

琉球大学学術リポジトリ

日本の沖縄での潰瘍性大腸炎患者のサイトメガロウイルスの遺伝子型の分布

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学 公開日: 2018-08-09 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: Nahar, Saifun メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/42205

(別紙様式第3号)

論 文 要 旨

論 文 題 目

Distribution of cytomegalovirus genotypes among ulcerative colitis patients
in Okinawa, Japan

(日本の沖縄での潰瘍性大腸炎患者のサイトメガロウイルスの遺伝子型の分布)

氏名 Saifun Nabae



【 研 究 目 的 】

潰瘍性大腸炎 (UC) 患者にサイトメガロウイルス (CMV) 腸炎が合併すると重症化することが知られている。しかし、どの遺伝子型の CMV が重症化に関与しているかは明らかではない。そこで、本邦の UC 患者に感染している CMV 遺伝子型の glycoprotein B (gB) , glycoprotein N (gN) と glycoprotein H (gH) の分布を明らかにすることを研究目的とした。

【 対 象 と 方 法 】

既報において、2014 年 8 月から 2015 年 1 月までに琉球大学医学部附属病院第一内科で大腸内視鏡を受けた UC 患者症例のうち、糞便から Seplex の multiplex PCR 法によって CMV が検出された 11 症例を今回検討した。11 検体から DNA を抽出し、各遺伝子型の存在を PCR で検索した。さらに、増幅した遺伝子領域を北海道システムサイエンス社で精製してシーケンスした。GenBank を利用して、シーケンスデータの系統樹解析を行った。臨床データは診療録から

解析し、UCの重症度を Mayo score で評価した。統

計解析は、SPSS を用いた。

【結果】

11 検体のうち、8 検体が解析できた。8 検

体中、gB、gN、gH は、各 37.5%、50%、100% 検出

された。系統樹解析から、gB では gB1 が、gN で

は gN3 が、gH では gH2 が多かった。活動性 UC 患者

では、gH1 より gH2 が有意に多く検出され、免疫

抑制剤を投与された活動性 UC 患者でも gH1 より

gH2 が有意に多く検出された。

【結論と考察】

CMV の遺伝子型 gB1、gN3 と gH2 は、日本の沖縄

における UC 患者から分離される頻度が高かつ

た。特に、遺伝子型 gH2 の合併は、UC の重症化

へ関与している可能性が示唆された。さらに

多くの症例での検討が今後望まれる。