

## 論文審査の結果の要旨

|   |                                     |    |                |
|---|-------------------------------------|----|----------------|
| 報告番号  | 博(医歯薬)甲第 576 号                      | 氏名 | Punita Gauchan |
| 学位審査委員  | 主 査 西田 教行<br>副 査 安田 二郎<br>副 査 森田 公一 |    |                |
| 論文審査の結果の要旨  |                                     |    |                |
| <p>1 研究目的の評価</p> <p>本研究は、小児のロタウイルス下痢症の流行メカニズムを解明するため、なぜロタウイルスは同一の血清型の流行が同一地域で繰り返されるのかというウイルス学的・疫学的疑問に焦点をあて、ネパールにおける流行株の遺伝的特性を経時的に明らかにしようとしたもので、目的は十分に妥当である。</p>   |                                     |    |                |
| <p>2 研究手法に関する評価</p> <p>ネパールの主要病院（カンテイ小児病院）において 28 ヶ月間に得られた 539 のロタウイルス陽性検体を材料とし、ウイルスゲノム RNA を分離し、PCR 法およびゲノム泳動パターン解析にて分子生物学的分類を行い、種々の統計学的解析法で解析したもので、研究手法も妥当である。</p>  |                                     |    |                |
| <p>3 解析・考察の評価</p> <p>上記手法で解析した結果、ネパールでは G12P[6]型のロタウイルスが連続して優勢血清型として流行しているが、ゲノムレベルで見ると単一ではなく、ポリアクリルアミドゲル上でのゲノム泳動パターンが異なる遺伝型が 15 種存在し、そのうち 3 株（LP1, LP24, LP27）が優勢株であること、それらが経時的に置き換わっていることを明らかにし、異なる遺伝型が存在することが流行の継続につながっている可能性を見いだしている。今後のロタウイルス感染制御研究への進展が大いに期待される。</p> |                                     |    |                |
| <p>以上のように本論文は小児下痢症、ロタウイルス研究に貢献するところが大きく、審査委員は全員一致で博士（医学）の学位に値するものと判断した。</p>   |                                     |    |                |