

大規模ゲノム解析による熱帯感染症制圧

(実施期間：平成 20～22 年度)

実施機関：北海道大学（代表者：杉本 千尋）

プロジェクトの概要

マラリア原虫やタイレリア原虫など熱帯・亜熱帯地域で猛威を振う節足動物媒介性原虫について分離株を多数収集し、超高速シーケンサーでゲノムのリシーケンスを行う。SNP (single nucleotide polymorphism) をゲノムワイドに収集し、その情報を利用して DNA マイクロチップを作製し多型を解析する。マラリア原虫では薬剤耐性や感染伝播様式の解析など、タイレリア原虫等では野生動物・牛間での伝播と遺伝子交雑、ワクチン株の選定などに利用する。疾病の正確なモニタリングに基づいた感染対策を策定する。

(1) 評価結果

総合評価	目標達成度	成果	計画・手法の妥当性	実施期間終了後における取組の継続性・発展性
A	a	s	a	a

総合評価：A（所期の計画と同等の取組が行われている）

(2) 評価コメント

本プロジェクトは、熱帯諸国に分布するマラリアやタイレリア症などの節足動物媒介性感染症制圧に資するため、原虫やリケッチア等病原体の大量のゲノム情報及び感染患者から得られるトランスクリプトームを超高速 DNA シーケンス技術により解析し、情報基盤を強化することを目指して実施された。広範な対象に対して解析を実施して成果を得ており、公表された情報基盤がこれら感染症の制圧に向けた研究に有効と期待されることから、所期の計画と同等の取組が行われたと評価できる。本プロジェクトで確立された研究手法に基づく今後の更なる展開が期待できる。

- ・ **目標達成度**：マラリア原虫、タイレリア原虫、リケッチアのゲノム及びトランスクリプトームを解析し、遺伝子多型情報の収集、及びマラリア原虫の発現遺伝子と患者病態との関連の解明等を行った。また、ツェツェバエとハマダラカについて完全長 cDNA クローンライブラリー整備と配列解析を行い、その結果をデータベースとして公開するなど、多方面の研究を予定どおり推進した。
- ・ **成果**：本プロジェクトで得られたゲノム及びトランスクリプトーム情報は、論文や学会での発表も行われており、将来的には予防・診断・治療の目的に利用し得る有用な知識となることが期待できる。関係機関と共同でのワークショップや国際会議が開催され、海外参画機関との交流や連携推進に向けた討議が優れた学術成果につながっており、高く評価できる。

- **計画・手法の妥当性**：多数の機関との連携により多方面の研究を実施し、その成果を会議などにおいて相互に交換して有機的に結び付ける努力がなされており、その計画及び手法は妥当であった。
- **実施期間終了後における継続性・発展性**：今後も札幌で定期的に国際会議を開催し定期的に情報交換を続けるなど、実施期間終了後も継続的な共同研究ネットワークが継続される。また、本事業のアジア・アフリカの研究機関は、熱帯感染症の研究拠点としてそれぞれの国における疾病対策の中心になることが期待されており、継続・発展性の確保が期待できる。