

令和 6 年 5 月 17 日現在

機関番号：10101

研究種目：若手研究

研究期間：2020～2023

課題番号：20K15674

研究課題名（和文）生息環境および繁殖形態がフタトゲチマダニの集団構造に与える影響の解明

研究課題名（英文）Elucidation of the influence of habitat environment and reproductive phenotype on the population structure of *Haemaphysalis longicornis*

研究代表者

尾針 由真（Ohari, Yuma）

北海道大学・人獣共通感染症国際共同研究所・助教

研究者番号：00847056

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,300,000円

研究成果の概要（和文）：生息環境や繁殖形態がフタトゲチマダニ *Haemaphysalis longicornis* の分布に与える影響を明らかにするために、ミトコンドリアゲノムおよび核DNAの1塩基多型を用いて個体群間の遺伝子特徴を比較した。日本各地とオセアニア諸国で採集された個体および繁殖系統が判明している個体について解析を行った結果、日本とオセアニアの個体群間で遺伝的な隔離が見られたが、繁殖形態による遺伝的違いは認められなかった。これらのことから、日本国内のフタトゲチマダニの集団構造は集団構造が均一化している可能性が考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

フタトゲチマダニはウイルスなどの病原体を媒介するため、公衆衛生上の観点からその分布の大きさや移動経路について明らかにする必要がある。本研究ではこれまで実施されていた解析に加えて、より詳細な解析が可能な手法を用いて個体群間の遺伝的関係を調べた。その結果、これまでの手法では識別できなかった個体群を識別でき、日本とオセアニア諸国の間で遺伝的違いが見られた。

研究成果の概要（英文）：The genetic characteristics based on the mitochondrial genome (mitogenome) and genome-wide SNPs were compared among populations of *Haemaphysalis longicornis* to elucidate the influence of habitat and reproductive phenotypes. The ticks collected from the natural environment in Japan and Oceania, as well as some laboratory-maintained strains with known reproductive phenotypes, were employed in these analyses. The population separation between Japan and Oceania was clearly demonstrated based on the population genetic analyses using SNPs. Furthermore, there was no genetic segregation between reproductive phenotypes based on either genetic levels. These findings suggest that the population structure of *Haemaphysalis longicornis* in Japan is homogeneous among localities.

研究分野：寄生虫学

キーワード：フタトゲチマダニ ミトゲノム ゲノムワイドSNP 集団構造

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

マダニ科の吸血性マダニ類は、原虫、細菌およびウイルスといった多様な病原体を媒介することでマダニ媒介性感染症 (Tick-borne disease: TBD) を引き起こし、動物のみならずヒトへも重篤な健康被害を与える。近年、日本を含む東アジアおよびオセアニアの一部を原産とし、TBD 媒介性マダニ類の主要な 1 種であるフタトゲチマダニ *Haemaphysalis longicornis* の家畜寄生が米国においても報告され、外来種としてその分布拡大が懸念されている (Rainey et al., 2018; Raghavan et al., 2019)。非原産国における TBD 媒介性マダニ類の新規導入は、TBD の感染拡大に密接に関係しているため、導入後マダニ類の分布が広がるプロセスを可能な限り予測する必要はある。

フタトゲチマダニの集団構造は、原産諸国でも明らかになっておらず、今後米国のように外来種としてマダニ類が新たに侵入した際に、その分布拡大のプロセスを推定するために世界中で応用できる集団構造のスタンダードモデルが必要となる。マダニ類は自然環境下に生息する野生動物だけでなく、人為的環境下に生息する愛玩動物や家畜およびヒトにも寄生することや、特にフタトゲチマダニでは両性生殖により次世代を産生する 2 倍体系統 (2n) と雌性単為生殖により産卵する 3 倍体系統 (3n) が確認されていることから (Oliver et al., 1973) 生息環境や繁殖形態の影響により集団構造および推定される分布拡大プロセスのパターンが多岐にわたる可能性がある。

2. 研究の目的

本研究では、マダニ類の分布拡大プロセスを推定するスタンダードモデルを提唱するため、マダニ類の集団構造は宿主の生息環境や繁殖形態の影響を受けているのか明らかにするために、分子系統学的および集団遺伝学的解析を用いて日本におけるフタトゲチマダニの集団構造を明らかにすることを目的としている。

3. 研究の方法

日本各地で採集されたフタトゲチマダニおよび実験室内で継代維持され繁殖形態が明らかになっている系統から得られた個体について、全ミトコンドリア DNA (ミトゲノム) およびゲノムワイド SNP を用いた分子系統解析および集団遺伝学的な解析を行なった。また解析には、オセアニア諸国で採集された個体も含めた。

4. 研究成果

ミトゲノムのハプロタイプを用いた分子系統解析を行なった結果、日本産フタトゲチマダニは大きく 2 つのクレードに別れたが、国内集団の地理的な分断の傾向は見られなかった。またオセアニア産の個体は、上記の 2 つのクレードのうちの 1 つにサブクレードを形成し、一部の個体は日本産と同じハプロタイプを示した (図 1)。また、両性生殖と単為生殖系統は異なるクレードに属したものの、単為生殖が含まれるクレードにオス個体が含まれていた。

またゲノムワイド SNP を用いた集団遺伝学的解析では、一部のオセアニア産個体で明確なクラスターが形成され、日本産と比較して遺伝的な違いが見られた。ミトゲノムで見られたクレード間の明確な分岐は見られなかった。

これらのことから、フタトゲチマダニの集団構造は、従来用いられていたミトコンドリア DNA による分子系統解析のみでは不明確な点が多く、ゲノムワイド SNP を用いることでより詳細な集団構造を明らかにすることができることがわかった。また、これまでフタトゲチマダニの繁殖

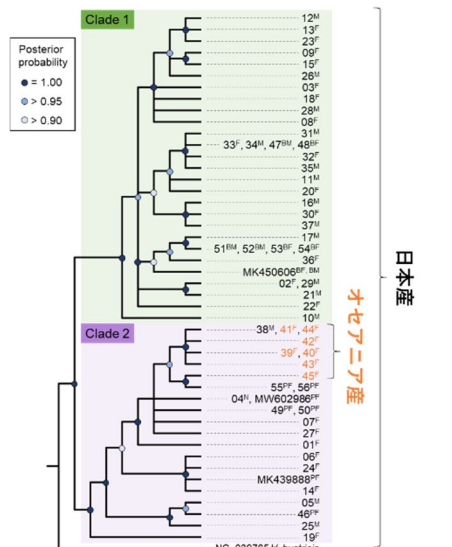


図1. フタトゲチマダニのミトゲノムを用いた分子系統樹 (CDS: 10,740 bp)
F: メス、M: オス、B: 両性生殖系統、P: 単為生殖系統、N: 若ダニ

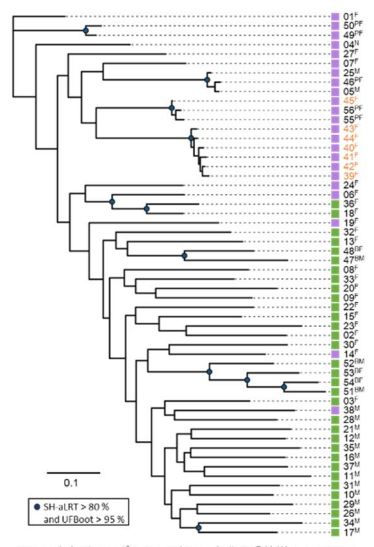


図2. フタトゲチマダニのSNPを用いた分子系統樹 (1,146 SNPs)
F: メス、M: オス、B: 両性生殖系統、P: 単為生殖系統、N: 若ダニ
四角の色はミトゲノムによる分子系統樹のクレードを示す。

形態はミトコンドリア DNA の塩基配列を用いた分子系統解析により識別できるとされていたが、単為生殖系統を含むクレードにオス個体が含まれていたことから、遺伝的な特徴を用いた繁殖形態の識別は困難である可能性が示唆された。今後、フタトゲチマダニの集団構造の全貌を明らかにするうえで従来法による解析だけでは不十分であり、フタトゲチマダニの全ゲノム解析などが必要になってくる可能性が考えられる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計2件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 大杉祐生、丹羽志萌、片田雪、田谷友里恵、中尾亮、尾針由真、浅川満彦
2. 発表標題 北海道アポイ岳の登山道におけるオオトゲチマダニHaemaphysalis megaspinosaeの遺伝的多様性と集団構造
3. 学会等名 第92回日本寄生虫学会大会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 尾針由真、草木迫浩大、白藤 (梅宮) 梨可、Wessam Mohamed Ahmed Mohamed、Mohamed Abdallah Mohamed Moustafa、Elisha Chatanga、松野啓太、Stephen Barker、野中成晃、中尾 亮
2. 発表標題 ミトゲノムおよびゲノムワイド塩基多型を用いたフタトゲチマダニの分子遺伝学的解析
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔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
---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------