



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Identification and characterization of high risk HTLV-1 carriers for HAM development utilizing machine learning-based approach
Author(s)	Rashid, Md Ishtiak
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(生命科学)
Dissertation Number	甲第16687号
Issue Date	2025-12-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.k16687
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/98661
Type	doctoral thesis
File Information	Md_Ishtiak_Rashid_review.pdf, 審査の要旨 https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/



学 位 論 文 審 査 の 要 旨

博士の専攻分野の名称 博士（生命科学） 氏 名 Md Ishtiak Rashid

審査担当者	主査	教 授 中 岡 慎 治
	副査	教 授 藤 原 幸 一
	副査	助 教 山 口 諒

学 位 論 文 題 名

Identification and characterization of high risk HTLV-1 carriers for HAM development utilizing machine learning-based approach

（機械学習アプローチを用いた HAM 発症高リスク HTLV-1 キャリアの同定と特徴解析）

博士学位論文審査等の結果について（報告）

HTLV-1 感染者の一部は HTLV-1 関連脊髄症（HAM）を発症する一方、その多くは無症候性キャリアのままであり、このことが発症リスクの高い HTLV-1 キャリアの特定を困難にしている。本研究は、このような状況下で、機械学習（ML）の枠組みを用いて HTLV-1 プロウイルス量と各種タンパク質（Tax, Env, Gag p15, p19, p24）に対する抗体価を統合し、HAM を発症する可能性が高いハイリスク者を特定し、その特徴を明らかにすることを目的とした。

本研究では、まず異常検知モデルを用いて無症候性キャリアのサンプルを層別化した。次に、キャリア、ATL、HAM の 3 つの臨床サブグループを識別可能な分類モデルを開発・検証し、層別化された異常キャリアサンプルを未知のテストデータとして評価した。その結果、異常とされたキャリアサンプルの大部分（約 76.47%）が HAM として予測され、さらなる統計的・解釈的分析から、これらのサンプルが HAM 発症リスクの上昇を示唆する「HAM 様」の特性を持つことが明らかになった。加えて、他の無症候性キャリア集団においては、免疫応答に著しい不均一性が観察された。特筆すべき点として、本研究で提案された機械学習に基づくアプローチは、HAM のハイリスク特性を特定・評価するための新規かつ洞察に満ちたツールであり、HTLV-1 無症候性キャリアの複雑な免疫動態の包括的な理解を提供するものである。

これを要するに、本研究は探索的かつ仮説生成的なものであり、その知見は予備的なものであるが、機械学習を通じて HAM 発症のハイリスク者を特定し、その免疫学的特徴を明らかにした。本研究は、将来の縦断的研究での検証が待たれる潜在的なバイオマーカーと計算論的戦略を提案するものであり、HTLV-1 感染者の層別化とリスク評価という医学的課題に対し、本アプローチが大きく貢献する可能性を示唆する。

よって著者は、北海道大学博士（生命科学）の学位を授与される資格あるものと認める。