
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; *Viruses*, 2024)。

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; *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
大学院学生 (博士課程)	清水 凌	I, II, III, IV
大学院学生 (博士課程)	Ploy Nantapisit	I, II, III, IV
大学院学生 (博士課程)	Fahim Ahasan Al Rashid	I, II, III, IV
大学院学生 (博士課程)	Muhammad Ali Ahsan	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.ikedat-lab.jp>

【特殊技術・特殊装置】

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

【英文原著】

1. **Leong S[#]**, **Nasser H[#]** (#equal contribution), **Ikeda T^{*}** (*correspondence). APOBEC3-related editing and non-editing determinants of HIV-1 and HTLV-1 restriction. *Int J Mol Sci*. 26, 1561. 2025.
2. Kaku Y, Okumura K, Kawakubo S, Uriu K, Chen L, Kosugi Y, Uwamino Y, **Begum MM**, **Leong S**, **Ikeda T**, Sadamasu K, Asakura H, Nagashima M, Yoshimura K, Ito J, Sato K. Virological characteristics of the SARS-CoV-2 XEC variant. *Lancet Infect Dis*. 24, e736, 2024.
3. Tamura T[#], Mizuma K[#], **Nasser H[#]**, Deguchi S[#], Padilla-Blanco M[#], Uriu K[#], Tolentino JEM[#] (#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.
4. 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*. 121, e2309925121, 2024.
5. 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*. 1, 573-579, 2024.
6. **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*. 4, 1353661, 2024.
7. Fujita S[#], Plianchaisuk A[#], Deguchi S[#], Ito H[#], Nao N[#], Wang L[#] (#equal contribution), **Nasser H**, Tamura T, et al., Virological characteristics of a SARS-CoV-2-related bat coronavirus, BANAL-20-236. *eBioMedicine*. 104, 105181, 2024.
8. Tsujino S[#], Deguchi S[#], Nomai T[#], Padilla-Blanco M[#], Plianchaisuk A[#], Wang L[#], **Begum MM[#]**, Uriu K[#] (#equal contribution), Mizuma K, Nao N, Kojima I, Tsubo T, Li J, Matsumura Y, Nagao M, Oda Y, Tsuda M, Anraku Y, Kita S, Yajima Hi, Sasaki-Tabata K, Guo Z, Hinay Jr. AA, Yoshimatsu K, Yamamoto Y, Nagamoto T, Asakura H, Nagashima M, Sadamasu K, Yoshimura K, **Nasser H**, **Jonathan M**, Putri O, Kim Y, Chen L, Suzuki R, Tamura T, Maenaka K, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Irie T, Matsuno K, Tanaka S, Ito J, **Ikeda T^{*}**, Takayama K^{*}, Zahradnik J^{*}, Hashiguchi T^{*}, Fukuhara T^{*}, Sato K^{*} (*equal correspondence). Virological characteristics of the SARS-CoV-2 Omicron EG.5.1 variant. *Microbiol Immunol*, 68, 305-330, 2024.
9. **Begum MM**, Bokani A, Rajib SA, Soleimanpour M, Maeda Y, Yoshimura K, Satou Y, Ebrahimi D, **Ikeda T^{*}** (*correspondence). Potential role of APOBEC3 family proteins in SARS-CoV-2 replication. 16, 1141, *Viruses*. 2024.
10. Nyame P, Togami A, Yoshida T, Masunaga T, **Begum MM**, Sakhor W, Sugata K, Terasawa H, Monde N, Tahara Y, Tanaka R, Appiah-Kubi J, Amesimeku WAO, Hossain MJ, Tanaka Y, Yoshimura K, **Ikeda T**, Sawa T, Satou Y, Fujita M, Maeda Y, Tateishi H^{*}, Monde K^{*} (*equal correspondence). A derivative compound, HT-7, inhibits viral release by inducing cell surface BST2/Tetherin/CD317/HM1.24. *J Biol Chem*, 107701, 2024.