



Title	Molecular epidemiological study of protozoan and other zoonotic diseases from two countries in Africa [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	Nakayima, Jesca
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(獣医学)
Dissertation Number	甲第11516号
Issue Date	2014-09-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/57317
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Jesca Nakayima_review.pdf, 審査の要旨



学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称：博士（獣医学）

氏名：NAKAYIMA Jesca

審査委員	主査	教授	杉本	千尋
	副査	教授	大橋	和彦
	副査	教授	片倉	賢
	副査	教授	鈴木	定彦

学位論文題名

Molecular epidemiological study of protozoan and other zoonotic diseases from two countries in Africa

(アフリカ 2 カ国における原虫ならびにその他の人獣共通感染症の分子疫学的研究)

本研究はアフリカにおける家畜、野生動物における節足動物媒介性感染症の実態を明らかにすることを目的に、ガーナならびにザンビアで収集した試料を用いて病原性原虫を中心に分子疫学的調査研究を実施した。

第一章では、ガーナにおける家畜のトリパノソーマ感染症についての調査研究の結果をとりまとめた。本研究ではガーナ南部で収集した牛および豚血液 DNA ならびにツェツェバエ DNA を試料として、トリパノソーマ属原虫の検索を行った。解析は第一段階として Internal transcribed spacer 1 領域を標的とするポリメラーゼ連鎖反応（PCR）とその増幅産物のサイズの測定により、陽性率の算定と種同定を行った。さらに *T. vivax* に対してはより検出感度が高い方法として Cathepsin L 遺伝子を標的とする PCR を実施した。その結果、牛では 17.8%、豚では 57.5%、ツェツェバエでは 28.6% の割合で *Trypanosoma* 属原虫が検出された。検出された種は *Trypanosoma congolense*, *T. simiae* ならびに *T. vivax* であり、*T. brucei* 3 亜種が含まれる *Trypanosoma* 亜属に属する原虫も検出された。また多くの検体では 2 種以上の原虫が混合感染している例が見られた。しかし、ヒトに感染性を有する *T. brucei rhodesiense*, *T. brucei gambiense* は検出されなかった。

第二章では、*T. vivax* に注目して、Cathepsin L 遺伝子の塩基配列を解析することにより、ザンビアおよびガーナに分布する株の遺伝学的多様性を明らかにした。その結果、ザンビアでは 100 検体の牛血液 DNA から 32 の陽性例が得られ、それらの一部について塩基配列を決定しデータベース登録配列との比較解析を実施した。その結果、全てのガーナ由来試料は同一のシーケンズであり遺伝子多型はみられず、それらは近隣のブルキナファソの牛検体から見いだされた *T. vivax* の同遺伝子配列とほぼ一致した。ザンビア由来 11 検体では 3 つの clade に分類される 7 種の異なっ

た配列が見出され、それらはガーナ由来の配列とは異なる clade に分類された。この結果から、南部と西部のアフリカに分布する *T. vivax* は遺伝学的に区別できること、ザンビアでは少なくとも 3 群の遺伝子型に分けられる *T. vivax* が分布していることが明らかになった。

第三章ではザンビアで捕獲された Non-human primate (ヒヒ; *Papio cynocephalus*, ベルベットモンキー; *Chlorocebus pygerythrus*) の試料 (脾臓 DNA) を用いて、これらが保有する人獣共通感染症病原体を検索した。検索対象は、*Anaplasma* spp., *Babesia* spp., *Borrelia* spp., *Coxiella burnetii*, *Leishmania* spp., *Plasmodium* spp., *Rickettsia* spp., *Trypanosoma* spp. の 8 種 (属) の病原体であり、それぞれに対して種あるいは属特異的な PCR を行った。その結果、*Rickettsia*, *Anaplasma* および *Babesia* 種が検出されたが、他の病原体は検出されなかった。陽性検体についてさらに塩基配列解析により種の同定を行ったところ、*Rickettsia africae*, *Anaplasma phagocytophilum* と同定された。また検出された *Babesia* 種の塩基配列は南アフリカ共和国で報告されたヒヒ由来 *Babesia microti* 近縁種の配列と完全に一致するものであった。今回の検体は、野生動物とヒトとの接触が日常的にある地域で収集され、特にマダニが媒介する可能性のある人獣共通感染症病原体が検出されたことから、対象地域の住民の感染リスクは高いものと考えられ、適切な診断システムの導入が急務と考えられた。

本研究を通じて、南部・東部アフリカにおける原虫感染症に加えて Non-human primate に由来する人獣共通感染症の実態の一部が明らかにでき、これらの地域での家畜ならびにヒトの感染症対策に本研究の成果が活用できると考えられた。

よって、審査委員一同は、上記学位論文提出者 NAKAYIMA Jesca 氏の学位論文は、北海道大学大学院獣医学研究科規程第 6 条の規定による本研究科の行う学位論文の審査等に合格と認めた。