

厚生労働科学研究費補助金(新型インフルエンザ等新興・再興感染症研究事業)
分担研究報告書

台湾および日本の蚊相の違いと蚊によって媒介される病原体の遺伝的關係：
台湾における 2012 年 2013 年の調査結果

研究分担者	津田良夫	国立感染症研究所
研究協力者	金 京純	鳥取大学農学部
	鄧 華眞	台湾 CDC
	陳 典煌	台湾 CDC

渡り鳥飛来地に生息する疾病媒介蚊に着目して、台湾の水田地帯に接した渡り鳥飛来地で 2012 年と 2013 年に各 2 回の媒介蚊採集を行い、捕獲された成虫から野鳥由来の蚊媒介性病原体である鳥マラリア原虫の検出を行った。2012 年には、13 種類 1,228 個体の蚊成虫を 133 プールに分けて分析した。その結果 DNA シーケンスが異なる 5 つの鳥マラリア原虫の遺伝的系統が検出された。2013 年には、15 種類 5,362 個体 (242 プール) を分析した結果、これまでに 6 種類の遺伝的系統が検出された。鳥マラリア原虫が検出された蚊の種類は、以下の 8 種類であった：カラツイエカ、ハマダライエカ群、ツノフサカ的一种、ネッタイエカ、ムラサキヌマカ、ヨツホシエカ、オオクロヤブカ、サキジロカクイカ。これらの蚊はすべて我が国にも生息する種類である。2012 年と 2013 年に検出された鳥マラリア原虫の遺伝的系統は合計 8 系統で、そのうち 3 系統は 2 年続けて検出されていることから、この調査地で毎年感染がくり返されている可能性が高い。これらの系統はアフリカ大陸北部からユーラシア大陸にかけて広域に分布する系統であることから、長距離移動する渡り鳥によって地理的分布を拡大していることが示唆された。

A. 研究目的

台湾と我が国の疾病媒介蚊や蚊によって媒介される病原体の間には、どのような遺伝的類縁関係があるかを明らかにし、蚊によって媒介される病原体の侵入監視や流行の予測に役立てることを目的として、台湾 CDC との共同研究を行っている。

本研究は渡り鳥飛来地に生息する疾病媒介蚊に着目して、台湾の水田地帯に接した渡り鳥飛来地で 2012 年と 2013 年に各 2 回の媒介蚊採集を行い、捕獲された成虫から野鳥由来

の蚊媒介性病原体である鳥マラリア原虫の検出を行った。鳥マラリア原虫が検出される蚊の種類、検出された鳥マラリア原虫の種類と地理的分布、検出される頻度を比較することによって、渡り鳥による蚊媒介性病原体の持ち込みや侵入・定着の実態について考察した。

B. 研究方法

現地調査：台湾北東部宜蘭県の渡り鳥飛来地（蘇澳，無尾港水鳥保護区）を調査地として疾病媒介蚊の現地調査を行った。調査は渡り鳥が飛来する季節を選び 2012 年ならびに

2013 年の 5 月と 10 月に実施した . 1kg のドライアイスに誘引された成虫を捕獲するためにトラップ 10 台を設置して , 連続した 2 日間採集を行った . 捕獲された成虫は毎日回収し , 台湾 CDC の実験室に持ち帰って種類同定を行った . サンプルはその後の分析のために冷凍で保存し , 2012 年のサンプルは国立感染症研究所昆虫医科学部で , また 2013 年のサンプルは台湾 CDC で分析を行った .

蚊からの病原体の検出 : 捕獲されたコガタアカイエカ成虫サンプルは , 台湾 CDC で日本脳炎ウイルスの分離を試みた . それ以外の成虫サンプルを用いて DNA を抽出し , チトクローム b 遺伝子を増幅して , 鳥マラリア原虫の分子分類を行った .

C. 研究結果

2012 年に実施した 2 回の現地調査で採集し , 鳥マラリア原虫の検出に用いたのは , 13 種 1,228 個体であった . これらの成虫サンプルを種類ごとに 1~10 個体を 1 プールとして合計 133 プールにまとめ分析したところ , 11 個のマラリア原虫陽性プールが得られた (表 1) . 陽性プールが得られた蚊の種類は , カラツイエカ (*Culex bitaeniorhynchus*) , ハマダライエカ (*Culex mimetics* gr.) , クシヒゲカ (*Culex sasai/kyotoensis*) , アシマダラヌマカ (*Mansonia uniformis*) , ネットアイエカ (*Culex quinquefasciatus*) であった . 検出された原虫を DNA シーケンスに基づいて同定した結果 , 5 種類の遺伝的系統が区別された ; *P.tacy7*, *P.rouxi*, *P.elongatum*, Yilan03, Yilan04 . このうち Yilan03 と Yilan04 は新規の系統であった .

2013 年の 2 回の現地調査では , 15 種類 5,362 個体 (242 プール) を採集し , 分析に用いた . その結果 , 17 個の陽性プールが得られた (表

2, 3) . 新たに鳥マラリア原虫陽性サンプルが得られた蚊の種類は , ヨツホシエカ (*Culex sitiens*) , オオクロヤブカ (*Armigeres subalbatus*) , サキジロカクイカ (*Lutzia fuscans*) , ムラサキヌマカ (*Coquillettidia crassipes*) の 4 種類であった . また , 検出された原虫の遺伝的系統は , 6 種類 (*P.gallinaceum*, *P.tacy7*, *P.rouxi*, *P.elongatum*, *P.lutzi*, *P.juxtannucleare*) であった .

D. 考察

本研究で鳥マラリア原虫が検出された以下の 8 種の蚊は , すべて我が国にも生息する種類である : カラツイエカ , ハマダライエカ群 , ツノフサカ (一種) , ネットアイエカ , ムラサキヌマカ , ヨツホシエカ , オオクロヤブカ , サキジロカクイカ . したがって , これらの蚊が鳥マラリア原虫に感染した渡り鳥から吸血する機会さえあれば , 本研究で検出された鳥マラリア原虫系統が我国で流行する可能性があると考えられる . さらに , 鳥マラリア原虫以外の鳥類由来の蚊媒介性病原体をこれらの蚊が受け取る機会があることも示唆されるため , これらの蚊の医学的あるいは獣医学的重要度は比較的高いといえることができるだろう .

2012 年と 2013 年に検出された鳥マラリア原虫の遺伝的系統は合計 8 系統で , そのうち 3 系統 (*P.tacy7*, *P.rouxi*, *P.elongatum*,) は 2 年続けて検出されていることから , この調査地で毎年感染がくり返されている可能性が高い . *P.elongatum* はオーストラリア区と極地方を除く地域に広範囲に分布する種類で , わが国でも蚊から検出されている . *P.rouxi* も全北区 , 東洋区 , エチオピア区に分布する系統で , アフリカでの報告が多い系統である . これら 2 つの系統は , 長距離を移動する渡り鳥によっ

て台湾に持ち込まれ、台湾産の潜在的な媒介蚊によって感染サイクルが確立されたと考えられる。これに対して *P.tacy7* は野外サンプルからの検出報告は限られており、*P.rouxi*, *P.elongatum*, に比べて分布範囲は狭いと思われる。ただし、埼玉県のリリビタキの血液サンプルから報告されているので、少なくとも台湾から日本列島にかけて分布している系統であると思われる。

台湾の蚊から検出された鳥マラリア原虫 8 系統の残りの 5 系統は、いずれも 1 回の調査で 1~3 個の陽性サンプルが得られただけで、それ以外の調査ではまったく検出されていない。したがって、これらの系統は感染した渡り鳥などによってこの調査地に持ち込まれ、そこに生息している蚊が吸血することによって受け取られる機会があるものの、定着するまでに至っていない系統であると思われる。このように、ある地域に持ち込まれているが侵入・定着に成功していないと考えられる系統が実際に蚊から検出されることは、渡り鳥が蚊媒介性病原体の拡散や分布拡大に重要な役割を果たしていることを示唆する結果であると考えられる。

E. 結論

台湾北東部宜蘭県の渡り鳥飛来地（蘇澳，無尾港水鳥保護区）では 15 種の蚊が採集されたが、そのうち以下の 8 種類が鳥マラリア原虫を媒介していると思われる：カラツイエカ，ハマダライエカ群，ツノフサカ的一种，ネッタイエカ，ムラサキヌマカ，ヨツホシエカ，オオクロヤブカ，サキジロカクイカ。これらの蚊サンプルから検出された鳥マラリア原虫には、遺伝的に異なる 8 種類の系統が区別できた。そのうち 3 系統は 2 年続けて検出されていることから、この調査地で毎年感染がくり返されている可能性が高い。

G. 研究発表

1. 論文発表
なし
2. 学会発表
なし

H. 知的所有権の取得状況

1. 特許取得
なし
2. 実用新案登録
なし
3. その他
なし

表 1 台湾北東部の渡り鳥飛来地で 2012 年 5 月, 10 月に採集された蚊からの鳥マラリア原虫の検出結果

採集月	種類	個体数	プール数	検出された原虫の遺伝的系統
5 月	<i>Aedes albopictus</i>	13	2	
	<i>Armigeres subalbatus</i>	162	17	
	<i>Tripteoides bambusa</i>	1	1	
	<i>Culex bitaeniorhynchus</i>	90	9	<i>P. tacy7</i> <i>Plasmodium rouxi</i> ×3
	<i>Coquillettidia crassipes</i>	2	1	
	<i>Mansonia uniformis</i>	11	2	
	<i>Culex murrelli</i>	318	32	Yilan03 <i>Plasmodium rouxi</i> ×2
	<i>Uranotaenia novobscura</i>	1	1	
	<i>Culex pseudovishnui</i>	4	1	
	<i>Culex quinquefasciatus</i>	21	3	
	<i>Culex rubithoracis</i>	5	1	
	<i>Culex sasai/kyotoensis</i>	60	7	<i>Plasmodium elongatum</i> ×2
	<i>Culex tritaeniorhynchus</i>	7	1	
	5 月集計		695	78
10 月	<i>Culex bitaeniorhynchus</i>	39	4	
	<i>Coquillettidia crassipes</i>	169	17	
	<i>Mansonia uniformis</i>	294	30	Yilan04
	<i>Culex orientalis</i>	22	3	
	<i>Culex quinquefasciatus</i>	9	1	<i>P. tacy7</i>
	10 月集計		533	55
総 計		1228	133	

表2 台湾北東部の渡り鳥飛来地で2013年5月20-22日に採集された蚊からの鳥マラリア原虫の検出結果

種類	採集個体数		鳥マラリア原虫の検出			検出された原虫の遺伝的系統
	雌	雄	供試数	プール数	陽性数	
<i>Coquillettidia crassipes</i>	39	0	39	4	2	<i>Plasmodium gallinaceum</i>
<i>Culex sasai/kyotoensis</i>	34	0	34	4	2	<i>Plasmodium elongatum</i>
<i>Culex murrelli</i>	319	0	319	32	2	<i>Plasmodium rouxi</i> , <i>Plasmodium lutzi</i>
<i>Culex bitaeniorhynchus</i>	83	0	83	9	0	
<i>Culex tritaeniorhynchus</i>	191	0	191	20	0	
<i>Armigeres subalbatus</i>	149	0	149	15	0	
<i>Aedes albopictus</i>	26	0	26	3	0	
<i>Culex murrelli</i>	5	0	5	1	0	
<i>Culex malayi</i>	9	0	9	1	0	
<i>Mansonia uniformis</i>	12	0	12	2	0	
<i>Culex nigropunctatus</i>	1	0	1	1	0	
<i>Culex quinquefasciatus</i>	29	0	29	3	0	
<i>Culex annulus</i>	58	0	58	6	0	
<i>Culex sitiens</i>	8	0	8	1	0	

表3 台湾北東部の渡り鳥飛来地で2013年10月7-9日に採集された蚊からの鳥マラリア原虫の検出結果

種類	採集個体数		鳥マラリア原虫の検出			検出された原虫の遺伝的系統
	雌	雄	供試数	プール数	陽性数	
<i>Culex sitiens</i>	866	0	866	87	6	<i>P. tacy7</i> ×4 <i>Plasmodium juxtannucleare</i> ×2
<i>Culex sasai/kyotoensis</i>	15	0	15	2	1	<i>P. tacy7</i>
<i>Culex. murrelli</i>	27	0	27	3	1	<i>P. tacy7</i>
<i>Culex bitaeniorhynchus</i>	12	0	10	1	1	<i>P. tacy7</i>
<i>Armigeres subalbatus</i>	22	0	22	3	1	<i>P. tacy7</i>
<i>Lutzia fuscans</i>	3	0	3	1	1	<i>Plasmodium juxtannucleare</i>
<i>Aedes albopictus</i>	243	0	243	25	0	
<i>Coquillettidia crassipes</i>	105	1	104	11	0	
<i>Culex rubithoracis</i>	6	0	5	1	0	
<i>Culex malayi</i>	14	0	14	2	0	
<i>Mansonia uniformis</i>	14	0	14	2	0	
<i>Culex nigropunctatus</i>	7	0	7	1	0	
<i>Culex quinquefasciatus</i>	2	0	2	1	0	
<i>Culex tritaeniorhynchus</i>	2,564	0				分析中
<i>Culex annulus</i>	499	0				