
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; *Nat Commun*, 2025)。

【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】
教授	池田 輝政 ikedat@kumamoto-u.ac.jp	研究の統括
特任助教	Li-Yun Lin	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 AI Rashid	I, II, III, IV
大学院学生 (博士課程)	Sharee Leong	I, II, III, IV
大学院学生 (博士課程)	Rawan Ahmed Ahmed Osman	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
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】

equal contributionには#、equal correspondenceには*を付す。

1. Leong S[#], Nasser H[#], Ikeda T. APOBEC3-related editing and non-editing determinants of HIV-1 and HTLV-1 restriction. *Int J Mol Sci*. 26, 1561. 2025.
2. Shrivastav K, Nasser H, Ikeda T, Nema V. Possible crosstalk & alterations in gut bacteriome and virome in HIV-1 infection and the associated co-morbidities related to metabolic disorder. *Viruses*, 17, 990, 2025.
3. Sugata K, Rahman A, Niimura K, Monde K, Ueno T, Rajib SA, Takatori M, Sakhor W, Hossain MB, Sithi SN, Jahan MI, Matsuda K, Ueda M, Yamano Y, Ikeda T, Ueno T, Tsuchiya K, Tanaka Y, Tokunaga M, Maeda K, Utsunomiya A, Okuma K, Ono M, Satou Y. Intragenic viral silencer element regulates HTLV-1 latency via RUNX complex recruitment. *Nat Microbiol*, 10, 1447-1462, 2025.
4. Kimishima A, Ikeda T, Takahashi O, Nahar K, Watanabe C, Takai-Todaka R, Haga K, Honma S, Ujie Y, Uematsu T, Honsho M, Watanabe Y, Ishiyama A, Hokari R, Iwatsuki M, Tsutsumi H, Inahashi Y, Abe A, Sunazuka T, Honma T, Katayama K, Yukihiro A. A dual targets based screening strategy for anti-SARS-CoV-2 active compounds enabling the discovery of macrocyclic peptide natural products, Chloropeptins. *J Nat Prod*, 88, 2351-2359, 2025.
5. Tsujino S[#], Tsuda M[#], Ito J[#], Deguchi S[#], Taha TY, Nasser H, Wang L, Rosecrans J, Suzuki R, Suzuki S, Yoshimatsu K, Ott M, The Genotype to Phenotype Japan (G2P-Japan) Consortium, Ikeda T, Takayama K, Sato K, Tanaka S*, Tamura T*, Fukuhara T*. A non-spike nucleocapsid R204P mutation in SARS-CoV-2 Omicron XEC enhances inflammation and pathogenicity. *Nat Commun*, 17, 735, 2025.
6. Taguchi J, Kikuchi M, Jeon H, Shimizu R, Mori H, Ikawa M, Yamada Y, Sato K, Ikeda T, Yamazaki S, Ozawa M. A scalable two-step genome editing strategy for generating full-length gene-humanized mice at diverse genomic loci. *Nat Commun*, 17, 356, 2026.