



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Molecular epidemiological study of African trypanosomiasis and piroplasmosis at the interface of human-wildlife-livestock populations in Zambia [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	Squarre, David
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(感染症学)
Dissertation Number	乙第7143号
Issue Date	2021-09-24
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/83348
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	doctoral thesis
File Information	David_Squarre_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（感染症学）

氏名：David SQUARRE

審査委員	主査	教授	東	秀	明
	副査	教授	中	島	千 絵
	副査	准教授	中	尾	亮
	副査	准教授	山	岸	潤 也

学位論文題名

Molecular epidemiological study of African trypanosomiasis and
piroplasmosis at the interface of human-wildlife-livestock populations in
Zambia

（ザンビアの人間-家畜-野生動物共存領域におけるアフリカトリパノソーマ症およびピロプラズマ症の分子疫学研究）

人間、野生動物、家畜が共存する領域では、獣医学的に重要な感染症や人獣共通感染症の拡大が、自然宿主との接触により生じる危険性がある。なかでも、ヒトアフリカトリパノソーマ症（HAT）を含むトリパノソーマ症とピロプラズマ症は、公衆衛生学上および畜産衛生上における重要な寄生虫疾病であり、特別な注意が必要である。そこで本研究では、次世代シーケンサーを用いた遺伝子解析により、ザンビアの共存領域に生息する野生動物および家畜におけるトリパノソーマ原虫とピロプラズマ原虫の感染率と遺伝的多様性について実態を明らかにすると共に、その感染環の推定を試みた。

本論文の第1章では、カフエ国立公園内におけるHATの臨床例を報告した。患者抹梢血に存在するトリパノソーマ原虫が顕微鏡により確認され、さらに*Trypanosoma brucei rhodesiense* 特異的なSRA遺伝子をLAMP法で検出することで、その感染が明らかとなった。カフエ国立公園は過去にはHATの高度浸潤地域であったが、長い間HAT症例の報告はなく、本症例は50年ぶりの報告であった。本研究により、カフエ国立公園がHATの再興流行地であることが確認された。

第2章ではカフエ国立公園の野生動物におけるトリパノソーマ原虫の保有率と遺伝的多様性を調査した。異なる野生動物種で循環している様々なトリパノソーマ原虫を、ITS1-PCRとMinIONシーケンスを組み合わせることでハイスループットに検出することを試み、ヒト感染性を有する*T. b. rhodesiense* については、その特異的なマーカーであるSRA遺伝子のサンガーシーケンスにより確認した。その結果、ハーテビースト、セーブルアンテロープ、バッファロー、イボイノシシ、インパラ、

レーチェにおけるトリパノソーマ原虫の保有率が、それぞれ 6.4%、37.2%、13.2%、11.8%、2.8%、11.1%であることを明らかにした。調査対象となった野生動物からは、*T. b. brucei*、*T. godfreyi*、*T. congolense*、*T. simiae*、*T. theileri* など、合計 6 種類のトリパノソーマ原虫が検出された。さらに、*T. b. rhodesiense* の感染率は、バッファロー、セーブルアンテロープ、バーベットモンキーにおいて、それぞれ 9.4% (5/53)、12.5% (1/8)、100.0% (1/1) であった。本章の結果から、前章での症例が野生動物が保有する *T. b. rhodesiense* により引き起こされた可能性が高いことが示唆され、カフエ国立公園が HAT の流行地であることが野生動物の感染状況からも改めて確認された。

第 3 章では、カフエ国立公園の野生動物とウシに感染しているピロプラズマ原虫の相互伝播の可能性について考察した。集団におけるピロプラズマの多様性を調査するために、PCR を用いて 18S rRNA V4 可変領域を増幅し、MiSeq で当該配列を取得した。一塩基多型を識別可能な高解像度の解析パイプラインを採用することで、*Babesia*、*Theileria*、*Hepatozoon*、*Colpodella* の 4 属 23 種に対応する 45 個の amplicon sequence variants を同定した。*Theileria* 種は、バッファロー、インパラ、ハーテビースト、セーブルアンテロープ、シタトゥンガ、ワイルドドッグ、ウシから検出された。一方、*Babesia* 種はウシとワイルドドッグからのみ検出された。これらの結果から、ピロプラズマ原虫の多様性とその宿主特異性が示されたと共に、野生動物と家畜の共存領域において、これらの原虫が野生動物、特にバッファローからウシ集団へと拡散する可能性が示された。

以上、本学位論文提出者は、次世代シーケンサー技術を応用することで、カフエ国立公園共存領域における野生動物および家畜の原虫感染率を効率的かつ網羅的に明らかにすると共に、それらの感染環の一端を明らかにした。今後この手法を用いることで、共存領域における野生動物および家畜に感染する寄生虫の多様性の詳細が明らかになり、適切かつ効果的な疾病制御法立案にむけた重要な知見が提供されるものと思われる。よって、審査委員一同は、上記学位論文提出者 David Squarre 氏が博士（感染症学）の学位を授与されるに十分な資格を有するものと認めた。