

DsRNA Sequencing for RNA Virus Surveillance Using Human Clinical Samples

泉, 琢磨

<https://hdl.handle.net/2324/6758944>

出版情報 : Kyushu University, 2022, 博士 (医学), 課程博士

バージョン :

権利関係 : (c) 2021 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license.

(別紙様式2)

氏名	泉 琢磨
論文名	DsRNA Sequencing for RNA Virus Surveillance Using Human Clinical Samples
論文調査委員	主査 九州大学 教授 林 哲也 副査 九州大学 教授 澤 新一郎 副査 九州大学 教授 小田 義直

論文審査の結果の要旨

ウイルスはヒトの様々な臓器に感染することで、多くの病気に関連するが、まだ発見されていない病原性ウイルスが数多く存在する可能性がある。次世代シーケンシング技術の近年の発展は、細胞内ウイルスゲノムを標的とするメタゲノムシーケンシングによるアプローチを可能とした。しかし、動物やヒトサンプル中のRNAウイルスゲノムを効率よく検出する方法は未だ確立できていない。

本研究において申請者は、真菌等で確立された手法を一部改変してヒトの臨床サンプルからRNAウイルスを検出する方法を確立した。また、2017年6月から2019年2月に九州大学病院で施行された57例の生体肝移植術のレシピエントから得られた肝臓組織を用いて、従来からの手法と今回開発した手法を比較した。その結果、新規解析法では、C型肝炎ウイルスに感染したヒトの肝臓組織からより効率的にHCVに由来するreadsが得られ、C型肝炎ウイルスゲノムの全長をカバーする配列を得ることができた。この手法は、ヒトの臨床サンプルから細胞内RNAウイルスを効率的に検出するために有効であり、今後、病気に関連する新規RNAウイルスの検索に役立つ可能性がある。

以上の成績はこの方面の研究の発展に重要な知見を加えた意義あるものと考えられる。本論文についての試験はまず論文の研究目的、方法、実験成績などについて説明を求め、各調査委員より専門的な観点から論文内容及びこれに関連した事項について種々質問を行ったが適切な回答を得た。なお本論文は共著者多数であるが、予備調査の結果、申請者が主導的役割を果たしていることを確認した。

よって調議の結果、試験は合格と決定し、博士(医学)の学位に値すると認める。