

マラリア原虫人工染色体を用いた薬剤耐性遺伝子の迅速同定法

岩永 史朗

(医学系研究科 病態解明医学講座 准教授)

キーワード; マラリア・薬剤耐性・人工染色体

用途; 診断技術開発・医薬品開発

企業への期待:

- **診断技術・医薬品の開発にノウハウを持つ企業との共同研究**
- **途上国医療に関心を持ち、長期的な視点で課題に取り組める企業との共同研究**

特許

【発明の名称】

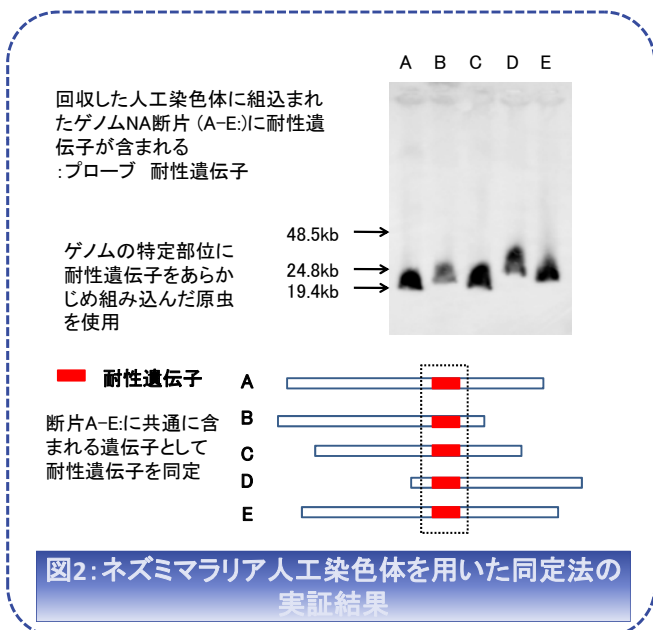
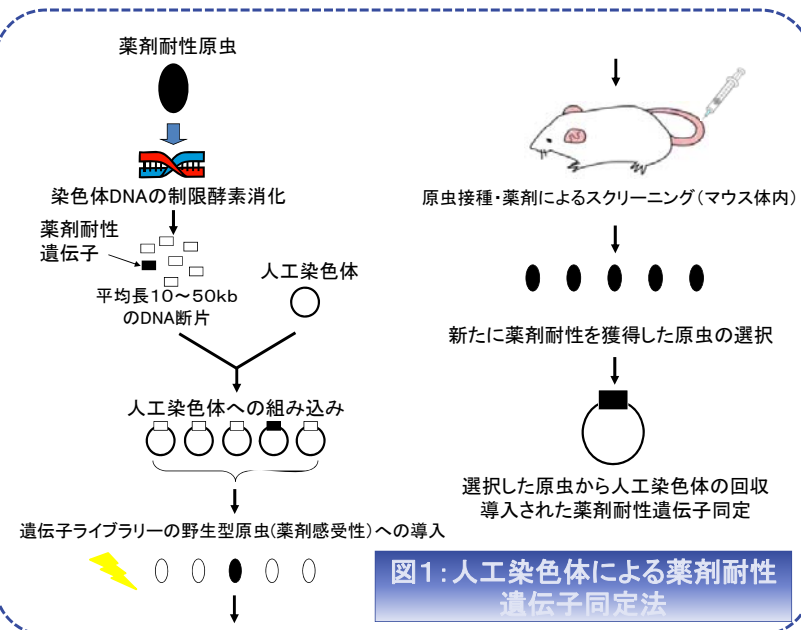
マラリア原虫人工染色体を用いた薬剤耐性遺伝子の迅速同定法 / 特許出願中(未公開)

【従来技術の問題点】

マラリアは年間約3億人の感染者と約100万人の死者を出し、HIV、結核と並ぶ世界3大感染症の一つである。現在薬剤による治療を中心に対策が実施されているが、薬剤耐性原虫の世界的蔓延による治療効果の低下が問題となっている。従来、原虫由来の薬剤耐性遺伝子は薬剤耐性原虫と感受性原虫間で子孫原虫作製し、その連鎖解析により行われてきた。しかしこの手法では多大な労力と時間を要し、耐性遺伝子同定まで約10年の期間を要する。また、実験に必要な子孫原虫の作製にサル・蚊を用いることから実験従事者が感染の危険性にさらされる。上記のような問題点から迅速且つ安全な薬剤耐性遺伝子同定法の開発が望まれている。

【解決手段】

三重大学では独自にマラリア原虫人工染色体を開発し、これを用いてヒトマラリアの感染モデルであるネズミマラリア原虫において人工染色体による遺伝子ライブラリーを用いた新規な薬剤耐性遺伝子同定を開発している(図1参照)。この手法を用いれば数週間で耐性遺伝子を同定することができ、現在WHO並びにフィールドの医師・研究者より必要とされる薬剤耐性遺伝子を分子マーカーとした診断法の開発が可能となる。



- ネズミマラリア原虫人工染色体を用いて新規な薬剤耐性遺伝子同定法を開発した。
- 従来法と比較し、薬剤耐性遺伝子同定までの期間を飛躍的に短縮した。
- 現在、ヒトマラリア原虫において同様の手法の開発を行っている。

連絡先: 知的財産統括室

TEL; 059(231)5495 FAX; 059(231)-9743

E-mail; chizai-mip@crc.mie-u.ac.jp