

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 4 年 6 月 17 日現在

機関番号：10101

研究種目：挑戦的研究（萌芽）

研究期間：2020～2021

課題番号：20K21358

研究課題名（和文）選択的ゲノム増幅法による節足動物ミトゲノム解析基盤の構築

研究課題名（英文）Selective whole genome amplification for mitogenome analysis of disease vectors

研究代表者

中尾 亮（Nakao, Ryo）

北海道大学・獣医学研究院・准教授

研究者番号：50633955

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 4,900,000円

研究成果の概要（和文）：マダニなどの節足動物の遺伝子情報を体系的に整備するため、ミトコンドリアゲノム（ミトゲノム）配列の効率的な解読法を開発した。異なるマダニ種間で共通に見られるミトゲノム配列に対して特異的プライマーを設計し、鎖置換型DNA合成酵素（phi29）を用いたゲノム増幅反応に添加することで、選択的ミトゲノム増幅系を構築した。本技術により、ミトゲノム由来の配列を千倍以上に濃縮することが可能となり、ミトゲノム解読が簡便かつ安価に実施できることとなった。さらに、確立された技術を多数のマダニ種のミトゲノム解析に応用し、得られたミトゲノム配列をデータベース上に公開した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

開発した選択的ミトゲノム増幅技術により、簡便かつ安価にマダニのミトゲノム情報を取得することができることとなった。このことにより、世界中でマダニのミトゲノムの解読が進み、マダニの系統進化、集団遺伝構造を理解するための遺伝子情報の集積が期待できる。また、得られたゲノム情報を活用することで、精度の高いマダニの遺伝子同定技術の開発が可能となり、マダニが媒介する感染症の対策に貢献できる。また、本研究で確立した手法は、他の生物群にも応用可能であり、生物を対象とした広い研究分野への波及効果が期待できる。

研究成果の概要（英文）：The purpose of this study was to develop a method to sequence complete mitochondrial genomes (mitogenomes) of ticks by using a selective whole genome amplification (SWGA) method. The tick mitogenome-specific primers were selected based on the alignment of tick mitogenome sequences available in the public database. The tick DNA was incubated with specific primers and phi29 DNA polymerase and the resulting products were sequenced on a MiSeq platform. The results indicated that SWGA could increase the relative abundance of mitochondrial DNA by more than 10,000 folds in comparison to chromosomal DNA. The developed method enables us to sequence complete tick mitogenomes in an easy and low-cost way. We proved that the method is applicable to many tick species, of which mitogenome sequences have not yet been reported.

研究分野：寄生虫学

キーワード：選択的ゲノム増幅法 節足動物 マダニ ミトゲノム SWGA

1. 研究開始当初の背景

節足動物は動物界で最大の動物門であり、多様な動物種が地球上に生息する。生存や繁殖のため、人や動物の血液を必要とする節足動物種も存在し、それらは吸血の際に様々な病原体を人や動物に伝播するベクターとして知られている。

近年の塩基配列解読技術の発展により、身近な動植物のゲノム解析が展開されている。しかしながら、節足動物種のゲノムは一般的に大きく、モデル昆虫や農業害虫、病原体媒介ベクター種などの一部を除いては遺伝情報の集積が進んでいないのが現状である。

マダニは吸血性節足動物であり、地球上のほぼ全ての地域に生息し、世界で約 900 種が記載されている。一部の種は吸血の際に人や動物にウイルス、細菌、原虫等の病原体を伝播することが知られている。その公衆衛生学および家畜衛生上の重要性のため、一部の病原体媒介マダニ種についてはゲノム解析プロジェクトによりドラフトゲノムが解読されている。しかしながら、マダニのゲノムは約 2~7 Gb と大きく、解析には多くの労力と費用を要する。さらに、膨大なゲノム情報を活用するためには技術的障壁も多いため、マダニの遺伝情報を体系的に整備するための新たな仕組みが必要であった。

2. 研究の目的

本研究では、節足動物の遺伝情報を体系的に整備する目的として、ミトコンドリアゲノム(ミトゲノム)に着目した。ミトコンドリアはほとんど全ての真核生物が保有し、母性遺伝して子孫に受け継がれる。ミトゲノムは核ゲノムに比べて小さく、塩基置換速度が速いため、近縁な生物種の間でも配列間に差異が生じる。ミトゲノムの全長配列情報を利用することで、高い解像度で生物種の DNA バーコーディングが可能となる。しかし、既存のミトゲノム取得法では、核ゲノム由来の塩基配列に大部分(99.9%以上)のシーケンスデータが消費され、多大なコストと労力が必要となることが問題であった。そこで、ミトゲノム由来の核酸を選択的に増幅する系を確立し、簡便なミトゲノム解読法の開発を第一の目的とした。また、確立した手法を用い、マダニの集団遺伝学的解析に応用することを第二の目的とした。

3. 研究の方法

【解析サンプル】

マダニは国内外のフィールドにおいて、植生および家畜から採集した。実体顕微鏡を用いた種同定の後、市販キットを用いて DNA を抽出した。一部のマダニ種においては、形態的特徴を撮影した。これらに加え、共同研究者より種同定済みマダニから抽出した DNA を解析に用いた。

【プライマーの選定】

多様なマダニ種で共通して使用することができるプライマーの設計を目的として、*Amblyomma sculptum* (NC_032369)、*Dermacentor nitens* (NC_023349)、*Ixodes pavlovskyi* (NC_023831)、*Ornithodoros moubata* (NC_004357) のミトゲノム全長配列をもとに、8~12 塩基長のプライマー候補配列を得た。次に、それぞれの候補配列の T_m 値を算出し、18 以上 30 以下のプライマー候補配列のみを選抜した。これらの候補について、マダニミトゲノム 101 配列に対して両相補鎖のいずれかに相同部位を持つプライマー候補配列を選抜した。さらに *PerI* で *Ixodes persulcatus* のミトゲノム配列と、NCBI より得た *I. persulcatus* に近縁な *Ixodes scapularis* のドラフトゲノム配列(NZ_ABJB000000000.1)に対して相同部位の数を算出するプログラムを構築した。これを選抜済みプライマー候補配列に対して実行した。ミトコンドリアゲノムと相同部位数を複数持つプライマー候補配列のなかでも、核ゲノムとの相同部位数に対するミトコンドリアゲノムとの相同部位数の比がより高いものを中心に、合計 3 つのプライマーセットを選定した。プライマーは 3' 末端側の 2 箇所のホスホジエステル結合をホスホロチエート結合へと修飾したものを SWGA 反応に用いた。

【SWGA 反応】

マダニ DNA に phi29 DNA ポリメラーゼ、BSA、酵素付属バッファー、dNTPs、プライマーセットを加え混合した。混合液を SimpliAmp Thermal Cycler を用いて、35 から 30 まで 1 時間ランブダダウンしたのち、30 で 16 時間反応させ、65 で 10 分インキュベーションし酵素を不活化させた。得られた反応液は Agencourt AMPure XP を用いて精製し、Qubit 3.0 Fluorometer で DNA 濃度を測定した。

【MiSeq による解読とデータ解析】

SWG A 処理産物および非処理産物を用いて Nextera DNA Library Preparation Kit (Illumina) によりシーケンスライブラリを調製した。ライブラリーは Agilent 2100 BioAnalyzer (Agilent) を用いた蛍光定量法によって濃度を測定した。この濃度を元に、ライブラリーを DDW で希釈し 4 nM に調製した。調製したライブラリーを一本鎖に変性させ、氷冷した HT1 バッファを加え、12 pM の変性済みライブラリーを得た。ライブラリー混合液を Illumina MiSeq を用いたシーケンスに供した。MiSeq から取得した Fastq ファイルを CLC Genomics Workbench (Qiagen) にインポートし、Trim sequences ツールにより、低クオリティ配列を除去した。既知のミトゲノム全長配列を参照配列としたリファレンスマッピング、または *de novo* アセンブリによりミトゲノム情報を構築した。アノテーションには、MiTOS WebServer を使用した。

4. 研究成果

【SWG A によるミトゲノム増幅効率の検証】

国内で野外採集された 5 種のマダニ(*Dermacentor bellulus*, *Haemaphysalis japonica*, *Ixodes ovatus*, *Amblyomma testudinarium*, *Argas japonica*) および実験室維持マダニ 1 種 (*O. moubata*) から抽出した DNA を用い、各 SWG A プライマーセットの増幅効率を比較した。SWG A 未処理サンプルにおいては、MiSeq から得られた全リードのうち、約 0.01~0.21% がミトゲノム由来配列として検出された (表 1)。一方で、SWG A 処理により、全リードに占めるミトゲノムリードの割合が格段に増えることが明らかとなった。特に、*O. moubata* においてはいずれのプライマーセットを用いた場合も、全体の 8 割以上のリードがミトゲノムに由来する結果となった。

プライマーセット 1 を用いた場合、*D. bellulus* と *I. ovatus* では今回取得したデータ量では完全長ミトゲノムを構築することができなかった。同様に、プライマーセット 2 では *I. ovatus* において、100 倍程度のミトゲノム濃縮がみられたものの、今回取得したデータ量は完全長の解読に十分ではなかった。一方で、その他の組み合わせにおいては、完全長ミトゲノム配列を構築することができた。

仮に解析対象のマダニ種のミトゲノム配列長を 1.5 kb とし、深度 × 100 倍でのデータ取得を目指した場合、SWG A によりミトゲノムリードの割合を 10% まで高めることで、1 サンプルあたり 1.5 Mb 程度のデータ量で完全長配列が構築できる計算となる。このことから、開発した手法により多検体のミトゲノムを安価に解読できることが示された。

表 1. SWG A によるミトゲノム増幅効率の比較結果

Species (ID)	ミトゲノム由来リードの割合 (%)
<i>Dermacentor bellulus</i> (ID:133)	
SWG A primer 1	0.39
SWG A primer 2	29.23
SWG A primer 3	7.27
SWG A 未処理	0.01
<i>Haemaphysalis japonica</i> (ID:289)	
SWG A primer 1	39.35
SWG A primer 2	33.7
SWG A primer 3	37.89
SWG A 未処理	0.04
<i>Ixodes ovatus</i> (ID:448)	
SWG A primer 1	2.4
SWG A primer 2	3.38
SWG A primer 3	24.47
SWG A 未処理	0.03
<i>Amblyomma testudinarium</i>	
SWG A primer 1	57.99
SWG A primer 2	87.11
SWG A primer 3	57.86
SWG A 未処理	0.02
<i>Argas japonica</i> (ID:S36)	
SWG A primer 1	92.1
SWG A primer 2	86.45
SWG A primer 3	91.63
SWG A 未処理	NA
<i>Ornithodoros moubata</i> (ID:S57)	
SWG A primer 1	83.46
SWG A primer 2	96.06
SWG A primer 3	89.06
SWG A 未処理	0.21

NA, 未解析

【キラマダニ属マダニの集団遺伝構造の解析】

Amblyomma variegatum はアフリカに分布するキラマダニ属マダニであり、人のアフリカダニ熱 (*Rickettsia africae* による) や家畜の心水症 (*Ehrlichia ruminantium* による) のベクターである。特に、*R. africae* は、*A. variegatum* において高率に検出されることから、卵へ垂直伝播することが示唆されている。本研究では、ウガンダおよびマラウイで採集

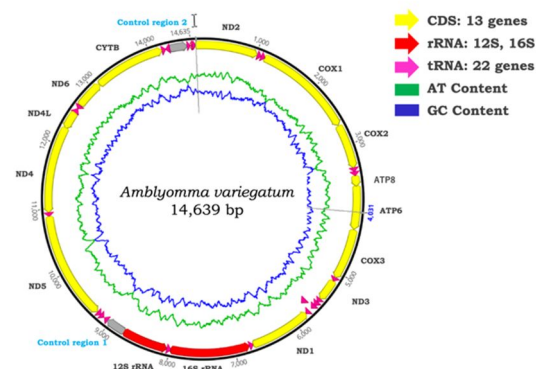


図 1. *Amblyomma variegatum* のミトゲノム

した *A. variegatum* 41 個体からミトゲノム配列を取得し集団遺伝構造を解析した。また、それぞれのマダニが保有する *R. africae* について、*ompA* 遺伝子および *gltA* 遺伝子を増幅し、遺伝子型別をおこなった。

まず、本研究により初めて *A. variegatum* のミトゲノムが解読された。標準株 (ID : UG-T1B) では全長 14,639 bp で 2 箇所の Tick-Box モチーフを持ち、遺伝子の整列順は *Metastricata* のダニ間で保存されたものであった (図 1)。

次に、ウガンダとマラウイ由来の 41 個体について、ミトゲノムからタンパク質コード遺伝子を抜き出し、Maximum clade credibility (MCC) 系統樹を作成した。その結果、ほとんどの株では同じ由来国の他の株と同一のクレードに配置された (図 2)。しかしながら、一部のクレードはウガンダとマラウイの両方の株で構成されていた。このことは、集団間の移入がまれに起こりうることを示唆している。

最後に、*A. variegatum* が保有する *R. africae* の遺伝子型別を実施し、*A. variegatum* との関係性を解析した。その結果、*R. africae* の遺伝子型はマダニのミトコンドリア遺伝子型と概ね一致する形で系統分岐がみられたものの (図 3)、完全に一致することはなかったことから、*R. africae* は垂直伝播だけでなく、家畜等を介した水平伝播により宿主転換する可能性が示された。

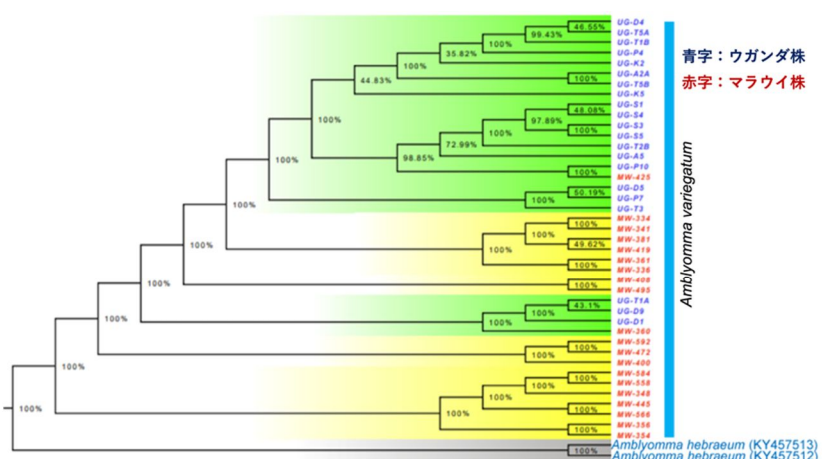


図 2. ウガンダおよびマラウイ由来マダニ株のMCC系統樹

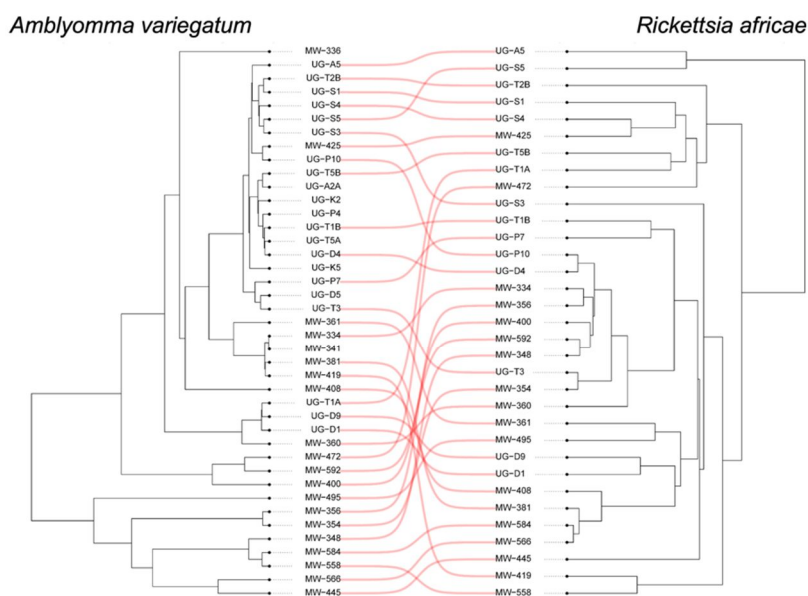


図 3. マダニとリケッチアの分岐図の比較

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計14件（うち査読付論文 14件／うち国際共著 14件／うちオープンアクセス 9件）

1. 著者名 Qiu Yongjin, Simuunza Martin, Kajihara Masahiro, Chambaro Herman, Harima Hayato, Eto Yoshiki, Simulundu Edgar, Squarre David, Torii Shiho, Takada Ayato, Hang ' ombe Bernard Mudenda, Sawa Hirofumi, Sugimoto Chihiro, Nakao Ryo	4. 巻 12
2. 論文標題 Screening of tick-borne pathogens in argasid ticks in Zambia: Expansion of the geographic distribution of Rickettsia lusitaniae and Rickettsia hoogstraalii and detection of putative novel Anaplasma species	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Ticks and Tick-borne Diseases	6. 最初と最後の頁 101720 ~ 101720
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1016/j.ttbdis.2021.101720	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Taya Yurie, Kinoshita Gohta, Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Moustafa Mohamed Abdallah Mohamed, Ogata Shohei, Chatanga Elisha, Ohari Yuma, Kusakisako Kodai, Matsuno Keita, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 9
2. 論文標題 Applications of Blocker Nucleic Acids and Non-Metazoan PCR Improves the Discovery of the Eukaryotic Microbiome in Ticks	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microorganisms	6. 最初と最後の頁 1051 ~ 1051
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/microorganisms9051051	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 Toshiya, Chatanga Elisha, Qiu Yongjin, Simuunza Martin, Kajihara Masahiro, Hang ' ombe Bernard Mudenda, Eto Yoshiki, Saasa Ngonda, Mori-Kajihara Akina, Simulundu Edgar, Takada Ayato, Sawa Hirofumi, Katakura Ken, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 10
2. 論文標題 Molecular Detection and Genotyping of Coxiella-Like Endosymbionts in Ticks Collected from Animals and Vegetation in Zambia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 779 ~ 779
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/pathogens10060779	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 Ogata Shohei, Pereira Juan Antonio Cristian, Jhony Loza Vega Ariel, Carolina Herbas Perez Gladys, Matsuno Keita, Orba Yasuko, Sawa Hirofumi, Kawamori Fumihiko, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 8
2. 論文標題 Molecular Survey of Babesia and Anaplasma Infection in Cattle in Bolivia	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Veterinary Sciences	6. 最初と最後の頁 188 ~ 188
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/vetsci8090188	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 Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Moustafa Mohamed Abdallah Mohamed, Kelava Samuel, Barker Dayana, Matsuno Keita, Nonaka Nariaki, Shao Renfu, Mans Ben J., Barker Stephen C., Nakao Ryo	4. 巻 13
2. 論文標題 Reconstruction of mitochondrial genomes from raw sequencing data provides insights on the phylogeny of Ixodes ticks and cautions for species misidentification	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Ticks and Tick-borne Diseases	6. 最初と最後の頁 101832 ~ 101832
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ttbdis.2021.101832	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Barker Dayana, Kelava Samuel, Shao Renfu, Seeman Owen D., Jones Malcolm K., Nakao Ryo, Barker Stephen C., Apanaskevich Dmitry A.	4. 巻 15
2. 論文標題 Description of the female, nymph and larva and mitochondrial genome, and redescription of the male of Ixodes barkeri Barker, 2019 (Acari: Ixodidae), from the short-beaked echidna, Tachyglossus aculeatus, with a consideration of the most suitable subgenus for this tick	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Parasites & Vectors	6. 最初と最後の頁 117
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s13071-022-05165-2	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 Chatanga Elisha, Maganga Emmanuel, Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Ogata Shohei, Pandey Gita Sadaula, Abdelbaset Abdelbaset Eweda, Hayashida Kyoko, Sugimoto Chihiro, Katakura Ken, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 231
2. 論文標題 High infection rate of tick-borne protozoan and rickettsial pathogens of cattle in Malawi and the development of a multiplex PCR for Babesia and Theileria species identification	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Acta Tropica	6. 最初と最後の頁 106413 ~ 106413
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.actatropica.2022.106413	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Barker Dayana, Kelava Samuel, Seeman Owen D., Shao Renfu, Seaniger James R., Jones Malcolm K., Apanaskevich Maria A., Nakao Ryo, Apanaskevich Dmitry A., Barker Stephen C.	4. 巻 18
2. 論文標題 Rediscovery of Ixodes confusus in Australia with the first description of the male from Australia, a redescription of the female and the mitochondrial (mt) genomes of five species of Ixodes	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife	6. 最初と最後の頁 1~11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.ijppaw.2022.03.006	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 Chatanga Elisha, Kainga Henson, Razemba Tinotenda, Ssuna Richard, Swennen Lieza, Hayashida Kyoko, Sugimoto Chihiro, Katakura Ken, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 120
2. 論文標題 Molecular detection and characterization of tick-borne hemoparasites and Anaplasmatataceae in dogs in major cities of Malawi	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Parasitology Research	6. 最初と最後の頁 267~276
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s00436-020-06967-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Ogata Shohei, Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Kusakisako Kodai, Thu May June, Qiu Yongjin, Moustafa Mohamed Abdallah Mohamed, Matsuno Keita, Katakura Ken, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 9
2. 論文標題 Spiroplasma Infection among Ixodid Ticks Exhibits Species Dependence and Suggests a Vertical Pattern of Transmission	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Microorganisms	6. 最初と最後の頁 333~333
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/microorganisms9020333	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 Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Ali Alsagher O., Mahmoud Hassan Y. A. H., Omar Mosaab A., Chatanga Elisha, Salim Bashir, Naguib Doaa, Anders Jason L., Nonaka Nariaki, Moustafa Mohamed Abdallah Mohamed, Nakao Ryo	4. 巻 10
2. 論文標題 Exploring Prokaryotic and Eukaryotic Microbiomes Helps in Detecting Tick-Borne Infectious Agents in the Blood of Camels	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 351~351
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/pathogens10030351	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 Moustafa Mohamed Abdallah Mohamed, Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Lau Alice C.C., Chatanga Elisha, Qiu Yongjin, Hayashi Naoki, Naguib Doaa, Sato Kozue, Takano Ai, Matsuno Keita, Nonaka Nariaki, Taylor DeMar, Kawabata Hiroki, Nakao Ryo	4. 巻 20
2. 論文標題 Novel symbionts and potential human pathogens excavated from argasid tick microbiomes that are shaped by dual or single symbiosis	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Computational and Structural Biotechnology Journal	6. 最初と最後の頁 1979 ~ 1992
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.csbj.2022.04.020	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 Chatanga Elisha, Ohari Yuma, Muleya Walter, Hayashida Kyoko, Sugimoto Chihiro, Katakura Ken, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 149
2. 論文標題 Genotyping of Theileria parva populations in vaccinated and non-vaccinated cattle in Malawi	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Parasitology	6. 最初と最後の頁 983 ~ 990
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1017/S0031182022000464	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Mohamed Wessam Mohamed Ahmed, Moustafa Mohamed Abdallah Mohamed, Thu May June, Kakisaka Keita, Chatanga Elisha, Ogata Shohei, Hayashi Naoki, Taya Yurie, Ohari Yuma, Naguib Doaa, Qiu Yongjin, Matsuno Keita, Bawm Saw, Htun Lat Lat, Barker Stephen C., Katakura Ken, Ito Kimihito, Nonaka Nariaki, Nakao Ryo	4. 巻 -
2. 論文標題 Comparative mitogenomics elucidates the population genetic structure of Amblyomma testudinarium in Japan and a closely related Amblyomma species in Myanmar	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Evolutionary Applications	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/eva.13426	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2件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件)

1. 発表者名 尾針由真, 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

1. 発表者名 Elisha Chatanga, Tateki Matsumoto, Mohamed Abdallah Mohamed Moustafa, Yuma Ohari, Yongjin Qiu, Ken Katakura, Nariaki Nonaka, Ryo Nakao
2. 発表標題 Application of selective whole genome amplification (SWGA) for tick mitochondrial genome sequencing
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
研究協力者	草木迫 浩大 (Kusakisako Kodai)		
研究協力者	尾針 由真 (Ohari Yuma)		

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			
エジプト	サウスバリー大学	マンスーラ大学		
マラウイ	リロングウェ農業天然資源大学			
ザンビア	ザンビア大学			
オーストラリア	クイーンズランド大学			
スーダン	ハルツーム大学			