

氏名	AYE AYE LWIN
授与した学位	博士
専攻分野の名称	医学
学位授与番号	博甲第 3327 号
学位授与の日付	平成19年3月23日
学位授与の要件	医歯学総合研究科機能再生・再建科学専攻 (学位規則第4条第1項該当)
学位論文題目	Hepatitis C Virus Genotype Distribution in Myanmar: Predominance of Genotype 6 and Existence of New Genotype 6 Subtype (ミャンマー国におけるC型肝炎ウイルスの遺伝子型の分布: 6型が優位であり、新しい6型のサブタイプが存在する)
論文審査委員	教授 加藤 宣之 教授 山田 雅夫 助教授 坂口 孝作

学位論文内容の要旨

This study describes the prevalence and distribution of Hepatitis C virus (HCV) genotypes in Myanmar. A total of 154 anti-HCV antibody-positive serum samples were collected from four different border cities of Myanmar. The overall prevalence of HCV infection in general was 11.6% (154/1333) and regionally, it was 13.5% (47/349), 12.8% (64/501), 4.2% (16/380) and 26.2% (27/103) in northeastern, northwestern, southern and western city, respectively. HCV was genotyped in 145/154 (94.2%) samples by reverse transcriptase polymerase chain reaction, direct DNA sequencing and phylogenetic analysis on the partial core genome. Genotype 6 was the most prevalent genotype in this study [71/145 (49%)], followed by genotype 3 [57/145 (39.3%)], genotype 1 [16/145 (11%)], and genotype 2 [1/145 (0.7%)]. Genotype 6 was mostly found in the northern cities and genotype 3 in the southern and western cities of Myanmar. We successfully characterized multiple HCV genotypes/subtypes as 1a, 1b, 2a, 3a, 3b, 6m, 6n, and a new 6 subtype. Among them, subtype 6n was the most predominant subtype (38.6%), followed by subtype 3b (29.7%), 3a (9.6%), 6m (9%), 1b (6.9%), 1a (4.1%), new 6 subtype (1.4%) and 2a (0.7%). Subtype 6n was more widely distributed in the northern cities whereas subtype 3b in the western city. The newly discovered genotype 6 subtype was from the northern cities. Our study revealed the regional differences of HCV genotype distribution in Myanmar and the distinct geographic variation with other Southeast Asian countries in terms of the existence of the new genotype 6 subtype.

論文審査結果の要旨

本研究では、隣国との国境付近に位置するミャンマーの4地域から採取した計1333例のヒト血清を用いて、C型肝炎ウイルス(HCV)の感染状況およびHCVの遺伝子型を解析した。その結果、154例でHCV特異的抗体が検出され、感染率は4.26%と地域差が認められることがわかった。そのうち145例については、RT-PCRで増幅したcore領域の塩基配列を決定することにより、HCVの遺伝子型を同定した。その結果、6型(49%)と3型(39%)の遺伝子型が主要なものであること、6型の中にも様々なサブタイプが存在していることおよび6型に属する新たなサブタイプが存在することを明らかにした。本研究は、ミャンマーにおけるHCV感染状況および遺伝子型分布を明らかにした点において価値ある業績であると認める。

よって、本研究者は博士(医学)の学位を得る資格があると認める。