

C型肝炎ウイルス感染の慢性化機序の検討

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2022-07-01 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: Kaneko, Shuichi メールアドレス: 所属:
URL	https://doi.org/10.24517/00066609

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 3.0 International License.



C型肝炎ウイルス感染の慢性化機序の検討

Research Project

All ▼

Project/Area Number

05770347

Research Category

Grant-in-Aid for Encouragement of Young Scientists (A)

Allocation Type

Single-year Grants

Research Field

Gastroenterology

Research Institution

Kanazawa University

Principal Investigator

金子 周一 金沢大学, 医学部・付属病院, 講師 (60185923)

Project Period (FY)

1993

Project Status

Completed (Fiscal Year 1993)

Budget Amount [*help](#)

¥1,100,000 (Direct Cost: ¥1,100,000)

Fiscal Year 1993: ¥1,100,000 (Direct Cost: ¥1,100,000)

Keywords

C型肝炎ウイルス / 慢性肝炎 / quasispecies

Research Abstract

C型肝炎ウイルス感染は,他のウイルス感染と異なり,感染が慢性化し,引き続いて慢性肝炎・肝硬変・肝細胞癌を発症することが大きな問題となっている.ウイルス感染の慢性化の一つの機序として,Human Immunodeficiency Virusでは,ウイルスゲノムの変異と宿主免疫の関与が報告されている.そこで本研究では,C型肝炎ウイルスのゲノム変化と病態との関連について検討した.

異なる病態を有するC型肝炎25症例を対象とし、ウイルスのコア抗原領域から表面抗原領域について、各個体より10個の遺伝子をクローニングし、その塩基配列を解析し、個体内におけるウイルス集団のheterogeneity(quasispecies)を解析した。5例の急性肝炎例における塩基配列では0.85±0.62%の違いが個体内で見いだされ、5例の慢性非活動性肝炎例では1.73±0.90%、9例の慢性活動性肝炎例では3.05±1.27%、3例の肝硬変例では2.71±1.47%であった。このように同一個体内に存在するウイルスのゲノムの違いは、病態の進展に伴って有意に(P<0.01)高くなることが明らかとなった。また、3例においては経時的にゲノムの変化を検討したところ、病態の進展と相対してゲノムの変異が多くなっており、この変化はその間のトランスアミナーゼ値の平均値と一致していた。C型肝炎ウイルスの構造領域と免疫系の関与、とりわけ中和抗体との関連は、いまだ明らかにされておらず、検討し得た領域の変化と免疫系の関与についても不明である。しかし、今回の検討によってC型肝炎ウイルスの慢性化の機序の一つに、ウイルスのゲノムが徐々に変化していくことによって、ウイルスが宿主の免疫系の攻撃から逃れ、その感染状態が継続していく可能性が示唆された。


Report (1 results)

1993 Annual Research Report

Research Products (1 results)

All Other

All Publications (1 results)

[Publications] Masao Honda,Shuichi Kaneko: "Sequence analysis of putative structural regions of hepatitis C virus isolated from 5 Japanese patients with hepato cellular carcinoma." Arch Virol. 128. 163-169 (1993) 

URL:

Published: 1993-03-31 Modified: 2016-04-21