

# Genetic diversity of HIV type 1 in rural eastern Cameroon

メタデータ	言語: eng 出版者: 公開日: 2017-10-05 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: メールアドレス: 所属:
URL	<a href="http://hdl.handle.net/2297/15899">http://hdl.handle.net/2297/15899</a>

学位授与番号	甲第 1662 号
学位授与年月日	平成 16 年 12 月 31 日
氏 名	Ndembi Nicaise
学位論文題目	Genetic Diversity of HIV Type 1 in Rural Eastern Cameroon (カメルーン東部における HIV-1 の遺伝的多様性)
論文審査委員	主 査 教 授 荻 野 景 規 副 査 教 授 西 條 清 史 教 授 中 尾 眞 二

### 内容の要旨及び審査の結果の要旨

チンパンジーのもつウイルス (SIVcpz) が中央アフリカ (カメルーン、コンゴ) で種を越えてヒトに感染し、ヒト免疫不全ウイルス 1 型 (HIV-1) になったことが最近の研究で明らかになっている。本研究では、カメルーン東部国境地域で蔓延している HIV-1 の遺伝的多様性を検討するために、中央アフリカ共和国と接する村の診療所 3ヶ所を受診した 57 人の HIV-1 感染者を対象に、リンパ球から抽出したプロウイルス DNA の *gag* と *env* 領域を PCR 法で増幅し、クローニングした後、各検体 5 クローンの塩基配列を決定し、分子系統学的解析を行った。

得られた結果は以下のごとく、要約される。

1. *gag* と *env*-C2V3 両領域が PCR で増幅された HIV-1 40 株のうち 12 株 (30%) でサブタイプまたは CRF (circulating recombinant form) の不一致がみられた。一致していた 28 株 (70%) の内訳はサブタイプ A が 27 株と F2 が 1 株であった。
2. *env*-C2V3 プライマーで増幅されなかった HIV-1 17 株のうち、10 株 (59%) で *gag/pol/env-gp41* 領域のサブタイプまたは CRF の不一致がみられた。このように、この地域で流行している HIV-1 株は高い頻度で (39%, 22/57 株) 遺伝子組換えを起こしていることが明らかとなった。
3. 新たな構造をもった HIV-1 株 (サブタイプ B/A (*gag/env*), B/CRF01, B/CRF02) が見つかった。
4. 東部カメルーンの HIV-1 流行パターン (比較的低い CRF02 と比較的高い CRF11 の頻度) は CRF02 が優勢であるカメルーンの他地域よりも隣国の中央アフリカ共和国の流行パターンに近いことが明らかとなった。

以上、東部カメルーンでは新たな構造を持った HIV-1 変異株の産生を伴った HIV-1 の組換えが頻繁に起こっていることが示唆された。本研究は、HIV-1 起源地周辺におけるウイルスの遺伝的多様性を示し、また新たな流行株出現の可能性を示したものであり、HIV の分子進化学の発展に寄与する労作であり、学位に値すると評価された。