

牛伝染性リンパ腫の簡便かつ迅速な病勢検査法

教授・佐藤 賢文

ヒトレトロウイルス学共同研究センター ゲノミクス・トランスクリプトミクス分野

▶ 研究内容

【背景・目的】

牛伝染性リンパ腫ウイルス(BLV)は一部の感染牛でリンパ腫を引き起こす病原性を持つ。日本ではBLV感染牛も食肉として流通が認められているが、と畜検査時にリンパ腫発症を認めた場合、法律により食肉として出荷されず廃棄処分となることから、生産農家にとっては大きな経済的損害となる。

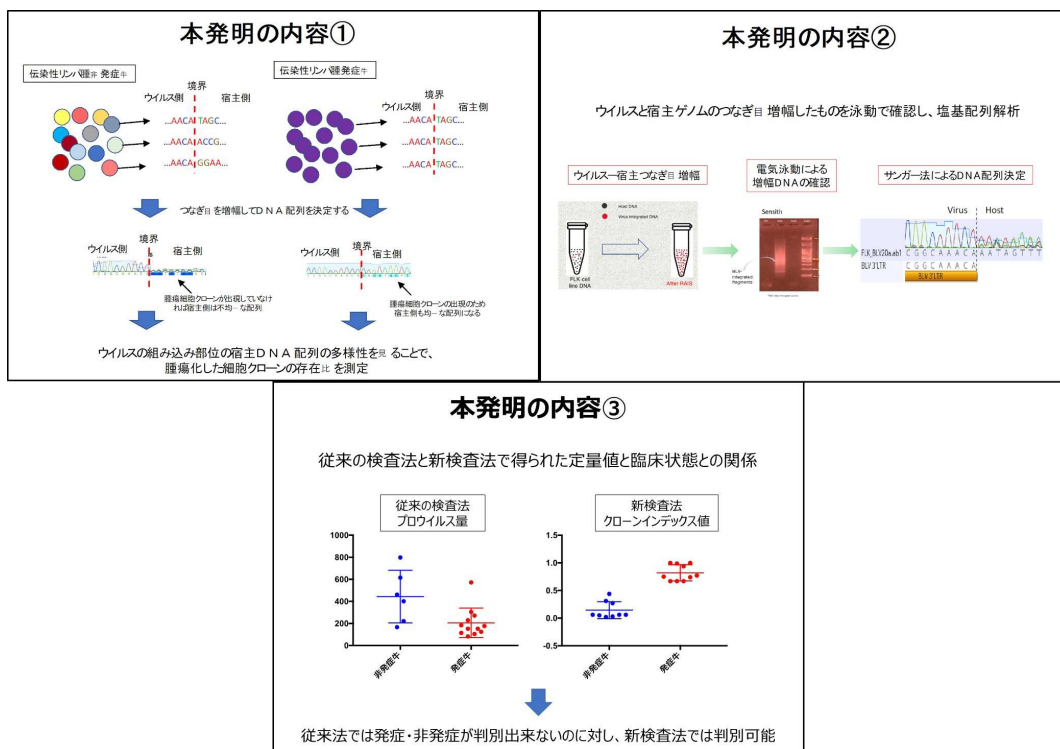
しかしながら、今現在牛伝染性リンパ腫の有効な発症リスク評価法・客観的診断法が存在しておらず、と畜検査時の肉眼的所見による診断が行われている状況にある。

【研究概要】

「レトロウイルスDNAが宿主細胞DNAに組み込まれる特徴を生かした、新規腫瘍細胞定量検査法」

本研究における発明内容として、下図に示すようにウイルスの組み込み部位の宿主DNA配列の多様性を見るために、ウイルスと宿主ゲノムのつなぎ目の増幅を行う。腫瘍細胞クローンが出現している場合は宿主側も均一な配列となる。次に増幅したものを電気泳動により確認し、サンガー法を用いたDNA配列の決定を行う。

以上の方法により、従来の検査法と新検査法の定量値と臨床状態との関係性を見ると、上記の**新検査法では発症・非発症の判別が可能**であることがわかる。



本発明手法の特徴としては下図に示すように、ウイルスと牛ゲノムのつなぎ目まで解析対象となり、腫瘍細胞の定量化を可能にした上で**低コスト**且つ**簡便性も高いもの**となった。

本発明手法の特徴

	従来法 (実用化済)	新手法	次世代シーケンス解析
解析対象	ウイルスゲノムのみ	ウイルスと牛ゲノム のつなぎ目	ウイルスと牛ゲノム のつなぎ目
解析手法	定量的PCR	PCR後にウイルスと牛の 接合部サンガーDNA配列解析	PCR後にウイルスと牛の接合部 次世代DNA塩基配列解析
感染細胞 定量検査	可能	本検査の目的でない	本解析の目的でない
腫瘍細胞 の定量	不可能	可能	可能
簡便性	—	簡便	複雑
コスト	—	低コスト	高コスト

(本研究は東京農業大学小林朋子准教授との共同研究)

▶ アピールポイント

最近、日本における牛伝染性リンパ腫発症は急激な増加を示しており、平成23年では戸数1,200/頭数1,765であったのに対し、令和元年では戸数1,944/頭数4,113にまで増加している。
そのため、早急な対策が必要な問題となっており、この対策として本発明手法が有効的と思われる。

▶ 参考資料

・ Scientific Reports 11, 4521, 2021.
doi:org/10.1038/s41598-021-83909-3

▶ 特許

・ 特願2021-126204

▶ キーワード

HIV-1 HTLV-1 HPV SARS-CoV2 BLV 総合生物 ゲノム科学 ゲノム生物学

《ご連絡先》 コーディネータ 藤江 康光 TEL 096-342-3209 FAX:096-342-3239 mail:y-fujie@jimu.kumamoto-u.ac.jp