

## 「HIV 感染の迅速検出法と潜伏感染化ウイルスの予後予測法確立」 (研究代表者 水谷 壮利) 事後評価結果

本研究課題は、当初の目標を一部変更したが、2年という短期間で HIV 感染症治療のための予後予測診断に応用できる可能性を見出すことができた点は高く評価される。

近年、抗ウイルス剤の効果が改良され、HIV 感染症患者の延命も望めるようになった。しかし、感染初期の血液検査すり抜けによる HIV 感染問題や、延命によって浮上してきた HIV 感染症の治療に伴う問題が指摘されている。研究代表者は、HIV の short transcript (以下、ST-RNA) を検出・定量することで、(1) HIV 感染の早期診断の開発、(2) 予後予測診断の開発という視点から研究に取り組んだ。

ST-RNA の検出感度を 20 倍以上に高めることに成功したが、その技術によっても感染初期の患者血液中に ST-RNA が検出できる症例は少ないことから、「HIV 感染の早期診断」は達成できないことが判明した。一方、「予後予測診断」については、現行法の長い HIV-RNA では検出できない症例からも ST-RNA が検出されることを示し、さらにその発現が免疫不全症状の進行と関連することを見出した。これらのことから、HIV 感染症の予後予測とともに、抗ウイルス剤による治療効果診断に応用できる可能性を示したものとして、高く評価される。

開発目標の一部は達成することは出来なかったが、ST-RNA の生成機構、そのウイルス増殖における意義、それらの疾患における役割などを、今後に重要な意味を持つ検討課題として指摘した価値は高い。改めて基礎的な研究の展開が期待される。

研究は代表者のリーダーシップの下に進められ、ST-RNA の塩基配列解析を行った東京大学 柏グループ、臨床検体を提供し ST-RNA 検出法の臨床応用に向けた研究を担当した東大医科研グループは効果的に連携した。研究体制においても、研究費の視点においても適切であったと評価される。なお、原著論文 1 報と国内特許、海外特許が各 1 件出願された。

ST-RNA を検出・定量することで「HIV 感染症の予後予測診断」を検討しているのは、世界でも研究代表者らのグループだけでありユニークな研究である。今後は積極的に海外で発表し、評価を受けるとともに広い共同研究を目指すことが期待される。2 年間の短い研究期間で解析した現在のデータでは未だ不十分であるものの、これらの可能性は現行法では達成できないものであり、十分な症例数の解析が進むことにより、今後大きな社会的インパクトをもたらすことが期待できる。

主査 吉田 光昭

(公益財団法人がん研究会がん化学療法センター 所長)