
分子ウイルス・遺伝学講座

【研究プロジェクト名および概要】

- I. HIV-1 と宿主の相互作用に関する研究
- II. レトロウイルスと宿主の相互作用に関する研究
- III. レトロエレメントと宿主の相互作用に関する研究
- IV. 新型コロナウイルスと宿主の相互作用に関する研究

研究概要

我々は宿主 (例: ヒト) が宿主防御因子 (例: APOBEC ファミリータンパク質) を使って、どのようにしてウイルス (特にレトロウイルスやレトロエレメント) と戦っているのか? ウイルスはどのようにしてそれらの宿主防御因子に対して適応・進化していくのか? を分子・細胞・個体レベルで明らかにしていく研究を行っています (Ikeda *et al.*, *Nucleic Acids Res*, 2008; Ikeda *et al.*, *Nucleic Acids Res*, 2011; Ikeda *et al.*, *PLoS Pathog*, 2018; Ikeda *et al.*, *J Gen Virol*, 2019)。

最近では、新型コロナウイルスの研究にも力を入れており、デルタ株やオミクロン株のウイルス学的特性や病原性、中和抗体に対する逃避能力などを明らかにしています (Motozono *et al.*, *Cell Host Microbe*. 2021; Saito *et al.*, *Nature*. 2022; Suzuki *et al.*, *Nature*. 2022; Meng *et al.*, *Nature*. 2022; Yamasoba *et al.*, *Cell*, 2022; Kimura *et al.*, *Cell*, 2022)。

【教職員および大学院学生】	【メールアドレス(任意)】	【研究プロジェクト】
准教授	池田 輝政 ikedat@kumamoto-u.ac.jp	研究の統括
特定事業研究員	Hesham Nasser	I, II, III, IV
特定事業研究員	市原 公子	I, II, III, IV
特定事業研究員	高橋 音羽	I, II, III, IV
事務補佐員	北里 佳寿子	I, II, III, IV
技術補佐員	長谷部 治代	I, II, III, IV
大学院学生 (博士課程)	清水 凌	I, II, III, IV
大学院学生 (修士課程)	MST Monira Begum	I, II, III, IV
大学院学生 (修士課程)	麦田 友佳	I, II, III, IV
大学院学生 (修士課程)	Michael Jonathan	I, II, III, IV

【連絡先】 電話: 096-373-6565 Fax:

【ホームページ】 <https://ikedat8.wixsite.com/website>

【特殊技術・特殊装置】

1. ウイルス感染実験
2. ウイルスの定量・定性解析
3. 組換え DNA 実験
4. 遺伝子ノックアウト
5. RNA の定量・定性解析
6. タンパク質の定量・定性解析
7. P2 実験室
8. P3 実験室

【英文原著】

1. Saito A#, Irie T#, Suzuki R#, Maemura T#, **Nasser H#**, Uriu K#, Kosugi Y# (#equal contribution), Shirakawa K, Sadamasu K, Kimura I, Ito J, Wu J, Iwatsuki-Horimoto K, Ito M, Yamayoshi S, Loeber S, Tsuda M, Wang L, Ozono S, Butlertanaka EP, Tanaka Y, **Shimizu R**, Shimizu K, Yoshimatsu K, Kawabata R, Sakaguchi T, Tokunaga K, Yoshida I, Asakura H, Nagashima M, Kazuma Y, Nomura R, Horisawa Y, Yoshimura K, Takaori-Kondo A, Imai M, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Tanaka S*, Nakagawa S*, **Ikeda T***, Fukuhara T*, Kawaoka Y*, Sato K* (*equal correspondence). Enhanced fusogenicity and pathogenicity of SARS-CoV-2 Delta P681R mutation. *Nature*. 602, 300-306, 2022.
2. Okada S, Fukai Y, Tanoue Y, **Nasser H**, Fukuda T, **Ikeda T**, Saitoh H. Basic structure and cytocompatibility of giant membrane vesicles derived from paraformaldehyde-exposed human cells. *J Biochem*. 171, 339-347, 2022.
3. Suzuki R#, Yamasoba D#, Kimura I#, Wang L#, Kishimoto M#, Ito J# (#equal contribution), Morioka Y, Nao N, **Nasser H**, Uriu K, Kosugi Y, Tsuda M, Orba Y, Sasaki M, Shimizu R, Kawabata R, Yoshimatsu K, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Sawa H, **Ikeda T**, Irie T, Matsuno K*, Tanaka S*, Fukuhara T*, Sato K* (*equal correspondence). Attenuated fusogenicity and pathogenicity of SARS-CoV-2 Omicron variant. *Nature*. 603, 700-705, 2022.
4. Meng B#, Abdullahi A#, Ferreira IATM#, Goonawardane N#, Saito A#, Kimura I#, Yamasoba D# (#equal contribution), Gerber PP, Fatihi S, Rathore S, Zepeda SK, Papa G, Kemp SA, **Ikeda T**, Toyoda M, Seng TT, Kuramochi J, Mitsunaga S, Ueno T, Shirakawa K, Takaori-Kondo A, Brevini T, Mallery DL, Charles OJ, CITIID-NIHR BioResource COVID-19 Collaboration, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Bowen JE, Joshi A, Walls AC, Jackson L, Martin D, Smith KGC, Bradley J, Briggs JAG, Choi J, Madissoon E, Meyer K, Mlcochova P, Ceron-Gutierrez L, Doffinger R, Teichmann SA, Fisher AJ, Pizzuto MS, de Marco A, Corti D, Hosmillo M, Lee JH, James LC, Thukral L, Veesler D, Sigal A, Sampaziotis F, Goodfellow IG, Matheson NJ, Sato K*, Gupta RK* (*equal correspondence). Altered TMPRSS2 usage by SARS-CoV-2 Omicron impacts tropism and fusogenicity. *Nature*. 603, 706-714, 2022.
5. Rajib SA, Ogi Y, Hossain MB, **Ikeda T**, Tanaka E, Kawaguchi, Satou Y. A SARS-CoV-2 Delta variant containing mutation in the probe binding region used for RT-qPCR test in Japan exhibited atypical PCR amplification and might induce false negative result. *J Infect Chemother*. 28, 669-667, 2022.
6. Yamasoba D#, Kimura I#, **Nasser H#**, Morioka Y#, Nao N#, Ito J#, Uriu K#, Tsuda M#, Zahradnik J# (#equal contribution), Shirakawa K, **Suzuki R**, Kishimoto M, Kosugi Y, Kobiyama K, Hara T, Toyoda M, Tanaka YL, Butlertanaka EP, Shimizu R, Ito H, Wang L, Oda Y, Orba Y, Sasaki M, Nagata K, Yoshimatsu K, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Kuramochi J, Seki M, Fujiki R, Kaneda A, Shimada T, Nakada T, Sakao S, Suzuki T, Ueno T, Takaori-Kondo A, Ishii KJ, Schreiber G, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Sawa H, Saito A*, Irie T*, Tanaka T*, Matsuno K*, Fukuhara T*, **Ikeda T***, Sato K* (*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 Omicron BA.2 spike. *Cell*. 185, 2103-2115.e19, 2022.
7. Kimura I#, Yamasoba D#, Tamura T#, Nao N#, Suzuki T#, Oda Y#, Mitoma S#, Ito J#, **Nasser H#**, Zahradnik J# (#equal contribution), Uriu K, Fujita S, Kosugi Y, Wang L, Tsuda M, Kishimoto M, Ito H, Suzuki R, **Shimizu R**, **Begum MM**, Yoshimatsu K, Kimura KT, Sasaki J, Sasaki-Tabata K, Yamamoto Y, Nagamoto T, Kanamune J, Kobiyama K, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Shirakawa K, Takaori-Kondo A, Kuramochi J, Schreiber G, Ishii KJ, Hashiguchi T, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Hashiguchi T*, **Ikeda T***, Saito A*, Fukuhara T*, Tanaka S*, Matsuno K*, Sato K* (*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 Omicron BA.2 subvariants including BA.4 and BA.5. *Cell*. 185, 3992-4007.e16, 2022.
8. **Nasser H**, **Shimizu R**, Ito J, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Saito A, Sato K, **Ikeda T*** (*correspondence). Monitoring fusion kinetics of viral and target cell membranes in living cells using a SARS-CoV-2-spike protein-mediated membrane fusion assay. *STAR Protoc*. 3, 101773, 2022.
9. Saito A#, Tamura T#, Zahradnik J#, Deguchi S#, Tabata K#, Anraku Y#, Kimura I#, Ito J#, Yamasoba D# (#equal contribution), **Nasser H**, Toyoda M, Nagata K, Uriu K, Kosugi Y, Fujita S, Shofa M, **Begum MM**, **Shimizu R**, Oda Y, Suzuki R, Ito H, Nao N, Wang L, Tsuda M, Yoshimatsu K, Kuramochi J, Kita S, Sasaki-Tabata K, Fukuhara H, Maenaka K, Yamamoto Y, Nagamoto T, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K,

- Ueno T, Schreiber G, Takaori-Kondo A, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Shirakawa K, Sawa H, Irie T, Hashiguchi T, Takayama K, Matsuno K, Tanaka S*, **Ikeda T***, Fukuhara T*, Sato K* (*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 Omicron BA.2.75 variant. *Cell Host Microbe*. 30, 1540-1555.e15, 2022.
10. Kimura I#, Yamasoba D#, **Nasser H#**, Zahradnik J#, Kosugi Y#, Wu J# (#equal contribution), Nagata K, Uriu, K, Tanaka YL, Ito J, **Shimizu R**, Tan TS, Butlertanaka EP, Asakura H, Sadamasu K, Yoshimura K, Ueno T, Takaori-Kondo A, Schreiber G, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Toyoda M, Shirakawa K, Irie T, Saito A*, Nakagawa S*, **Ikeda T***, Sato K* (*equal correspondence). The SARS-CoV-2 spike S375F mutation characterizes the Omicron BA.1 variant. *iScience*. 25, 105720, 2022.