当該地域が最もその候補に近いことを示唆するものであった。またこの町に限らないことであるが、中央部アフリカの HIV は、その高い多様性と共に、異なった遺伝子型のウイルスが同じ地域内に流行しているため、同一患者に異なった株が同時に感染する、いわゆる重感染の症例が見られることが知られている。実際、この赤道州でも 2 人の患者がそれぞれ A と C、D と G の重感染であることが判り、既存のサブタイプに分類不能の株 (unclassified) の存在と合わせて、当地では絶えず新しい型の HIV ウイルスがダイナミックに生成されている現場であることが

明らかとなった。

(2)コンゴ民主東部北キヴ州周辺の調査

北キヴ州の州都は Goma 市といい、ここはかつてルワンダ紛争の直後、隣国同士の戦いの戦場となると同時に、大量の難民が発生した(現在もかなり残っている)ことから HIV のような人の流動と共に感染が広がる病原体に関する情報は極めて興味を持たれた場所であった。幸いに散発的な戦闘は断続的であったものの、比較的平穏なタイミングを測って調査をすることが出来た。採集された検体は 50 で、現地の検査能力が不十分であったためか、10 検体が我々の検査では陰性と判定され、残りの 40 検体について遺伝子型の分布状況が明らかにされた。予想としては、ここも多様な遺伝子型が存在すると思われる、実際に G、A、C など種々のサブタイプが現れたが、圧倒的に多かった(約 70%)のはサブタイプ D (または B)であった。D と B は分子系統樹上でも比較的近い位置関係にあり、対照としてどのような標準株を入れるかで、帰属が流動する特徴がある。従って、これがどちらであるかについては、全ゲノム領域、あるいは少なくとももっと広い領域の塩基配列を読まなければ確定することは出来ない。しかし、このことから歴史的に最も古い株と称されている HIV 株もサブタイプ D であり、また世界に蔓延し、特に欧米において席捲したサブタイプ B にも近い株が大量にこの地域に存在しているという事実は、ウイルスの進化上の議論とは別に HIV ウイルスがパンデミックを起こした径路を考える上で極めて貴重な知見であった。当該地域では長年続いていた戦争・内紛の影響もあって、正規軍・非正規群の兵士およびその他の武装勢力による性暴力が横行しており、上記の結果については次のステップとして、より慎重な解析を進めなければならないと考えている。

(3)コンゴ民主赤道州 Gemena 市周辺の調査

コンゴ川の支流の中で最大のウバンギ川は、赤道州の Mbandaka 市辺りで分岐し、ほぼ北側に伸びて中央アフリカ共和国の首都バンギ辺りで東側に伸びている。カメルーン南部は実はコンゴ盆地内にあり、もしもエイズウイルスの祖先ウイルスがこの周辺一帯から発生しているとすれば、このウバンギ川沿いに調べることが必要であろうと考えた。この Gemena 市の診療所にも毎日患者は押し寄せてくるが、このくらい辺境の地となると治療薬も検査薬も十分には浸透していないという現状がある。そのような状況の中、50 検体が採集され、Goma と同じような理由から約 2 割が結果としては陰性と判定されたが、残りの陽性検体の遺伝子型分布は Mbandaka 市周辺で得たパターンをほぼ同じく、サブタイプ A を主として、

G、D、C、A/G など実に多様な遺伝子型のオンパレードであった。興味深いことは、1株だけであったが東南アジアで主に流行していることが知られている CRF01 株の A/E 型配列に近い pol 配列を持つ株が得られたことで、中央アフリカ共和国にはこの CRF01 株が比較的多く存在していることが以前から知られている。バングには比較的近い距離関係にあるから、その意味では驚きではないが、東南アジアの流行株とどのような接点があるのか、実に不思議で、興味深い事実である。

(4) コンゴ共和国西方ポイント・ノール市における調査

コンゴ共和国では、コンゴ民主とは観点が異なり、観測点として海岸沿いの第2の都市ポイント・ノールに観測点を固定し、診療所に通院する同一患者約20名について、ほぼ毎年の検体採取をして治療効果の判定と共に、どのような速度で HIV ウイルスの変異して行くのかを観察することに重点を置いた。WHO 推奨の3剤併用によるエイズ治療薬を服用しているが、それ以外の選択肢は無いに等しいので、現行 ART 治療の限界を見てみようという狙いがあったことも事実である。既に ART 治療を開始してから約7年近くが経過しているが、1名を除いて血中ウイルス量が検出限界以下であることを確かめた。単剤に対する変異はほとんど患者の株にも見られていたが、まだ多剤耐性とはなっていないものと考えられた。治療薬選択圧の存在という環境の中で HIV がどのように変異を蓄積するのかというウイルス進化速度に関する貴重なデータがこの地域の研究から得られたものを思われる。

(5) 次世代型超高速 DNA シーケンサーの威力

本研究では、パンデミック、即ちその病原体である HIV が世界に拡大蔓延し始めた最初の場所が中央部アフリカ地域内の何処かであろうという説に研究者らの間で異論はない。しかし、いつ、何処で、如何にして人間社会に拡がったのかについては、まだ明快な答えが出ている訳ではない。本研究では、そうした疑問に答を求めべく、諸外国並びに我々自身のグループによってこれまでに為された調査の結果ウイルス遺伝子の多様性が最も高かったコンゴ盆地内に焦点を絞り、可能な限り多くの地域から集めた検体を分子疫学的に解析することからエイズパンデミックの謎を解き明かすことを目的としている。今年度は、昨年引き続きコンゴ川の中流域にあって主要な支流が合流する赤道州に注目し、その地域に住むエイズ患者からの検体を解析した。遺伝子解析した合計61検体の内訳は、最も多いサブタイプが A で、続いて G、F、D、C

の他、未分類株 U など様々な株があることが明らかとなり、極めて多様な遺伝子型が共存することが判明した。またこの中には、異なった遺伝子型のウイルスが同一患者に感染する、いわゆる重感染の症例が少なくとも2例は存在することが判ったが、次世代型 DNA シーケンサーによる解析結果では、さらに多様なウイルスがマイナーなポピュレーションとして多重に存在しているらしいことが明らかとなって来た。既に収集していた隣国カメルーンの検体群の解析結果でも遺伝子型の多様性が示されたが、とりわけ8%という高頻度で遺伝子型の異なる株同志が同一患者に重感染することが明らかとなり、こうした重感染という現象がウイルス進化に果たしている意義が今後よりクローズアップされるべきと考えられた。また今年度は、コンゴ民主の東部北キヴ州から50検体を収集した。現在その解析が進行中である。

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には下線)

[雑誌論文](計16件)全て査読有り

Ido E, Suzuki T, Ampofo WK, Ayi I, Yamaoka S, Koram KA, Ohta N: Joint research project on infectious diseases in West African subregion. *J Disaster Res*, in press, 2014.

Utachee P, Isarangkura-na-ayuthaya P, Tokunaga K, Ikuta K, Takeda N, Kameoka M: Impact of amino acid substitutions in the V2 and C2 regions of human immunodeficiency virus type 1 CRF01_AE envelope glycoprotein gp120 on viral neutralization susceptibility to broadly neutralizing antibodies specific for the CD4 binding site. *Retrovirology*, 11:32, 2014

Chaitaveep N, Utachee P, Nakamura S, Chuenchitra T, Ekpo P, Takeda N, Pattanapanyasat K, Kameoka M: Characterization of human immunodeficiency virus type 1 CRF01_AE env genes derived from recently infected Thai individuals. *Microbes Infect*, 16(2):142-152, 2014.

Barnor JS, Yamamoto N, Brandful JAM, Ampofo W, Bonney JHK, Bonney E, Odoom JK, Aidoo S, Alale M, Ntim NA, Amoah YO, Ofori SB, Ndzinu J, Aziati ID, Addo, NA, Nyarko A, Ido E, Ishikawa K, Yamaoka S: Establishment of in-house quantitative real-time RT-PCR assay for HIV-1 viral load measurement and its application to evaluate efficacy of ART in Ghanaian patients in an urban setting. *J AIDS Clinic Res*, 5:305. 1000305, 2014.

井戸栄治, 山岡昇司: 東京医科歯科大学

がガーナ大学野口医学記念研究所で展開している2つの感染症プロジェクト。ウイルス, 63:79-86, 2013.

Akapirat S, Avihingsanon A, Ananworanich J, Schuetz A, Ramasoota P, Luplertlop N, Ono K, Ikuta K, Utachee P, Kameoka M, Leungwutiwong P: Variables influencing anti-human immunodeficiency virus type 1 neutralizing human monoclonal antibody (NhMAb) production among infected Thais. *Southeastern Asian J Trop Med Public Health*, 44(5):825-841, 2013.

Sakudo A, Ikuta K: A technique for capturing broad subtypes and circulating recombinant forms of HIV-1 based on anionic polymer-coated magnetic beads. *Int J Mol Med*, 30(2): 437-442, 2013

Tian YS, Verathamjamras C, Kawashita N, Okamoto K, Yasunaga T, Ikuta K, Kameoka M, Takagi T: Discovery of novel low-molecular-weight HIV-1 inhibitors interacting with cyclophilin A using in silico screening and biological evaluations. *J Mol Med*, 19(1): 465-475, 2013.

Urayama T, Cameron R, Sato T, Yunoki M, Ikuta K: Misinterpretation in virus clearance studies of biological products due to an uncommon discrepancy between cytopathic effects and infectivity of human immunodeficiency virus (HIV). *Biologicals*, 41(2): 125-127, 2013.

Sakudo A, Suganuma Y, Sakima R, Ikuta K: Diagnosis of HIV-1 infection by near-infrared spectroscopy: Analysis using molecular clones of various HIV-1 subtypes. *Clin Chim Acta*, 413: 467-472, 2012.

Yasugi M, Nakamura S, Daidoji T, Ramadhany R, Yang CS, Yasunaga T, Iida T, Horii T, Ikuta K, Takahashi K, Nakaya T: Frequency of D222G and Q223R hemagglutinin mutants of pandemic (H1N1) 2009 influenza virus in Japan between 2009-2010. *PLoS One*, 7, e30946, 2012.

Nakamura S, Nakaya T, Iida T: Metagenomic analysis of bacterial infections by means of high-throughput DNA sequencing. *Exp Biol Med*, 236(8): 968-971, 2011.

Sapsutthipas S, Kitagawa Y, Tokunaga K, Ikuta K, Kameoka M: Viral factors involved in adaptor-related protein complex 2 alpha 1 subunit-mediated regulation of human immunodeficiency virus type 1 replication. *Southeastern Asian J Trop Med Public Health*,

42: 311-319, 2011.

Boonchawalit S, Jullaksorn D, Uttiyoung J, Yowang A, Krathong N, Chautrakul S, Yamashita A, Ikuta K, Roobsoong A, Kanitvittaya S, Sawanpanyalert P, Kameoka M: Molecular evolution of HIV-1 CRF01_AE Env in Thai patients. *PLoS One*, 6, e27098, 2011.

Ndembi N, Iwamoto S, Ngansop C, Lemey P, Abimiku A, Mbanya D, Kaptue L, Ido E: High frequency of HIV-1 dual infections in Cameroon, West Central Africa. *J Acquir Immune Defic Syndr*, 57(2): e25-e27, 2011.

Soonthornsata B, Tian YS, Utachee P, Sapsutthipas S, Isarangkura-na-Ayuthaya P, Auwanit W, Takagi T, Ikuta K, Sawanpanyalert P, Kawashita N, Kameoka M: Design and evaluation of antiretroviral peptides corresponding to the C-terminal heptad repeat region (C-HR) of human immunodeficiency virus type 1 envelope glycoprotein gp41. *Virology*, 405(1):157-64, 2010.

[学会発表](計 12 件)

井戸栄治, Stormy Karhemere, Joseph Kayumba, Joachim-Massa Mukedi, Ishmael Aziati, Esinam Agbosu, William Ampofo, 伊吹謙太郎, 山岡昇司, Jean-Jacques Muyembe: コンゴ民主共和国北キヴ州に流行する HIV のサブタイプ解析. 第 54 回日本熱帯医学会大会, 2013 年 10 月 3-5 日, 長崎.

Ido E, Karhemere S, Nakamura S, Nakaya T, Barnor J, Brandful J, Ampofo W, Aziati I, Agbosu E, Ebengho M, Bakuba K, Ikuta K, Yamaoka S, Muyembe-Tamfum JJ: Molecular epidemiology of HIV in the Congo basin (Democratic Republic of Congo) analyzed by high-throughput DNA sequencing. 6ème Congres International De Pathologie Infectieuse et Parasitaire (CIPIP), June 13-15, 2013, Kinshasa, DR Congo.

Ido E, Karhemere S, Ebengho M, Nakamura S, Nakaya T, Brandful J, Barnor J, Ampofo W, Yamaoka S, Muyembe JJ: High-throughput DNA sequencing is a powerful tool to analyze dual and multiple HIV infections: its first application to the study in DRC. 20th Conference on Retroviruses and Opportunistic Infections, March 3-6, 2013, Atlanta, USA.

井戸栄治, Stormy Karhemere, Max Ebengho, 中村昇太, 中屋隆明, Ishmael Aziati, James Brandful, Jacob Barnor, William Ampofo, 生田和良, 山岡昇司, Jean-Jacques

Muyembe: 次世代型高速シーケンサーは HIV 重感染検体の解析に威力を発揮する− コンゴ民主共和国における HIV の分子疫学研究での適用例から. 第 60 回日本ウイルス学会学術集会, 2012 年 11 月 13-15 日, 大阪.

井戸 栄治, Nicaise N, 岩元 静香, Charlotte N, Philippe L, Alashle A, Mbaya D, Kaptue LK: カメルーン共和国北西部における HIV の分子疫学. 第 25 回日本エイズ学会学術集会, 2011 年 11 月 30 日-12 月 2 日, 東京.

井戸 栄治, Karhemere S, Taty-Taty R, 多田 哲子, 安永みゆき, 岩元 静香, 梅原 綾, Parra HJ, Kashongwe Z, Muyembe JJ: コンゴ盆地における HIV の分子疫学-エイズウイルス生成の現場から. 第 52 回日本熱帯医学大会・第 26 回日本国際医療保健学会学術大会・合同大会, 2011 年 11 月 4-6 日, 東京.

Kameoka M, Boonchawalit S, Jullaksorn D, Uttiyoung J, Yowang A, Krathong N, Chautrakul S, Ikuta K, Roobsoong A, Kanitvittaya S, Sawanpanyalert P: Study on the evolution of HIV-1 envelope gene in Thai patients. XVth International Congress of Virology (IUMS 2011), September 11-16, 2011, Sapporo, Japan.

Ido E, Ndembi N, Taty-Taty R, Iwamoto S, Tada T, Brandful J, Karhemere S, MuyembeJJ: High frequency of HIV-1 dual infections in central African countries. XVth International Congress of Virology (IUMS 2011), September 11-16, 2011, Sapporo, Japan.

Barnor J, Brandful J, Ampofo W, Yamamoto N, Bonney K, Bonney M, Alale M, Ntim A, AmoahY, fori S, Addo A, Nyarko A, Ido E, Ishikawa K, Yamaoka S: Establishment of in-house quantitative real-time RT PCR assay for monitoring for HIV-1 viral loads and efficacy evaluation of ART in Ghanaian AIDS patients in an urban setting. 6th IAS Conference on HIV Pathogenesis, Treatment and Prevention, July 17-20, 2011, Rome, Italy.

Ido E, Karhemere S, Ahuka S, Omokoko M, Tada T, Iwamoto S, Dauly N, Imani M, Kashongwe Z, Muyembe JJ: Molecular epidemiological study in Democratic Republic of Congo: Double and even triple infections of different genotypic HIV-1 strains are not rare events. Keystone Symposia Conference-HIV Evolution, Genomics and Pathogenesis (X7), March 20-25, 2011, Whistler, Canada.

井戸 栄治, Max Ebengho, 岩元 静香, Stormy Karhemere, Ehungu Gini, Jean-Jacques Muyembe: コンゴ民主共和

国赤道州における HIV の分子疫学. 第 24 回日本エイズ学会学術集会, 2010 年 11 月 24-26 日, 東京.

中屋 隆明, 中村 昇太, 飯田 哲也, 堀井 俊宏, 柚木 幹弘, 生田 和良, 岡本 仁子, 永井 美之: 次世代シーケンサーを用いた臨床検体(血清)のメタゲノミック診断. 第 58 回日本ウイルス学会学術集会, 2010 年 11 月 7-9 日, 徳島.

〔図書〕(計 1 件)

中村昇太, 中屋隆明, 飯田哲也: メタゲノム解析技術の最前線. (株) シーエムシー出版, 2011.

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究代表者

井戸 栄治 (IDO EIJI)

東京医科歯科大学・大学院医歯学総合研究科・特任教授

研究者番号: 70183176

(2) 研究分担者

生田 和良 (IKUTA KAZUYOSHI)

大阪大学・微生物研究所・教授

研究者番号: 60127181

中屋 隆明 (NAKAYA TAKAAKI)

大阪大学・微生物研究所・特任准教授

研究者番号: 80271633

(平成 22 年度 ~ 平成 23 年度)

中村 昇太 (NAKAMURA SHOTA)

大阪大学・微生物研究所・助教

研究者番号: 90432434

(平成 24 年度 ~ 平成 25 年度)

(3) 連携研究者

なし。