

帯広畜産大学原虫病研究センター共同研究報告書

令和3年5月28日

採択番号	2020-共同-18		
研究部門	感染免疫研究部門	原虫病研究センター 内共同研究担当教員	福本 晋也
研究課題名	メタゲノム解析によるエゾシカ体内における寄生性原虫叢の解明		
研究代表者	(ふりがな) 氏 名	所属部局等・職名	
	ひこさか けんじ 彦坂 健児	千葉大学大学院医学研究院 感染生体防御学・講師	
研究分担者	たちばな しんいちろう 橘 真一郎	千葉大学医学研究院 感染生体防御学・特任助教	
	ふくもと しんや 福本 晋也	帯広畜産大学原虫病研究センター・准教授	
研究期間	2020年4月1日 ~ 2021年3月31日		
目的・趣旨	<p>北海道には貴重な野生生物が多く生息し、その中にはヒトの社会活動に影響を及ぼすものが存在する。エゾシカは、その生息数の増加により農林業への被害が問題となっているが、家畜伝染病病原体(住肉孢子虫など)を有していることから重要視されている。また、近年のジビエブームにより、ヒト原虫感染症の感染源にもなりうるため、公衆衛生上も無視できない。本研究では、エゾシカを対象に、「どのような寄生性原虫」「どの程度」感染しているのかを可視化することを目的とした。</p>		
研究経過の概要	<p>十勝地方のエゾシカ 24 頭から採集した血清、筋肉、肝臓、および糞便を採取し、それぞれ DNA 及び RNA を抽出し核酸解析に供した。このうち血清、筋肉、および肝臓から抽出した 24 頭分の DNA 及び RNA をそれぞれプールし網羅的解析(DNA-seq 及び RNA-seq)を実施した。糞便は、24 頭のうち 8 頭については 1 個体ずつ、16 頭については 2 個体ずつの DNA 試料を調製し、18S メタゲノム解析を実施した。DNA-seq 及び RNA-seq では、低品質リードを取り除いた後、エゾシカ近縁種のゲノムデータを用いて宿主ゲノム由来のリードを除去し、塩基配列を用いた原虫類の同定を行った。DNAseq では残ったリードの各原虫ゲノム参照配列へのマッピング、RNAseq では系統学的分類を行い、18S メタゲノム解析では Blast による相同配列検索を行った。</p>		

<p>研究成果の 概 要</p>	<p>エゾシカの DNA-seq 解析の結果、血清からは根足虫類および住肉胞子虫類、筋肉からは根足虫類、鞭毛虫類、住血胞子虫類および住肉胞子虫類、そして肝臓からは住肉胞子虫類の DNA 塩基配列がそれぞれ検出された。RNA-seq では、血清と肝臓から <i>Babesia</i> 属、肝臓からは <i>Trypanosoma</i> 属、筋肉からは複数種の <i>Sarcocystis</i> 属の原虫が検出された。野生のエゾシカは蠕虫、原虫ともに多様な寄生体を保有していることが明らかになった。糞便の 18S メタゲノム解析では、<i>Blastocystis</i> 属、<i>Entamoeba</i> 属、<i>Hexamastix</i> 属(トリコモナス類)、<i>Cryptosporidium</i> 属、<i>Eimeria</i> 属、および <i>Theileria</i> 属の原虫が検出された。このうち、<i>Entamoeba</i> 属の <i>E. insolita</i> は全ての糞便試料から検出されており、共生原生生物である可能性も考えられた。また、同糞便試料より検出された <i>Hexamastix</i> 属の <i>H. mitis</i> は、エゾシカから分離された報告はなく、感染と病原性との関係性について調べる必要がある。以上のように、本研究の核酸網羅的解析によって検出されたエゾシカに存在する寄生性原虫は、予想以上に多様であった。本研究の結果は、北海道に生息する野生生物の原虫感染状況を調査する際の基盤情報となる。今後は得られたデータをもとに、分子診断法を開発する予定である。</p>
<p>研究成果の 発 表</p>	<p>なし</p>