

ID No.314	
研究課題名	ゲノム情報を利用した蚊媒介性疾患制圧のための網羅的発現遺伝子解析
研究代表者	江下 優樹 (大分大学・准教授)
研究組織	
受入教員	中井 謙太 (東京大学医科学研究所)
研究分担者	前田 龍一郎 (帯広畜産大学) 鈴木 穰 (東京大学)
研究報告	
<p>デング熱・デング出血熱は、デングウイルスに感染したシマカ<i>Aedes</i>がヒトを刺咬して発症する疾患である。ワクチンが開発途上のため、ベクター対策は必須である。殺虫剤に代わる新しい策を確立するために、蚊の遺伝子(群)を網羅的に探すことを始めた。RNA-seq法により、デングウイルス感染約2週間後の蚊および未感染蚊を用いて、それら蚊のトランスクリプトーム解析の予備実験を行った。その結果、それぞれから得られた約6000万のショートリードを、蚊のゲノム配列にマップして、既知15,868遺伝子のうち、90%以上の遺伝子が感染蚊と未感染蚊でマップされた。これらのうち、89%の遺伝子は、両蚊に見いだされた。FDR検定を行ったところ、感染蚊の27%の遺伝子の発現量が有意に増加、また12%の遺伝子のそれが有意に減少していた。感染1週間後のデータを既に得ているので、既知のデータとの比較を行えば、さらに、ウイルス感染による蚊遺伝子の増減が鮮明になると推定される。次年度以降は、感染初期のトランスクリプトーム解析を行うことにより、ウイルスと蚊の相互作用がより鮮明になることが推定される。</p> <p>また、前述と同様な方法で、マラリア感染蚊のRNA-seqデータを得た。ガンビアハマダラカ<i>Anopheles gambiae</i>のゲノム配列は公開されているが、使用したハマダラカのゲノム配列が未公開のため、<i>de novo</i>での解析を検討した。そのために、ガンビアハマダラカの既知ゲノム配列に最も近くなるような条件設定を検討して、RNA-seqデータのトランスクリプトーム解析が可能となった。次年度以降に、解析結果を報告する。</p>	