



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Epidemiological and immunological study for intractable infectious diseases in livestock [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	NYAMSUREN, OCHIRKHUU
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(獣医学)
Dissertation Number	甲第12842号
Issue Date	2017-09-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/67858
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	OCHIRKHUU_NYAMSUREN_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：Nyamsuren Ochirkhuu

審査委員	主査	教授	大	橋	和	彦
	副査	特任教授	片	倉	賢	
	副査	准教授	中	島	千	絵
	副査	助教	村	田	史	郎

学位論文題名

Epidemiological and immunological study for intractable infectious diseases in livestock

（家畜の難治性感染症の疫学的および免疫学的研究）

ウイルス、細菌および寄生虫等の病原体により引き起こされる動物の感染症は、近年、増加傾向にあり、畜産業を主要な収入源とする多くの国々で、多大な経済的被害を及ぼしている。そのため、これらの感染症を効果的に防除して、畜産物の品質向上や安定供給をはかることは、安全な食糧の生産維持や畜産業の発展による貧困の解消に重要である。そこで本研究では、フィリピンやモンゴルにおいて、難治性感染症を引き起こす種々の病原体の疫学情報を入手して、それらの感染症の防除法確立に応用するために、分子疫学調査を行った。また感染症の制御には、病原体の性状のみならず、免疫抑制を含む宿主の免疫応答の解析も重要であり、宿主の遺伝的背景は多くの感染症の転帰を決定する重要な因子のひとつである。以上の理由より、モンゴル在来牛やヤクにおいて、慢性感染症の病態進行における免疫抑制因子の役割を解明するために、これらの因子の遺伝子解析も併せて行った。

フィリピンでは、家畜においてアナプラズマ病、バベシア病やタイレリア病などのベクター媒介性感染症が多く報告されており、大きな経済的被害を及ぼしている。しかしこれらの病原体の疫学情報や遺伝的背景は詳細には解析されていない。そこで、ルソン島でウシから採取した 339 個の試料を用いて、*Anaplasma marginale*、*Babesia bigemina*、*Babesia bovis*、*Theileria* spp. 及び *Trypanosoma evansi* の分子疫学調査を行い、検出された病原体の遺伝子多型を解析した。その結果、*T. evansi* を除いて、他の病原体は非常に高率に検出され、多くの試料で混合感染が認められた。また系統樹解析により、検出された病原体は、スリランカ、韓国、日本、中国、オーストラリアや米国などで検出されたものと近縁であることが示された。以上より、ルソン島では、これらのベクター媒介性病原体が家畜に非常に高率に分布していることが示された。

モンゴルにおいて、畜産は必要不可欠な産業であるが、依然として家畜の感染症が多く発生しており、甚大な被害をもたらしている。そのため、モンゴルの家畜において、これまで詳細な調査がなされていない病原体の分布・疫学性状やそれらの分子生物学的性状を明らかにすることが必要である。そこで、モンゴル国内の5ヶ所の地域でウシ、ヤク、ヒツジやヤギから採集した 928 個の試料を用いて、種々の細菌・ウイルスの疫学調査を実施した。その結果、これらの試料から、ヨーネ菌 (*Mycobacterium avium* subspecies *partuberculosis*, MAP)、*Anaplasma ovis*、牛白血病ウイルス(BLV)、牛ウイルス性下痢ウイルス(BVDV)及び羊ガンマヘルペスウイルス 2 型(OvHV2)が検出された。MAP の検出率（血清疫学調査）は低かったが、*A. ovis* は、ヒツジ、ヤギ、ウシおよびヤクから高率に検出され、検出された *A. ovis* は、遺伝子的にモンゴル固有なものであることが示された。BLV は乳用牛から検出され、ロシアで検出されたものと近縁であり、BLV はロシアからモンゴルに導入されたことが示唆された。BVDV は乳用牛やヤクで検出され、遺伝子型 1 及び 2 に分類された。また悪性カタル熱の病原である OvHV2 はヒツジやウシから検出され、アジアや中近東由来のものと同じであることが示された。以上より、モンゴルの家畜には、大きな経済的被害をもたらす可能性がある病原体が多く分布しており、その感染率は地域や動物種に依存していることが明らかとなった。

モンゴル在来牛やヤクの免疫学的性状を明らかにするために、programmed cell death 1 などの免疫抑制因子の遺伝子クローニングを行った。塩基配列および系統樹解析の結果、これらの免疫抑制因子の遺伝子は、他の偶蹄類のものと高い相同性を示したので、モンゴル在来牛やヤクの免疫抑制因子も他の牛種と同様の機能を有している可能性が示唆された。

以上の結果より、フィリピンやモンゴルにおいて、種々の難治性感染症の原因病原体の存在が明らかとなった。またモンゴル在来牛やヤクの免疫抑制因子をコードする遺伝子が同定され、今後、これらの動物種における免疫学的研究の発展の一助となると思われる。

本研究は、それぞれの国において、これまで詳細が明らかにされていなかった難治性感染症の原因病原体の疫学情報を提供するものであり、家畜の感染症の効果的な防除法の確立に向けて有用な知見である。よって、審査委員一同は、上記学位論文提出者 Nyamsuren Ochirkhoo 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。