

---

# 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. レトロウイルス (主に HIV-1) と宿主の相互作用に関する研究

II. レトロエレメントと宿主の相互作用に関する研究

III. 新型コロナウイルスと宿主の相互作用に関する研究

IV. DNA ウイルスや RNA 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 (*Nucleic Acids Res*, 2008; *Nucleic Acids Res*, 2011; *PLoS Pathog*, 2018; *J Gen Virol*, 2019; *mBio*, 2023)。

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 (*Cell Host Microbe*, 2021; *Nature*, 2022; *Nature*, 2022; *Cell*, 2022; *Cell*, 2022; *Cell Host Microbe*, 2023; *Front Virol*, 2024)。

### 【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
特任助教	Hesham Nasser	I, II, III, IV
事務補佐員	北里 佳寿子	I, II, III, IV
技術補佐員	高橋 音羽	I, II, III, IV
	MST Monira Begum	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)	麦田 友佳	I, II, III, IV
大学院学生 (修士課程)	Michael Jonathan	I, II, III, IV
大学院学生 (修士課程)	Sharee Leong	I, II, III, IV

【連絡先】 電話: 096-373-6565 Fax:

【ホームページ】 <https://www.ikedalab.jp>

---

## 【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. Islam MS, Fukuda M, Hossain MJ, Rabin NN, Tagawa R, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Sekine Y,

- Ikeda T\***, Hayami S\* (\*equal correspondence). SARS-CoV-2 suppression depending on pH of graphene oxide nanosheet. *Nanoscale Adv.* 5, 2413-2417, 2023.
2. Ito J<sup>#</sup>, Suzuki R<sup>#</sup>, Uriu K<sup>#</sup>, Itakura Y<sup>#</sup>, Zahradnik J<sup>#</sup>, Kimura KT<sup>#</sup>, Deguchi S<sup>#</sup>, Wang L<sup>#</sup>, Lytras S<sup>#</sup> (#equal contribution), Tamura T, Kida I, **Nasser H**, Shofa M, **Begum MM**, Tsuda M, Oda Y, Suzuki T, Sasaki J, Sasaki-Tabata K, Fujita S, Yoshimatsu K, Ito H, Nao N, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Yamamoto Y, Nagamoto T, Schreiber G, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Saito A, Matsuno K, Takayama K, Hashiguchi T\*, Tanaka S\*, Fukuhara T\*, **Ikeda T\***, Sato K\* (\*equal correspondence). Convergent evolution of SARS-CoV-2 Omicron subvariants leading to the emergence of BQ.1.1 variant. *Nat Commun.* 14, 2671, 2023.
  3. Tamura T<sup>#</sup>, Ito J<sup>#</sup>, Uriu K<sup>#</sup>, Zahradnik J<sup>#</sup>, Kida I<sup>#</sup>, Anraku Y, **Nasser H**<sup>#</sup>, Shofa M<sup>#</sup>, Oda Y<sup>#</sup>, Lytras S<sup>#</sup> (#equal contribution), Nao N, Itakura Y, Deguchi S, Suzuki R, Wang L, **Begum MM**, Kita S, Yajima H, Sasaki J, Sasaki-Tabata K, **Shimizu R**, Tsuda M, Kosugi Y, Fujita S, Lin P, Sauter D, Yoshimatsu K, Suzuki S, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Yamamoto Y, Nagamoto T, Schreiber G, Maenaka K, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Hashiguchi T, **Ikeda T**, Fukuhara T, Saito A, Tanaka S\*, Matsuno K\*, Takayama K\*, Sato K\* (\*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XBB variant derived from recombination of two Omicron subvariants. *Nat Commun.* 14, 2800, 2023.
  4. **Ikeda T**<sup>#</sup>\* (\*correspondence), **Shimizu R**<sup>#</sup> (#equal contribution), **Nasser H**, Carpenter MA, Cheng AZ, Brown WL, Sauter D, Harris RS. APOBEC3 degradation is the primary function of HIV-1 Vif determining virion infectivity in the myeloid cell line THP-1. *mBio.* 14, e0078223, 2023. **Editor's pick.**
  5. Kimura I<sup>#</sup>, Yamasoba D<sup>#</sup>, **Nasser H**<sup>#</sup>, Ito H<sup>#</sup>, Zahradnik J<sup>#</sup>, Wu J<sup>#</sup>, Fujita S<sup>#</sup>, Uriu K<sup>#</sup> (#equal contribution), Sasaki J, Tamura T, Suzuki R, Deguchi S, Plianchaisuk A, Yoshimatsu K, Kazuma Y, Mitoma S, Schreiber G, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Takaori-Kondo A, Ito J, Shirakawa K, Takayama K, Irie T, Hashiguchi T, Nakagawa S\*, Fukuhara T\*, Saito A\*, **Ikeda T\***, Sato K\* (\*equal correspondence). Multiple mutations of SARS-CoV-2 Omicron BA.2 variant orchestrate its virological characteristics. *J Virol.* e0101123, 2023.
  6. Uriu K<sup>#</sup>, Ito J<sup>#</sup> (#equal contribution), Kosugi Y, Tanaka YL, **Mugita Y**, Guo Z, Hinay Jr., AA, Putri O, Kim Y, **Shimizu R**, **Begum MM**, **Jonathan M**, Saito A, **Ikeda T**, Sato K. Transmissibility, infectivity, and immune resistance of the SARS-CoV-2 BA.2.86 variant. *Lancet Infect Dis.* 23, e460-e461, 2023.
  7. Masuda Y<sup>#</sup>, **Nasser H**<sup>#</sup>, Zahradnik J<sup>#</sup>, Mitoma S<sup>#</sup> (#equal contribution), **Shimizu R**, Nagata K, Takaori-Kondo A, Schreiber G, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Shirakawa K, Saito A, **Ikeda T**, Ito J\*, Sato K\* (\*equal correspondence). Characterization of the evolutionary and virological aspects of mutations in the receptor binding motif of the SARS-CoV-2 spike protein. *Front Virol.* 3, 1328229, 2023.
  8. Tamura T<sup>#</sup>, Mizuma K<sup>#</sup>, **Nasser H**<sup>#</sup>, Deguchi S<sup>#</sup>, Padilla-Blanco M<sup>#</sup>, Uriu K<sup>#</sup>, Tolentino JEM<sup>#</sup> (#equal contribution), Tsujino S, Suzuki R, Kojima I, Nao N, **Shimizu R**, **Jonathan M**, Kosugi Y, Guo Z, Hinay Jr. AA, Putri O, Kim Y, Tanaka YL, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Saito A, Ito J, Irie T, Zahradnik J\*, **Ikeda T\***, Takayama K\*, Matsuno K\*, Fukuhara T\*, Sato K\* (\*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 BA.2.86 variant. *Cell Host Microbe.* 32, 170-180.e12, 2024.
  9. Tamura T<sup>#</sup>, Irie T<sup>#</sup>, Deguchi S<sup>#</sup>, Yajima H<sup>#</sup>, Tsuda M<sup>#</sup>, **Nasser H**<sup>#</sup>, Mizuma K<sup>#</sup>, Plianchaisuk A<sup>#</sup>, Suzuki S<sup>#</sup> (#equal contribution), Uriu K, **Begum MM**, **Shimizu R**, **Jonathan M**, Suzuki R, Kondo T, Ito H, Kamiyama A, Yoshimatsu K, Shofa M, Hashimoto R, Anraku Y, Kimura KT, Kita S, Sasaki J, Sasaki-Tabata K, Maenaka K, Nao N, Wang L, Oda Y, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, **Ikeda T**, Saito A, Matsuno K, Ito J, Tanaka S\*, Sato K\*, Hashiguchi T\*, Takayama K\*, Fukuhara T\* (\*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XBB.1.5 variant. *Nat Commun.* 15, 1176, 2024.
  10. Shichijo T, Yasunaga J, Sato K, Nosaka K, Toyoda K, Watanabe M, Zhang W, Koyanagi Y, Murphy EL, Bruhn RL, Koh K, Akari H, **Ikeda T**, Harris RS, Green PL, Matsuoka M. Vulnerability to APOBEC3G linked to the pathogenicity of deltaretroviruses. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2024. *In press.*
  11. Islam MS, Rabin NN, **Begum MM**, Goto N, Tagawa R, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, Sekine Y, **Ikeda T\***, Hayami S\* (\*equal correspondence). SARS-CoV-2 inactivation: Assessing the efficacy of GO-anchored filters versus various commercial masks. *RSC Appl Interfaces.* 2024. *In press.*
  12. **Begum MM**, Ichihara K, **Takahashi O**, **Nasser H**, **Jonathan M**, Tokunaga K, Yoshida I, Nagashima M, Sadamasu

K, Yoshimura K, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Sato K, **Ikeda T**\* (\*correspondence).  
Virological characteristics correlating with SARS-CoV-2 spike protein fusogenicity. *Front Virol.* 2024.