



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Estimating the Genetic Diversity and Population Structure of Tsetse Flies and African Trypanosomes in Zambia and Malawi [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	中村, 有紀子
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(獣医学)
Dissertation Number	甲第14557号
Issue Date	2021-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/81678
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	doctoral thesis
File Information	Yukiko_Nakamura_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：中村 有紀子

審査委員	主査 教授	大 橋 和 彦
	副査 教授	鈴 木 定 彦
	副査 准教授	今 内 寛
	副査 准教授	大 森 亮 介
	副査 准教授	山 岸 潤 也

学位論文題名

Estimating the Genetic Diversity and Population Structure of Tsetse Flies and African Trypanosomes in Zambia and Malawi

（ザンビア、マラウイにおけるツェツェバエとアフリカトリパノソーマ原虫の遺伝的多様性と集団構造の推定）

ヒトアフリカトリパノソーマ症（HAT: human African trypanosomiasis）および家畜トリパノソーマ症（AAT: African animal trypanosomiasis）の両者はツェツェバエの吸血によって伝播する原虫病である。前者は *Trypanosoma brucei rhodesiense* および *T. b. gambiense*、後者は *T. congolense*、*T. vivax*、*T. b. brucei* などによって引き起こされる。東南部アフリカにおける HAT および AAT は野生動物も保有宿主となること、そしてワクチンが存在しないことから、その疾病の予防対策には媒介昆虫であるツェツェバエの分布域や個体数を制御することが最も有効な手段であると考えられている。さらに、両感染症は遠隔地での発生が多く、それぞれの地域での原虫保有状況や維持されている原虫集団の遺伝的特徴に関して不明な点が多い。そこで本研究では HAT、AAT 両感染症の実効的な対策手段の立案を目的に、下記の研究を行った。

第1章ではザンビアおよびマラウイにおける HAT 高度浸淫地域5か所を対象に、地域間のツェツェバエの遺伝子流動を特定することを目的に集団遺伝学手法を用いてその遺伝的多様性および集団構造を解析した。集団遺伝学解析にはミトコンドリア C01 領域およびマイクロサテライト座位 10 か所をマーカーとして用いた。C01 のハプロタイプネットワーク、およびマイクロサテライトの STRUCTURE 解析の結果から、マラウイの一地域（Nkhotakota Wildlife Reserve; NWR）がその他の地域と

は異なる集団構造であることが示唆された。NWR とその他の地域間の遺伝子流動が限られていた原因としては、大地溝帯に起因する NWR 周辺の地形が推察された。NWR の集団有効サイズも小さい傾向にあったことから、他の集団と比較して効果的なツェツェコントロールを行いやすいことが示唆された。一方で、その他の 4 地域では自由な遺伝子流動が起こっており、大規模なコントロールを実施しても周辺地域からのハエの再流入によって集団の再拡大が起こる可能性が高い。よってこれらの地域では、それぞれの地域間における遺伝子流動の方向性を解析し、集団の拡大を抑制する対策が必要であると考えられる。

第 2 章では野生動物、家畜、ヒトのインターフェイスとなっている Itezhi Tezhi 地域を対象にトリパノソーマ原虫の分子疫学調査を行った。トリパノソーマ原虫を種レベルで網羅的に検出する internal transcribed spacer (ITS1) PCR と、種以下の遺伝子型別が可能な *cathepsin L-like cysteine protease* (CATL) PCR と次世代シーケンス解析を組み合わせ、同一エコシステム内のツェツェバエとウシが保有するトリパノソーマ原虫の遺伝的多様性を解析した。ITS1 PCR の結果、ツェツェバエとウシの両方で *T. vivax* が最も多く検出され、*T. vivax* に感染したウシでは非感染牛と比較して顕著に低いヘマトクリット値が観察された。顕微鏡下で原虫が観察された検体数は限られていたことから、本地域では *T. vivax* が低い parasitemia で維持されており、慢性的な AAT を起こしていることが示唆された。さらに、CATL 配列を用いた遺伝子型別により 33 operational taxonomic units (OTUs) が検出された。ウシとツェツェバエで最も多く検出された OTU は共通していた一方で、ウシと比較してツェツェバエの方が全体の OTU の多様性が高いことがわかった。よって本地域ではツェツェバエで OTU の多様性の高い原虫集団が維持されており、ウシではその内の限られた原虫集団が維持されていることが示唆された。また、ウシの 5.42% がヒト感染性 *T. b. rhodesiense* 特異的 SRA PCR 陽性であったことから、ウシが HAT の保有宿主として重要であり、今後のモニタリングの必要性が示唆された。

以上、第 1 章、第 2 章により、トリパノソーマ原虫およびツェツェバエの集団構造を遺伝的多様性から推測した。本研究、および、その発展により、遺伝的多様性に基づく精緻な HAT/AAT 対策の立案が期待できる。よって、審査委員一同は、上記学位論文提出者中村有紀子氏の学位論文は、北海道大学大学院国際感染症学院規程第 10 条の規定による本学院の行う学位論文の審査等に合格と認めた。