

研究 成 果 報 告 書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		牛白血病ウイルスがコードする miRNA の機能解析とその病態発現への関与			
研究テーマ (欧文) AZ		Functional analysis of bovine leukemia virus microRNA			
研究氏 代 表 名 者	カナ CC	姓) コバヤシ	名) トモコ	研究期間 B	2014 ~ 2016 年
	漢字 CB	小林	朋子	報告年度 YR	2016 年
	ローマ字 CZ	Kobayashi	Tomoko	研究機関名	東京農業大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		東京農業大学 農学部 畜産学科・助教			
<p>概要 EA (600 字～800 字程度にまとめてください。)</p> <p>牛白血病ウイルス (BLV) は、レトロウイルス科デルタレトロウイルスに属する地方病性牛白血病の原因ウイルスである。BLV は世界中に蔓延しており、日本においても BLV 感染牛は増加の一途を辿っている。BLV による白血病発症機構には未解明の部分が多く、効果的な抗ウイルス戦略構築のためには、その分子機構の解析が急務である。これまで、BLV による細胞の腫瘍化機構に重要な役割を果たすのはウイルスのコードする制御蛋白質 Tax であると考えられ、精力的に研究が進められてきた。しかし、BLV により腫瘍化した B 細胞を解析すると、Tax 遺伝子の転写産物はほとんど検出されないことから (Aida Y., Front Microbiol, 2013)、Tax は腫瘍化に必須だが、それだけでは充分ではないことが考えられる。最近、BLV がその複製過程において種々の microRNA (miRNA) をコードしていることが明らかとなった (Kincaid RP., PNAS, 2013., Rosewick N., PNAS, 2013)。本研究ではまず、と畜場において牛白血病と診断された牛の保有する BLV プロウイルス配列における、miRNA コード領域である pX 領域に着目し、ダイレクトシーケンス法によりその配列の多様性を比較した。その結果、pX 領域は BLV プロウイルスのその他のタンパク質をコードする部分よりも多様性が低く、高度に保存されていることが明らかとなった。これらの結果は BLV 感染から牛白血病発症の過程において、miRNA が重要な機能を担っていることを示唆している。</p>					
キーワード FA	牛白血病	BLV	レトロウイルス		

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要^{EZ}

Bovine leukemia virus, which is causative agent of enzootic bovine leucosis (EBL), is a member of the delta-retrovirus of the Retroviridae. In Japan, BLV is widely spread in dairy cattle and in beef breeding cattle. The percentage of BLV-seropositive cattle has been increasing these years. The most recent national survey demonstrated by National Institute of Animal Health, Japan, reported that 40.9% of dairy cattle and 28.7% of beef breeding cattle were seropositive.

Recently, it has been reported that BLV express microRNA (miRNA)s, which have the potential to have positive effect to the viral gene expression and replication. We determine BLV-proviral sequences from the tumor samples which were collected from anti-BLV antibody positive cattle. The pX-region of BLV proviral genome of these tumor samples were highly conserved when they were compared with other regions in same proviral genome. These results indicated that miRNA of BLV plays a crucial roles in BLV replication.