13 Genetic diversity of *Plasmodium falciparum* isolates from wild African malaria mosquitoes.

○Kimani, I.¹⁾, Temu, E. A.¹⁾, Minjas, J. N.²⁾, Kawada, H.¹⁾ and Takagi, M.¹⁾ (1)Institute of Tropical Medicine, Nagasaki University, Japan, 2) Muhimbili University, College of Health Sciences, Dar es Salaam, Tanzania)

Rapid spread of resistance to common and widely used anti-malaria drugs has remained a big challenge to the effective management and control of malaria. Studies of *Plasmodium falciparum* parasites from human isolates, have shown the correlation between mutation at selected genes and the phenotypically resistance to the common drugs used for the treatment of malaria. We attempt to associate the involvement of various malaria vectors species and transmission of parasite carrying mutations associated with drug resistance. This study, determines parasite infection rates in malaria mosquitoes collected from a malaria holoendemic area of Bagamoyo in coastal Tanzania and genotype these parasite for point mutations associated with drug resistance. Among a total of 983 *Anopheles* mosquitoes identified by diagnostic PCR assay, 22.8% were *Anopheles gambiae*, 17.5% *A. arabiensis*, 0.9% *A. merus* and 58.8% *A. funestus*, which are vector species responsible for malaria transmission in the study area. These vectors were analyzed for *P. falciparum* infection using PCR assay and the overall prevalence was 26%. We are currently screening for several mutations of anti-malarial drug resistance such as Chloroquine. The results and implication of these findings will be discussed in relation with epidemiological surveillance and evaluation of new interventions.

15 新規高分子 DEAE-デキストラン共重合体を非ウイルス性遺伝子導入キャリアーとして用いた、培養細胞への外来遺伝子導入

○東原絢子¹⁾, 大西靖彦²⁾, 水野正明³⁾, 吉田 純⁴⁾, 多森直樹¹⁾, Hamady Dieng¹⁾, 加藤幸太郎¹⁾, 岡田貴志¹⁾, 江下優樹¹⁾ (1)大分大・医・感染予防, 2)株・リュージュサイエンス, 3)名古屋大・院・医・遺伝子治療, 4)名古屋大・院・医・脳神経外科).

Transfection of foreign genes into culture cells using novel DEAE-dextran copolymer as a non-viral gene carrier.

Higashihara, J., Onishi, Y., Mizuno, M., Yoshida, J., Tamori, N., Dieng, H., Kato, K., Okada, T. and Eshita, Y.

非ウイルス性遺伝子キャリアーとして、陽イオン性の多糖類である DEAE-デキストラン共重合体 (以後、共重合体と略す) を用いて、培養細胞への外来遺伝子導入を検討した。ルシフェラーゼ遺伝子 DNA (pGL3-Control Vector, プロメガ社) をアフリカ緑ザル腎細胞由来の COS 7 細胞に導入する際に、種々濃度の共重合体および DNA を用いた。処理した細胞は、37℃の CO₂ インキュベーター内で培養後、24~120 時間後まで経時的にルシフェラーゼ量を測定した。なお、測定直前に培養液から血清を除き、Lysis buffer (Glo Lysis buffer, プロメガ社) 処理を行った。その後、細胞内のルシフェラーゼ発光量を LS-PLATEmanager2000 (和光純薬社) で測定した。その結果、共重合体を用いて、COS 7 細胞に外来 DNA を導入することが出来た。また、0~15 μg の共重合体と 0.075 μg の DNA を混合した試験では、共重合体 6 μg まで濃度依存的に発光量が上昇した。しかし、それ以上では平衡または低下傾向が観察された。さらに、0.15 又は 0.3 μg の DNA を用いた同様の実験では、共重合体の量が多い程発光量が高くなる傾向が観察された。次に、Green Fluorescent Protein (GFP) 遺伝子をコードした mariner トランスポゾン DNA を C6/36 蚊培養細胞に導入する予備試験を行った。その結果、処理 24 時間後以降の C6/36 細胞内に GFP 蛍光が観察された。今回用いた新規高分子の共重合体は、哺乳動物由来細胞のみならず、節足動物由来の細胞にも応用可能であることが示唆された。

14 *Aedes albopictus* の中腸トランスクリプトームの解析.

○久富 祐人¹⁾ 佐藤 朝光¹⁾ 岩永 史朗²⁾ 伊澤 晴彦³⁾ 宮田 健¹⁾ 鹿志毛 信広¹⁾ 見明 史雄¹⁾ (1)福岡大学薬学部微生物薬品化学教室, 2)神戸大学農学部生物機能利用科学, 3)国立感染症研究所昆虫医科学部第二室). Exploring the midgut transcriptome of *Aedes albopictus*. Hisatomi, Y., Sato, T., Iwanaga, S., Isawa, H., Miyata, T., Kasige, N., Miyake, N.

Aedes albopictus は、沖縄県から東北地方まで広く分布し、屋内侵入性などの生態学的特徴と病原性ウイルスを広く媒介するなどの生理学的特徴を併せ持つ。これらの特徴は、蚊媒介性の病原性ウイルスが我が国へ侵入する際、その媒介の中心を担う可能性が高いことを示している。

Ae. albopictus が宿主へ吸血し、宿主由来の病原性ウイルスを含む血液が中腸内へ流入し、蚊へウイルスの感染が成立する。そこでは、中腸における病原性ウイルスの感染には、中腸内で発現している様々なタンパク質が、直接、もしくは間接的に関与している。したがって、中腸内で発現しているタンパク質を網羅的に解析することは、病原性ウイルスの媒介メカニズムを解明するための重要な手がかりとなる。

今回、我々は、*Ae. albopictus* の中腸トランスクリプトームを解析するため、屋外で採取し *Ae. albopictus* の中腸を用いて、完全長 cDNA ライブラリーを構築した。次に、約 500 サンプルをランダムに選択し、その遺伝子配列を解析した。決定された遺伝子配列は、BLAST 検索により、既知のタンパク質と高い相同性を持つ遺伝子が複数個存在するタンパク質をコードすることが分かったので報告する。