

令和 6 年 6 月 21 日現在

機関番号：82603

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2020～2023

課題番号：20K07471

研究課題名(和文) 宿主動物の移動と分散から考えるマダニ媒介感染症の発生リスクと発生予測

研究課題名(英文) Risk and prediction of tick-borne diseases based on migration and dispersal of host animals

研究代表者

沢辺 京子 (Sawabe, Kyoko)

国立感染症研究所・昆虫医科学部・主任研究官

研究者番号：10215923

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：ダニ媒介性ウイルスによる極めて重篤な人獣共通新興感染症である重症熱性血小板減少症候群(SFTS)の感染環を推察し、人の健康影響へのリスク評価と発生予測に資する研究である。1)これまでに蓄積したSFTS流行地と近隣の非流行地からの情報に、19都道府県(合計136地域)を加え、景観スケールでマダニの生息環境を評価した。2)マダニSNPs解析用にキャプチャープローブのデザインを行うインフォマティクスパイプラインを開発し、分子同定が難しい種の鑑別が可能になった。3)SFTS浸淫地における2018年度の患者発生数を評価し、複数年の報告数と県レベルよりも詳細な患者情報を用いることで精度が上がると結論した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

SFTSは現在大きな社会問題となっている。我々が開発したRadSeq法、キャプチャープローブ法をマダニのSNPs解析用に改良し、次世代シーケンサーMimiSeqによるSNPs解析を行うことで、マダニの遺伝的背景からその由来を正確に推測することを可能にした。種の分類、ウイルス保有状況、吸血源動物種の特等マダニ情報を加味することで、マダニの移動・分散を正確に把握でき、感染症予防に繋がる精度の高いリスクマップを提供することができる。景観解析等の技術によりマダニと野生動物の移動・分布をリスクマップで示すことで人をマダニの刺咬被害から守り、SFTSの流行拡大を抑止することに貢献する。

研究成果の概要(英文)：This research is designed to infer the transmission cycle of severe febrile thrombocytopenia syndrome (SFTS), a severe emerging zoonotic infection caused by a tick-borne virus, and to contribute to risk assessment and outbreak prediction for human health effects.

1) Information from previously collected SFTS endemic areas, nearby non-endemic areas, and newly collected 19 prefectures (136 areas in total) was used to assess tick habitat at the landscape scale. 2) Developed an informatics pipeline to design capture probes for tick SNP analysis, allowing differentiation of species that are difficult to identify morphologically and molecularly. 3) Evaluated the number of cases in SFTS endemic areas in FY2018, concluding that the use of the number of reports over multiple years and more detailed patient information than at the county level would increase accuracy.

研究分野：衛生動物学

キーワード：マダニ 重症熱性血小板減少症候群 宿主動物 生息環境 リスクマップ キャプチャープローブ パイオインフォマティクスパイプライン

1. 研究開始当初の背景

重症熱性血小板減少症候群（以下、SFTS）は2013年以降、毎年100名前後の患者が発生し、そのうちの6.3%~30%が死亡している致死性の高いダニ媒介性の感染症である。近年では、動物から人への感染例が報告され、対策が難しいマダニが媒介者（ベクター）であることなどもあり、大きな社会問題となっている。国内では、日本紅斑熱やライム病の疫学調査において、ベクターであるマダニの捕獲調査は行われているが、それらは病原体の検出が主な目的であり、マダニの生息環境と病原体の感染環の両者に着目した調査・研究ではなかった。一方、2010年代にSFTSやハートランドウイルス感染症が流行した中国や米国では、患者発生動向、感染源となるマダニの自然界での感染環の形成に貢献する宿主動物を含めた広範囲な研究が開始されたが、日本で実施されたSFTS関連の研究は、患者発生と環境要因との相関に着目したものではなかった。病原体の媒介に関与するベクターの発育、分布域、個体群密度や、その他の環境要因が感染症の流行に影響を及ぼす可能性は高いと推察されるが、それらを裏付ける観測データは十分ではなかった。また、形態のおよびデータベース化されている16S ribosomal RNA領域による鑑別法を用いても、依然として遺伝的背景が不確かな種も複数存在することから、新たな鑑別法の確立が急務であった。

2. 研究の目的

本研究では、マダニ媒介ウイルスによる極めて重篤な人獣共通の新興感染症であるSFTSに注目し、自然界での感染環を推察し、人の健康影響へのリスク評価ならびに発生予測に資することが主な目的である。マダニの生息環境に棲む野生動物が、SFTS等ダニ媒介性病原体の宿主動物になっていることから、マダニと野生動物の両者の情報は不可欠である。そこで、SFTSの流行をマダニの分布と宿主動物、それらの環境要因との相関に着目した調査・研究を計画した。具体的には、地球温暖化や気候変動に伴うマダニとその宿主となる野生動物の分布、ならびにそれらの生息環境の変化との相互関係を解析し、媒介節足動物、その宿主動物、環境要因、患者/病原体情報の4つの要素を包含したリスクマップの作製と発生予測に資するツールを構築する。

3. 研究の方法

我々はこれまでに、地理情報システム（GIS）によりマダニ捕集地の位置情報を整理し、ArcGIS等を用いて植生との相関を検討してきたが、それらは国内に限られた地域から得られた情報に留まり、正確な相関関係を知るには至らなかった。そこで本研究では、さらに多くの地域からの情報の収集と蓄積に努め、国内各地から新たに得たマダニの分布情報を量的・質的に解析することで、マダニの生息環境の予測を行った。次いで、空間解析等の新たな解析技術を用いて、それらの要因を数値化と可視化を試み、媒介動物の分布、生息密度や発生時期など感染症の流行要因を指標にしたリスクマップを試作した。これらの情報を流行予測に発展させるためには、患者情報が不可欠であるため、我々の所属機関で収集・集計している、感染症法により定められた様々な感染症の発生状況を利用することを検討した。すでに登録されているSFTS患者および病原体の情報（患者発生地の環境データや人・マダニから得られるウイルス情報も含む）を有機的に利用し、SFTSの発生リスクを総合的に解析するものである。これらの解析にあたっては、できるだけオープンソースのデータを利用するとともに、環境指標としての利用可能性ならびに有効性も検討した。具体的には以下の3つ課題を実行した。

1) マダニ・野生動物の生息環境の解析

マダニと人との接触が予想される環境で、且つ、シカ・イノシシ等の野生動物の生息密度の高い地域で、調査地一か所につき一人30分間のフランネル法によりマダニを採取した。地域のマダニ相を定量・定性的に評価するとともに、調査地周辺の環境情報をできるだけ収集し記録した。植生図、土地利用図、シカ・イノシシ等の野生動物の分布は、環境省が提供する情報、ならびに先行研究の結果を利用した。

2) マダニの移動分散を評価する遺伝子解析法の開発

我々が独自に開発したネッタイシマカの殺虫剤抵抗性に係るゲノム情報を特異的に収集するためのキャプチャープローブ法 (Itokawa et al., 2019) は、大量のゲノム情報から標的とする領域の情報のみを集めることができる画期的な方法である。同時に開発した RadSeq 法および上述したキャプチャープローブ法をそれぞれマダニの SNPs 解析用に改良し、さらに、次世代シーケンサー MimiSeq を用いてマダニの遺伝的背景からその由来を推測することで、マダニの移動・分散を正確に把握することを可能にした。各調査地で得られるマダニを解析に用いることで、マダニのゲノムデータベースの構築に貢献する。

3) SFTS 患者発生のリスクマップ作製

西日本の SFTS 流行地と非流行地のそれぞれの気候と SFTS 流行のリスクを統計学的解析により明らかにし、SFTS 流行に係る環境要因を推察した。これらの環境要因を指標にして、気候変動とマダニ・宿主動物の分布をキーワードに、温暖化の微細な変化による生態系への影響を的確に把握するモニタリングシステムを構築した。SFTS 発生地それぞれの複数か所の調査地におけるマダニ相、環境要因 (年平均気温、夏季降水量、冬季降水量、海からの距離、積雪日数、TWI (地面の湿り具合)、土地利用要因 (周辺 250m 内の農地、森林、草地、都市の面積) の相関を主成分分析し、野生動物 (シカ・イノシシ・アライグマ等) の出没しやすさ (景観要因)、人との接点 (人口密度) を加味したマダニ出現リスクマップを試作した。本リスクマップは、まず 2018 年度の情報をを用いて試作した。

4. 研究成果

1) マダニ・野生動物の生息環境の解析

これまでに、西日本の SFTS 流行地と近隣の非流行地の位置情報を地理情報システム (GIS) 等で整理し、ArcGIS などの土地利用図を用いてマダニ分布密度との相関関係を景観スケールでマダニの生息環境を評価した。研究開始時点の 2019 年までにマダニ情報が収集されていた地域を図 1A に示した。本研究では、19 都道府県、合計 136 地域 (図 1B) から種々情報を収集した。解析を進める中で、近年の温暖化傾向、周辺環境の変化等で、マダニ相の顕著な相違が認められる地域もあったことから、これまでに調査を行った地域からも追加の情報を得ることになった。実際には、近年の COVID-19 の影響により、マダニ調査は当初の計画通りには遂行できなかったが、解析に必要な SFTS 非感染地域のマダニ・環境情報を中心にできるだけ多くのマダニ情報を収集することを心掛けた。各地域におけるマダニ相を評価すると同時に、周辺環境、保有ウイルスの検出、吸血源動物の推定を順次行い、マダニの生活環を推測した。いずれも現在継続中である。

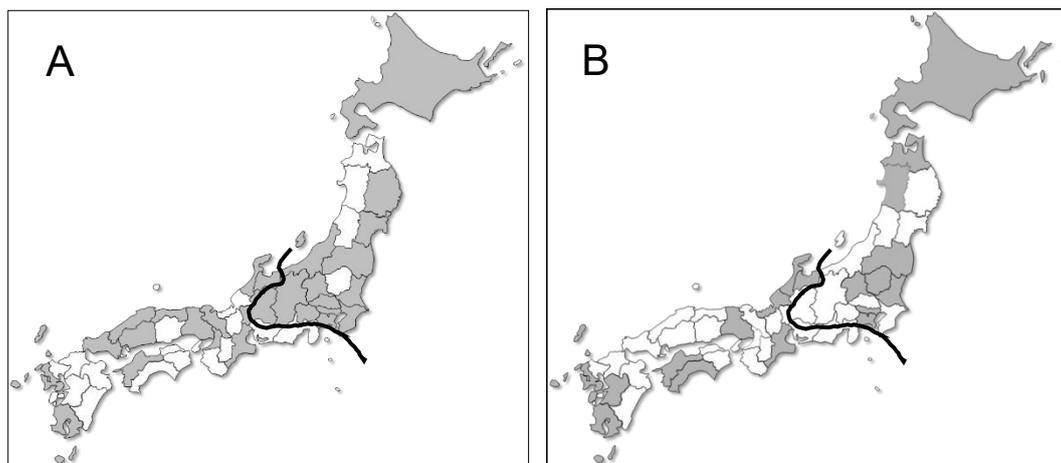


図1 SFTS感染リスクマップの作製に用いたマダニの調査地
A : ~2019年の調査地、B : 2020年以降に追加した調査地
図中の実線以西の地域でSFTSが発生している

2) マダニの移動分散を評価する遺伝子解析法の開発

マダニの中には形態的、ミトコンドリア等の分子バーコーディングだけでは容易に区別がつかない種類が複数存在する。また、従来の方法では同種内の多様性等を詳細に調べることは難しい。そこで、マダニ類の効率的な塩基多型解析法の開発を行った。ゲノム中に高密度に分布する一塩多型 (SNPs) は次世代シーケンサーを用いた解析と相性が良く、集団の構造について詳細な情報が得られる。しかし、マダニ類のゲノムサイズは比較的大きく (>3 Gb)、効率的に解析する手法が必要である。我々は、ハイブリダイゼーションプローブを用いて、特定の遺伝子部分配列を濃縮し、標的領域について多検体を効率的に遺伝子型解析する手法を開発した。これまでに、蚊類のゲノム DNA 情報から広範な種に用いることができる SNP 解析用のキャプチャープローブのデザインを行うインフォマティクスパイプラインを開発したが、マダニ類について、公開されているゲノム情報の収集と整理を行った。次いで、上記パイプラインを改良し、最適なプローブのデザインを行った。プローブの配列として以下の点を考慮した。①単一のプローブセットで複数種の解析を行えるように塩基レベルで種間の保存性が高いこと②遺伝子の喪失が無く異なるマダニ種で安定的に存在する配列であること③ゲノム中に一コピーのみ存在し進化の過程でコピー数の変化が起きていないと考えられる配列であること。

既知のゲノム情報 (*Dermacentor silvarum*, *Ixodes scapularis*, *Haemaphysalis longicornis*, *Amblyomma maculatum*) から 1,400 以上の遺伝子の部分配列を標的としてプローブセットをデザインしたが、異なる種間で保存性が高いため、一つのプローブセットで複数種の解析が可能であることが判明した。このプローブセットをもとに野外で採集されたマダニ類について遺伝子型解析を行った結果、形態的、16S rRNA 領域での分子同定が難しい種類および同種内の生殖型の違いを判別できることが確認できた (図 2A, B)。これにより、ほぼすべてのマダニ種を正確に鑑別することが可能になった。

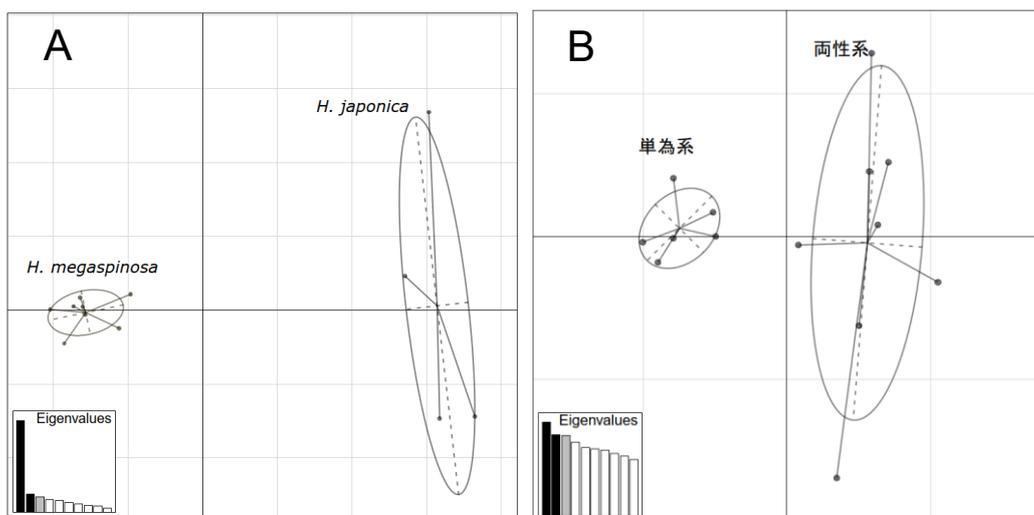


図 2 SNP 遺伝子型解析による集団の遺伝学的判別

A : オオトゲチマダニ *H. megaspinosa* およびヤマトチマダニ *H. japonica*

B : フタトゲチマダニ *H. longicornis* の両性系および単為系

次いで、病原体の感染環、およびマダニの生活史の一端を解明することを目的とし、マダニ類の吸血源同定法の確立を検討した。脊椎動物 12S rRNA 遺伝子を標的としたユニバーサルプライマーを用いて、マダニから抽出したゲノム DNA を増幅し、その増幅産物を tailed-primer 法で次世代シーケンシング (NGS) 用のライブラリを安価に構築するという原理である。本年度は鳥類種の検出を目標に PCR の増幅温度、酵素等の条件を最適化を行った。得られた最適条件の下に野外捕集マダニから抽出された DNA から吸血源動物種の同定を試みた。得られた NGS リードを BLAST 検索によりデータベース上に登録されている脊椎動物の配列と照合し種を同定した。先行研究で用いた RLB 法による判定結果と概ね一致したが、今回開発した NGS ベースの方法では、より詳細な種レベルでの分類が可能であることが明らかになった。

3) SFTS 患者発生のリスクマップ作製

西日本の SFTS 流行地および非流行地のそれぞれの気候と SFTS 流行のリスクを統計学的解析により比較し、SFTS の流行に係る条件付き自己回帰モデル(SAR)による解析を行った。次いで、我々の所属機関が収集・蓄積している SFTS 患者情報を重層し、SFTS 流行を予測する予定である。

先行研究（挑戦的萌芽研究, FY2016-2019）において、マダニの生息環境を景観スケールで評価するために、マダニの種構成と環境要因との関係を解析し、マダニ出現リスクマップを試作することができた。複数の調査地において、2018年度のマダニ相、環境要因（年平均気温、夏季降水量、冬季降水量、海からの距離、積雪日数、TWI（Topographic Wetness Index: 地面の湿り具合）、土地利用 要因（周辺250 m 内の農地、森林、草地、都市の面積）の相関を主成分分析（PCA）で解析した結果、マダニ種ごとの出現傾向には夏季の降水量が最も寄与していることが明らかになった。SFTS 浸淫地（兵庫県T市）をモデルに、野生動物（シカおよびアライグマ）の出没しやすさ（景観要因）と人との接点（人口密度）を考慮したマダニ出現リスクマップによると、谷に農地のある集落の山との辺縁がマダニ出現のリスクが高いと予測された。本研究では、追加した調査地点からの情報を加え、上述したリスクマップの精度評価を行った。現在、実施中である。

次いで、県ごとに公表されているSFTS患者報告数を用いて、その地理分布を調査した。報告地の情報にシカの分布個体数、森林面積、人工林面積、農地、平均気温、年降水量を加えて構築した自己回帰モデルから、患者発生には森林面積とシカ個体数の寄与度が高いことが示唆された。

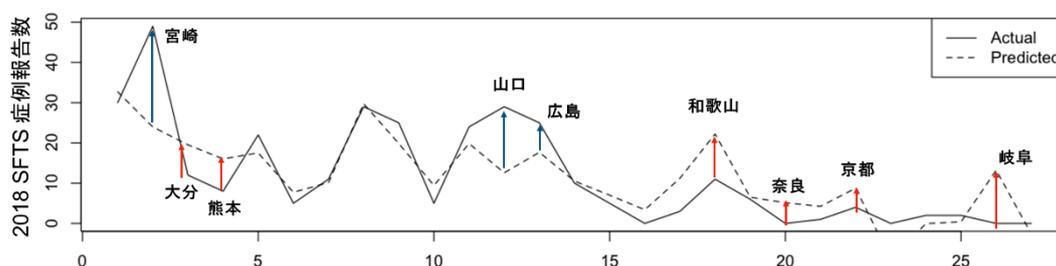


図3 SFTS浸淫地における患者発生数の評価

国内の2018年度のSFTS浸淫地における患者発生数を評価した結果（図3）、実測値が予測値よりも高い県（宮崎、山口、広島県）は、説明変数だけでは説明できない要因が寄与している可能性があると考えられた。他方、予測値が実測値よりも高い県（大分、熊本、和歌山、奈良、京都、岐阜県）では、報告されていない症例の存在、あるいは潜在的な感染リスクが存在することが考えられた。これらの疑問を解決するには、複数年にわたる報告数があれば、状態空間モデルへ展開し、拡大傾向の年推移を推定可であること。都道府県よりも細かな症例報告（推定感染地の情報および患者情報）があれば、空間精度は高まると結論されたことから、所属機関が収集しているNESID情報の利用を検討したが、個人情報保護の観点から、本研究期間中に情報を入手することができなかつた。そこで、急遽、対象を人（患者）からイヌ・ネコ等の愛玩動物に変え、SFTS 推定感染地における感染動物、およびマダニを含む環境情報を収集することにした。現在、感染動物の情報は順次蓄積されてきており、推定感染地周辺での情報が不足している地域においては、マダニ相調査を実施している。これらの情報が入手出来次第、SFTS感染リスクマップを作製する予定である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計5件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 5件/うちオープンアクセス 5件）

1. 著者名 Kobayashi D, Kuwata R, Kimura T, Faizah AN, Higa Y, Hayashi T, Sawabe K, Isawa H	4. 巻 75
2. 論文標題 Kobayashi D, Kuwata R, Kimura T, Faizah AN, Higa Y, Hayashi T, Sawabe K, Isawa H. Detection of quaranjavirus-like sequences from Haemaphysalis hystricis ticks collected in Japan	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Infectious Diseases	6. 最初と最後の頁 195-198
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.7883/yoken.JJID.2021.129	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Kobayashi D., Komatsu N., Faizah A.N., Amoa-Bosompem M., Sawabe K., Isawa H.	4. 巻 292
2. 論文標題 A novel nyavirus lacking matrix and glycoprotein genes from Argas japonicus ticks	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Virus Research	6. 最初と最後の頁 198254
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.virusres.2020.198254	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Toyo virus, a novel member of the Kaisodi group in the genus Uukuvirus (family Phenuiviridae) found in Haemaphysalis formosensis ticks in Japan	4. 巻 166
2. 論文標題 Kobayashi D., Kuwata R., Kimura T., Faizah A.N., Higa Y., Hayashi T., Sawabe K., Isawa H.	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Archives of Virology	6. 最初と最後の頁 2751-2762
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1007/s00705-021-05193-w	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 Kobayashi D., Kuwata R., Kimura T., Faizah A.N., Higa Y., Hayashi T., Sawabe K., Isawa H.	4. 巻 75
2. 論文標題 Detection of quaranjavirus-like sequences from Haemaphysalis hystricis ticks collected in Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Infectious Diseases	6. 最初と最後の頁 195-198
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.7883/yoken.JJID.2021.129	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 Tran N.T.B., Shimoda H., Ishijima K., Yonemitsu K., Minami S., Supriyono, Kuroda Y., Tatemoto K., Mendoza M. V., Kuwata R., Takano A., Muto M., Sawabe K., Isawa H., Hayasaka D., Maeda K.	4. 巻 2
2. 論文標題 Zoonotic infection with Oz virus, a novel thogotovirus	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Emerging Infectious Diseases	6. 最初と最後の頁 436-439
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3201/eid2802.211270	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計17件 (うち招待講演 6件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 谷口ひとみ, 沢辺京子, 糸川健太郎, 小林 (今西) 望, 伊澤晴彦, 比嘉由紀子
2. 発表標題 北陸三県におけるマダニの吸血源動物同定 フタトゲチマダニの吸血嗜好性
3. 学会等名 第75回日本衛生動物学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 犬丸瑞枝, 糸川健太郎, 松村凌, 沢辺京子, 渡辺護, 伊澤晴彦, 比嘉由紀子
2. 発表標題 フタトゲチマダニにおける生殖型の鑑別方法の検討
3. 学会等名 第75回日本衛生動物学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 網干有紗ローズ, 松村凌, 犬丸瑞樹, 沢辺京子, 渡辺護, 小林大介, 糸山亨, 伊澤晴彦
2. 発表標題 兵庫県豊岡市で採集されたフタトゲチマダニの保有ウイルス叢解析
3. 学会等名 第75回日本衛生動物学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 江尻寛子, 林昌宏, 小林大介, 藤田龍介, 室田勝功, 鎌田龍星, 下田宙, 前田健, 木村俊也, 金山敦宏, 加來浩器, 西條政幸, 四宮博人, 澤邊京子, 伊澤晴彦, 葛西真治
2. 発表標題 オズウイルス発見の経緯と今後の衛生昆虫学的課題
3. 学会等名 第6回SFTS研究会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 比嘉由紀子, 小林大介, 沢辺京子
2. 発表標題 北陸3県における吸血節足動物サーベイランス - 分布と 吸血生態、ウイルス保有状況について -
3. 学会等名 第8回自然史研究会 (招待講演)
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 谷口ひとみ, 沢辺京子, 糸川健太郎, 今西 (小林) 望, 伊澤晴彦, 比嘉由紀子
2. 発表標題 北陸三県におけるマダニの吸血源動物種同定の試み
3. 学会等名 第74回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 木村俊也, 鎌田龍星, 南博文, 小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 林利彦, 五十嵐真人, 葛西真治, 澤邊京子
2. 発表標題 SFTS感染ネコの周辺環境におけるマダニ相とウイルス叢の調査並びに植生マダニの駆除とその効力評価
3. 学会等名 第74回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 沢辺京子
2. 発表標題 媒介節足動物の分布と感染症、気候変動との関り
3. 学会等名 第6回気候変動適応中部広域協議会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 沢辺京子
2. 発表標題 気候変動と動物由来感染症
3. 学会等名 第66回生活と環境全国大会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 沢辺京子
2. 発表標題 現在の感染症と最近の衛生害虫について
3. 学会等名 全国環境衛生薬業会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 中尾勝洋，駒形修，沢辺京子
2. 発表標題 森林生態学の視点からマダニ媒介感染症の発生リスクを評価する
3. 学会等名 第74回日本衛生動物学会大会シンポジウム（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 木村俊也, 鎌田龍星, 南博文, 小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 林利彦, 五十嵐真人, 葛西真治, 澤邊京子
2. 発表標題 SFTS感染ネコの周辺環境におけるマダニ相調査ならびに殺虫剤によるマダニ駆除
3. 学会等名 第73回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 糸川健太郎, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 小林大介, 伊澤晴彦, 関塚剛, 黒田誠, 沢辺京子, 葛西真治
2. 発表標題 ナミカ亜科用汎用的SNPs解析プローブの開発
3. 学会等名 第73回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 澤邊京子
2. 発表標題 北海道への侵入が危惧される節足動物媒介感染症とそのベクター - 蚊とマダニの分布状況と防除法の検討 -
3. 学会等名 第37回日本ペストロジー学会シンポジウム (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 木村俊也, 鎌田龍星, 南博文, 小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 林利彦, 五十嵐真人, 葛西真治, 澤邊京子
2. 発表標題 SFTS感染ネコの周辺環境におけるマダニ相調査ならびに殺虫剤によるマダニ駆除
3. 学会等名 第73回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 系川健太郎, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 小林大介, 伊澤晴彦, 関塚剛, 黒田誠, 沢辺京子, 葛西真治
2. 発表標題 ナミカ亜科用汎用的SNPs解析プローブの開発
3. 学会等名 第73回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 木村俊也, 鎌田龍星, 南博文, 小林大介, 伊澤晴彦, 前川芳秀, 比嘉由紀子, 林利彦, 葛西真治, 沢辺京子
2. 発表標題 SFTS感染ネコの周辺環境におけるマダニ相およびSFTSウイルス調査
3. 学会等名 第72回日本衛生動物学会大会
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計2件

1. 著者名 高崎智彦, 小林睦生, 駒形修, 他	4. 発行年 2022年
2. 出版社 丸善出版	5. 総ページ数 538
3. 書名 環境年表 2021-2022	

1. 著者名 澤邊京子, 駒形修, 他	4. 発行年 2022年
2. 出版社 国立研究開発法人国立環境研究所気候変動適応センター	5. 総ページ数 97
3. 書名 インフォグラフィックで見る「気候変動の影響と適応策」	

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	駒形 修 (Komagata Osamu) (20435712)	国立感染症研究所・昆虫医科学部・室長 (82603)	
研究分担者	糸川 健太郎 (Itokawa Kentaro) (70769992)	国立感染症研究所・薬剤耐性研究センター・主任研究官 (82603)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関