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 研究分担者	中井 謙太 (東京大学医科学研究所・教授) 前田 龍一郎 (帯広畜産大学・教授) Lucky Ronald Runtuwene (大分大学・大学院生) 鈴木 穰 (東京大学大学院・教授)
研究報告書	<p>デング出血熱に対する有効なワクチン・治療薬がないことから、本症発生時の拡大防止には感染蚊の制圧が急務である。流行地での媒介蚊対策は薬剤散布が主である。しかし、頻回の薬剤散布によって耐性蚊が既に現れていることから、革新的な対策の樹立が求められている。</p> <p>本研究では、病原体に感染しない蚊作製の一環として、蚊の感染に伴って拮抗する蚊の自然免疫関連の遺伝子を見つけることであった。次世代シーケンサーで得たウイルス感染蚊と未感染蚊由来のショートリードを、既知の蚊ゲノム上にマップして発現していた遺伝子を特定した。感染蚊と未感染蚊の約93%の遺伝子を既知遺伝子上にマップできた。両蚊の同じ遺伝子について発現量を比較したところ、感染蚊遺伝子の30%が未感染蚊のそれらよりも発現量が増加し、また、15%が減少していた。これらの中から複数の理由で選択した遺伝子の発現量の増減は、リアルタイムRT-PCRの結果とよく一致した。次に同じ蚊種由来の培養細胞にウイルスを感染させると、感染初期に一時的に選択遺伝子の発現量が増加することをウエスタンブロット法で確かめた。さらにその増加に伴って別のウイルス制御関連遺伝子がリン酸化した。現在、この遺伝子の過剰発現あるいはノックアウトによるウイルス制御の有無を検討中であり、新しい蚊コントロールへの応用が示唆される。なお、本研究では、マラリア原虫に感染したハマダラカについても同様な研究を行った。使用したマラリア原虫株では、蚊中腸内のオオシスト数の産生が少なかったことから良質なデータを得ることが出来なかった。しかし、同種のハマダラカのゲノムが未公開であったことから、<i>Anopheles gambiae</i>の既知ゲノム配列を利用した、<i>de novo</i>解析を行う方法を当時としては初めて行う事ができた。</p>