# 第 78 回 日本寄生虫学会 南日本支部大会
# 第 75 回 日本衛生動物学会 南日本支部大会
# 合同大会
# 抄録集




会期：2026 年 10 月 16 日（金）～17 日（土）

会場：福岡大学図書館多目的ホール

大会長：佐藤朝光

事務局：福岡大学薬学部微生物薬品化学教室

# 目次

大会のご案内‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥3

大会の進行について‥‥‥‥4

プログラム‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥5、6

マップ‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥‥7、8、9

講演要旨

# 大会のご案内

**会期**：
2026 年 10 月 16 日（金）– 17 日（土）
**会場**：
福岡大学図書館多目的ホール
**受付**：
受付時に名札兼参加証をお渡しいたします。
**会費**：
会費は無料です。
**寄生虫学会南日本支部 評議会および総会**：
評議会：2026 年 10 月 16 日（金） 11:30 – 12:00（大学院会議室）
総会：2026 年 10 月 16 日（金） 12:00 – 12:30（大学院会議室）
**衛生動物学会南日本支部 運営委員会および総会**
運営委員会：2026 年 10 月 16 日（金）11:30 – 12:00（大学院講義室 7）
総会：2026 年 10 月 16 日（金）12:00 – 12:30（大学院講義室 7）
評議会などの会場へは、福岡大学図書館多目的ホールの受付横にある通路を奥へ進んでいただき、大学院エントランスにあるエレベーターをご利用下さい。
**衛生動物学会用抄録**：
衛生動物学会会員の演題は発表学会誌「衛生動物」に抄録が掲載されます。
書式を大会ホームページよりダウンロードしていただき、別途作製して下さい。
提出は、同ホームページからお願い致します。

**懇親会**：
福岡大学 スカイラウンジ（文系センター16 階）
受付時に参加費 5,000 円をいただきます。
**その他**：
・福岡大学は敷地内全面禁煙となります。
・セブンイレブン、Mastars Café が図書館横にあります。休息などにご利用下さい。
営業時間は以下の通りです。

| | | |
|---|---|---|
| セブンイレブン | 10 月 16 日（金） | 8:00-21:00 |
| Mastars Café | 10 月 16 日（金） | 10:30-18:00 |
| | 10 月 17 日（土） | は、両店ともお休みです。 |

# 大会の進行について

**発表形式**：
口頭発表（発表 10 分､質疑 2 分）です。
なお、会場係は、以下のようにベルを鳴らします。

| | |
|---|---|
| ベル 1 回 | 発表終了 2 分前（発表開始後 8 分） |
| ベル 2 回 | 発表終了、質疑開始（発表開始後 10 分） |
| ベル 3 回 | 討論終了（発表開始後 12 分） |

**座長の方へ**：
講演者は、次演者の座長をお願い致します。講演が終わりましたら､座長席へ移動をお願い致します。
時間になりましたら、セッションを開始して下さい。
各セッションの最後の演者は、そのセッションの最初の座長をお願い致します。

**発表者の方へ**：
発表は HDMI が接続可能なご自身の PC でされるか､データを USB メモリなどで持参してこちらで準備した PC にて発表､のいずれかで対応可能です。
こちらで準備する PC は Windows 11 となります。

データを送付される場合は、2 日前までにこちらへ送付して下さい。
データを受け取りましたら、こちらより連絡致します。
https://fukuoka-u.app.box.com/f/ef04fa15b6e7443d8e683abc48ec24a5

# プログラム

1 日目（10 月 16 日（金））

| | | |
|---|---|---|
| 11:30 – 12:00 | 評議員会（寄生虫学会南日本支部）（大学院会議室） | |
| | 運営委員会（衛生動物学会南日本支部会）（大学院講義室） | |
| 12:00 – 12:30 | 総会（寄生虫学会南日本支部）（大学院会議室） | |
| | 総会（衛生動物学会南日本支部会）（大学院講義室） | |
| 13:00 – 13:10 | 開会挨拶・諸連絡 | |
| | 寄生虫 セッション I | |
| 13:10 – 13:22 | 寄生虫 1 | 水上 修作 |
| 13:22 – 13:34 | 寄生虫 2 | 山田 菜月 |
| 13:34 – 13:46 | 寄生虫 3 | 金城 允 |
| 13:46 – 14:58 | 寄生虫 4 | 中筋 海道 |
| 13:58 – 14:10 | 寄生虫 5 | 王浤洋 |
| 14:10 – 14:22 | 寄生虫 6 | 李菁安 |
| 14:22 – 14:34 | 寄生虫 7 | 石塚 茂宜 |
| 14:34 – 14:46 | 寄生虫 8 | 風間 真 |
| 14:46 – 15:00 | 休息 | |
| | 衛生動物 セッション I | |
| 15:00 – 15:12 | 衛動 1 | 菊池 寛 |
| 15:12 – 15:24 | 衛動 2 | 荻野 和正 |
| 15:24 – 15:36 | 衛動 3 | Robert Ouko MUGA |
| 15:36 – 15:48 | 衛動 4 | 松石 優輝 |
| 15:48 – 16:00 | 衛動 5 | Blumberg Brian |
| 16:00 – 16:12 | 衛動 6 | 二見 恭子 |
| 16:12 – 16:24 | 衛動 7 | 砂原 俊彦 |
| 16:24 – 16:36 | 衛動 8 | 大塚 靖 |
| 16:36 – 16:50 | 休息 | |
| | 特別講演 | |
| 16:50 – 17:30 | 玉置 慎吾 | |
| 17:30 – 18:10 | 米島 万有子 | |

# プログラム

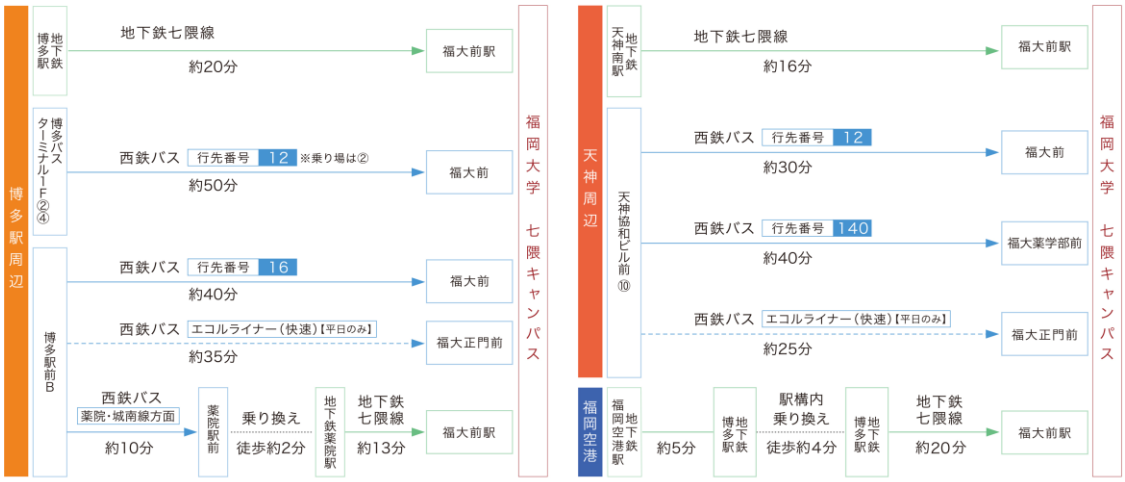
2 日目（10 月 17 日（土））

| | | |
|---|---|---|
| | 寄生虫 セッションII | |
| 09:00 – 09:12 | 寄生虫 9 | 寺内 優 |
| 09:12 – 09:24 | 寄生虫 10 | 日向 綾子 |
| 09:24 – 09:36 | 寄生虫 11 | 田中 駿旭 |
| 09:36 – 09:48 | 寄生虫 12 | 林 歩花 |
| 09:48 – 10:00 | 寄生虫 13 | 月足 早希 |
| 10:00 – 10:12 | 寄生虫 14 | 熊谷 貴 |
| 10:12 – 10:30 | 休息 | |
| | 衛生動物 セッションII | |
| 10:30 – 10:42 | 衛動 9 | 田之上 咲也 |
| 10:42 – 10:54 | 衛動 10 | 白水 雄貴 |
| 10:54 – 11:06 | 衛動 11 | 金 施亨 |
| 11:06 – 11:18 | 衛動 12 | Parinya Wilai |
| 11:18 – 11:30 | 衛動 13 | 向井 梨恵 |
| 11:30 – 11:40 | 閉会挨拶 | |

# マップ

## 福岡大学へのアクセス




※時間帯によって交通混雑が予想されますので、所要時間は目安としてください。
※バスの行先番号が同じでも行先が異なることがありますので、バス正面の行先（経由地）をご確認ください。
※公共交通機関の運行状況に変更が生じる場合があります。最新の情報については、以下ウェブサイト等からご確認ください。

●地下鉄に関する情報 …… 福岡市交通局 https://subway.city.fukuoka.lg.jp/
●バスに関する情報 …… 西鉄バス https://www.nishitetsu.jp/bus/

【高速道路】

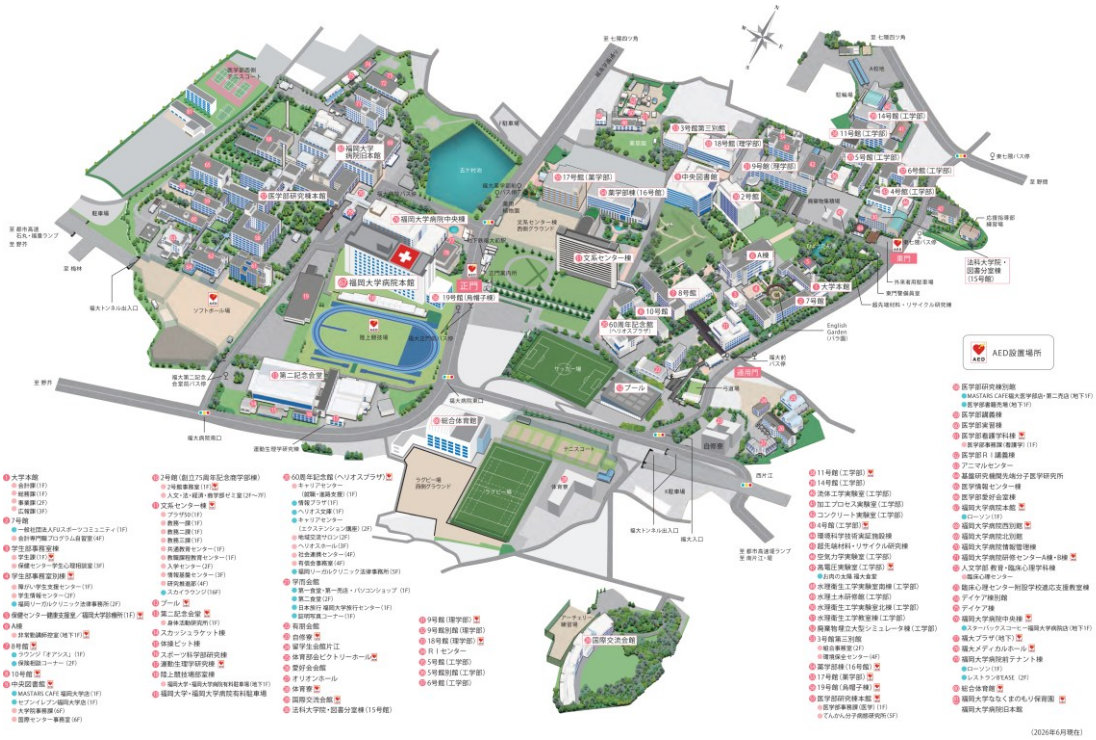
唐津方面からの場合

西九州自動車道（福岡前原道路）から都市高速道路環状線に入ります。野芥ランプで降りた後、福大トンネル出入口の手前を右折し、梅林中学校入口を左折します。500mほど直進した後、福岡大学病院東口交差点を直進します。

北九州および福岡県外（大分・熊本方面など）からの場合

九州自動車道の太宰府IC（インターチェンジ）から都市高速道路に乗り、月隈JCT（ジャンクション）を左折します。堤ランプで降り、国道202号線（福岡外環状道路）を2kmほど直進して福大トンネル出入口手前から右折し、福岡大学病院東口交差点を右に入ります。

福岡大学キャンパスマップ



中央図書館フロアマップ




・受付は、図書館エントランス横の軽食エリアにあります。

・評議会などの会場へは、福岡大学図書館多目的ホールの受付横にある通路を奥へ進んでいただき、大学院エントランスにあるエレベーターをご利用ください。

# 特別講演

# 衛生動物・寄生虫研究のための衛星データ入門

## Introduction of Satellite Data for research to Medical Entomology and Parasitology

○玉置 慎吾[1]
([1]Archeda プロジェクトマネージャー)

衛星で捉えるのは植生、水域、地表面温度、土地被覆など、生き物に関係する地表の環境であり、現地調査と生物学の知識に結び付けて初めて研究上の意味をもつ。本発表では、衛星データの利活用に携わってきた立場から、衛生動物・寄生虫研究への組み込み方を整理する。衛星と周辺データで何がわかるか、調査データと結び付ける際の設計判断、調査表に環境変数を加える手順、解釈と検証などを扱う。

# 感染症媒介蚊の生息環境評価における地理空間情報の活用

# Application of Geospatial Information in Assessing the Habitat of Disease-Vector Mosquitoes

○米島　万有子[1]
([1]熊本大学大学院人文社会科学研究部)

日常生活において経路検索や位置情報ゲームなどに広く利用されている「地理空間情報」と，それを支える「地理情報システム（GIS: Geographic Information Systems）」は，言葉自体は耳慣れないものではあるが，現代社会に不可欠な技術・データとなっている。GIS は，地理空間情報の収集・管理・分析だけでなく，地理情報科学（GIScience）という学問分野としても発展してきた。GIS は地理空間情報を統合・視覚化し，空間的なパターンや関係性の理解を促すことで，様々な意思決定の支援に用いられている（桐村ほか，2024）。

近年，蚊をはじめとする衛生動物の分布や感染症の流行拡大は，温暖化等の環境変化に加え，グローバル化に伴う人流・物流の活発化など，社会経済的な要因によって加速している。こうした状況下では，衛生動物の分布や感染症に関する情報を迅速かつ的確に把握し，効果的な対策を立案することが不可欠であり，位置情報の収集やデータ解析において GIS が重要な役割を果たしている。

蚊媒介性感染症は，予期せぬ侵入や定着のリスクをグローバルスケールで監視する必要がある一方，実際の防除はローカルレベルで対応せざるを得ないため，「グローカル」な視点が極めて重要である。そこで本発表では，まず演者らが取り組んできた蚊の採集調査データに基づく感染症リスク推定の事例を紹介する。景観構成が媒介蚊の分布や個体数を規定する（Diuk-Wasser et al., 2006; Trawinski et al., 2010 など）という前提に立ち，特定の県や市町村を対象に，現地調査による採集定点周辺の土地利用データや，衛星画像のリモートセンシングによる土地被覆データの解析から蚊の生息条件を検討した結果を報告する。次に、既存の地理空間情報を用いたリスク推定の事例として，気候や人口などの自然・社会経済指標から統計モデルを構築し，日本における将来的なデング熱の流行リスクマップを示したい。これらの事例に加え，海外のドローンや Google ストリートビューを活用した先端研究を引き合いに，対象地域の空間スケールに応じた地理空間情報の種類や解像度の最適化について検討を試みる。

最後に，現在進行中の研究課題として，これまで経験則などの定性的な論じられているヒトスジシマカの生息密度（高・低環境）について，客観的な指標の特定を目指した分析の経過を報告する。

# 一般演題

## 1 日目

# 放線菌二次代謝産物ライブラリーを基盤とした抗マラリア活性化合物の探索とその展開
# Exploration and Development of Antimalarial Compounds Based on Actinomycete Secondary Metabolite Libraries

○水上 修作[1] ・ Awet Alem Teklemichael[1] ・ 手島 愛子[2] ・ 大垣 翔[2] ・ 谷口 真由美[1]
Rukman Muslimin[2] ・ 平田 朝陽[2] ・ 秋元 萌々子[2] ・ Alimuddin Ali[3] ・ 藤村 孝志[4] ・ 荒川 賢治[2]
([1]長崎大学 熱帯医学研究所 ・ [2]広島大学大学院 統合生命科学研究科 ・ [3]マカッサル州立大学 ・ [4]広島大学 未来共創科学研究本部 研究戦略推進部門)

【背景と目的】熱帯熱マラリア原虫(*Plasmodium falciparum*)感染症は、依然として世界的な公衆衛生上の重大な脅威である。現在、幅広く使用されているアルテミシニン併用療法(ACT)では、近年、アルテミシニン部分耐性原虫の出現・拡大に加え、併用薬に対する感受性低下も懸念されている。そのため、既存薬とは異なる化学構造や作用特性を有する新たな抗マラリア薬候補の探索が求められている。土壌細菌である放線菌(*Streptomyces* 属など)は多様な二次代謝産物を産生し、多くの臨床抗菌・抗がん薬の供給源となってきたが、抗マラリア薬リード探索源としても極めて魅力的な天然資源である。我々は長崎大学・広島大学および海外共同研究機関との連携のもと、未開拓の放線菌二次代謝産物ライブラリーからの抗マラリア活性化合物の同定と高機能化を目指した研究を進めている。本支部大会において一連の取り組みは未報告であるため、これまでに得られた主要な成果と現在進行中の研究展開について報告する。

【方法】1) *Streptomyces* 培養液からの酢酸エチル抽出により代謝産物を調製した。クロロキン感受性株(3D7)および耐性株(Dd2)を用い、SYBR Green-I 法による赤血球期マラリア原虫増殖阻害試験を実施し、$IC_{50}$ 値を算出した。また、初代マウス脳細胞(AMB)と Alamar Blue 法を用いて細胞毒性($CC_{50}$)を評価し、選択性指数($SI = CC_{50}/IC_{50}$)を算出した。2) 高活性を示した株について大量培養を行い、各種クロマトグラフィー(Sephadex LH-20、シリカゲル)を用いて活性本体を単離精製した。HR-ESI-MS および NMR 解析により化学構造を決定するとともに、次世代シーケンサーによる全ゲノム解読から生合成遺伝子クラスター(BGC)を同定・解析した。3) さらなる抗マラリア活性化合物の探索を目的として、インドネシア由来の未利用放線菌ライブラリーに対するスクリーニングおよび単離に着手した。

【結果と考察】まず、Hiroshima University type(HUT)株を中心とする 28 株の放線菌抽出物スクリーニングにおいて、17 株で 50%以上の原虫増殖阻害活性が認められた。なかでも *Streptomyces antibioticus* HUT6035 株の抽出物は、クロロキン/メフロキン感受性 3D7 株($IC_{50}$ 0.09 μg/mL)およびクロロキン/メフロキン耐性 Dd2 株(0.22 μg/mL)の双方に対し極めて強い抗原虫活性を示し、AMB 細胞に対する細胞毒性は抗原虫活性に比して低く($CC_{50}$ 16.3 μg/mL)、高い選択性(3D7 に対して SI 188)を示した。本株の培養液より活性本体を追跡・単離した結果、主要活性成分としてアクチノマイシン $X_2$ およびアクチノマイシン $X_{0\beta}$を同定した。両化合物はアクチノマイシン D の B 環上に存在するプロリン残基がそれぞれ 4-オキソ体および 4-ヒドロキシ体へと修飾された誘導体である。原虫増殖阻害試験および細胞毒性試験の結果、$X_2$($IC_{50}$ 0.241 nM, SI 27.9)および $X_{0\beta}$($IC_{50}$ 7.69 nM, SI 106)は、母化合物である D($IC_{50}$ 0.469 nM, SI 14.3)と比較して、それぞれ約 2 倍および約 7 倍高い SI を示した。$X_{0\beta}$ では抗原虫活性そのものは $X_2$ や D より低かったものの、細胞毒性が大きく低下した結果、最も高い選択性(SI 106)を示した。ゲノム解析によりアクチノマイシン生合成遺伝子クラスター(*actm*)を同定した。これらの結果から、アクチノマイシンの構造修飾が抗マラリア活性と細胞毒性の選択性に影響することが示唆された。現在、この知見を基盤として、カルスト地形等の特異な環境から単離されたインドネシア由来放線菌ライブラリー(42 株)へと対象を拡張している。すでに 3 株において顕著な原虫阻害活性と低細胞毒性を併せ持つ粗抽出物を見出しており、シリカゲルカラム等による活性物質の単離・構造解析を進めている。本発表では、これらの化合物探索・同定の経緯と最新の知見を総括して報告する。

［文献］ [1] A. A. Teklemichael, et al. *Trop. Med. Health*, 52:47 (2024).
[2] A. Teshima, et al. *J. Antibiot*., 79:461–468 (2026).

# Alum の代替を目指した新規アジュバント候補化合物の機能評価

Adjuvant Function of Novel Candidate Compounds as an Alternative to Alum

○ 山田 菜月[1]・立花 青慈[2]・内藤 清惟[3]・金子 芳郎[4]・宮田 健[1,2,5]
([1]鹿児島大 農 食品化学・[2]鹿児島大大学院 農林水産学研究科・
[3]鹿児島大 共同獣医 獣医生理学・[4]鹿児島大・工・化学生命工学プログラム・
[5]鹿児島大大学院 連合農学研究科)

近年、感染症の世界的流行は、公衆衛生における極めて深刻な課題となっている。これに対する主要な防御手段はワクチンである。従来の弱毒生または不活化ワクチンには、病原体の大量生産に伴う生産コストの増大、製造工程における作業者の安全性確保といった課題がある。これに対し、病原体そのものではなく、その一部を抗原として用いるサブユニットワクチンは、安全性や高度な品質管理、および合理的な設計が可能な利点がある。しかし、従来型のワクチンと比較して、免疫原性が著しく低くなることが課題である。これを解決するため、抗原とともに投与することで免疫応答を増強させるアジュバント(免疫賦活物質)の併用が重要になってくる。現在、アルミニウム塩ベースの化合物 (Alum) や植物由来の油脂などが実用化されているが、多様なワクチンに対応するために、より安全かつ効果的に免疫を誘導できる新たなアジュバント候補物質は必要とされている。

さらに、病原体感染の侵入門戸である粘膜面(鼻腔、腸管等)での免疫応答を期待できる「粘膜ワクチン」は、非侵襲的な投与が可能であり、その迅速性から有用な投与戦略となり得る。しかし、粘膜では、外来からの異物に関して、一般に「寛容」の状態が維持されるため、粘膜面で安全かつ効果的に免疫応答を増強できる「粘膜アジュバント」の探索も、重要な課題の一つになっている。

そこで、本研究では、Alum に替わる新規アジュバント候補物質を探索することを目的とし、Alum のように、結晶構造を有するケイ素を含む化合物に着目し、そのアジュバント機能を評価することにした。

アジュバント機能評価として、Balb/c マウスを使用し、注射投与によるモデル抗原 (OVA) に対する抗体応答を検証した。その結果、候補化合物の一つが、OVA 特異的血清 IgG 抗体応答が有意に上昇し、Alum と同程度のアジュバント機能を有することが示された。また、濃度依存性のアジュバント機能であることも分かった。今後は、粘膜投与(特に経鼻投与)でも同様の検証を進め、最適な投与条件を検討していく予定である。

# ウシラクトフェリン (bLF) とクロロキン (CHQ) の複合体形成に向けた混合系の機能評価

Function Evaluation of a Bovine Lactoferrin (bLF) - Chloroquine (CHQ) Mixture toward Complex Formation

○ 金城 允[1] 中筋 海道[2,] 木村 桃子[2,] 五反田 真里[2] 筏井 宏美[3] 宮田 健[1,2,4]

([1]鹿児島大 農 食品化学 ・ [2]鹿児島大大学院 農林水産学研究科・
[3]北里大 獣医 獣医寄生虫学 ・ [4]鹿児島大大学院 連合農学研究科)

ウシラクトフェリン (bLF) はウシ母乳由来の約 80 kDa の鉄結合性タンパク質であり、抗菌・抗ウイルス作用をはじめとする多様な生理活性を有する。また、鉄イオンだけでなく、さまざまな分子と相互作用することが知られており、このような分子結合を利用することで、低分子化合物との複合体を形成できる可能性がある。

我々はこれまでに、bLF がヘム鉄に結合し、マラリア原虫が形成するヘモゾインの形成阻害または分解を介して、原虫の成長を阻害している可能性があることを報告してきた (1)。しかし、bLF の抗マラリア機能は、十分とは言えない。そこで、bLF が低分子化合物と結合する性質に着目し、これを利用した機能拡張の可能性を検討することにした。

本研究では、そのモデル低分子化合物として、bLF と同様にヘモゾイン形成阻害機能を有する抗マラリア薬クロロキン (CHQ) を用いた。bLF と 低分子化合物との複合体形成による機能拡張を目指す上で、複合体を構成する各成分が単独で有する機能を、共存下においても互いに損なわないことが重要である。そこで、bLF と CHQ との複合体形成を検討する第一段階として、まず両者を単純に混合し、それぞれが有するヘモゾイン形成阻害能が混合によってどのように変化するか評価した。

bLF 溶液 (50 μM, 5 μM, 0.5 μM) と CHQ 溶液 (1 mM) をそれぞれ混合し、各混合溶液についてヘモゾイン形成阻害能を評価した。その結果、bLF および CHQ が有するヘモゾイン形成阻害能は、混合後も維持される傾向が認められた。このことから、少なくとも本実験条件では、両者を共存させても、それぞれが単独で有する機能が大きく損なわれない可能性が示された。

今後は、CHQ 溶液の濃度を変化させた条件でヘモゾイン形成阻害能を評価し、混合比と機能の関係を検討していく。また、bLF と CHQ の相互作用および結合様式について、分子モデリングソフトウェア MOE を用いたシミュレーション解析を実施し、両者の複合体形成を検討する予定である。

［文献］

(1) Obayashi, *et al*. (2024) *Sci Rep* **14**, 20344

# ウシラクトフェリン (bLF) とアルテミシニン (ART) の複合体形成による新規抗マラリア薬の創出

A Novel Antimalarial Strategy Using Bovine Lactoferrin (bLF) - Artemisinin (ART) Complexes

○中筋海道[1] ・ 木村桃子[1] ・ 五反田真里[1] ・ 筏井宏実[2] ・ 宮田 健[1,3]
([1]鹿児島大大学院 農林水産学研究科 食品化学 ・ [2]北里大 獣医 獣医寄生虫学 ・ [3]鹿児島大大学院 連合農学研究科 食品化学)

ウシラクトフェリン (bLF) は鉄結合性の糖タンパク質であり、ウシの初乳に豊富に含まれている。我々は先に bLF が抗マラリア原虫機能を有することを見出している (1)。マラリアは、マラリア原虫が体内に感染することで引き起こされる感染症であり、世界三大感染症の一つである。マラリア原虫は赤血球感染時にヘモグロビンを栄養源として利用し、その代謝時に、原虫自身へ毒性を発揮するヘム鉄が遊離されるが、これを無害なヘモゾインへと結晶化する機構を持っている。bLF はヘム鉄と結合することでヘモゾイン形成を阻害、または形成されたヘモゾインとも相互作用し、分解することで抗マラリア原虫機能を示すと考えている。しかし、bLF 単独での抗マラリア原虫機能は既存抗マラリア薬に比べると弱く、単体での利用は現実的ではない。一方、現行のマラリア治療の第一選択薬であるアルテミシニン (ART) はペルオキシド架橋構造を有するセスキテルペンラクトンである。ART のもつペルオキシド架橋はヘム鉄依存的に開裂し、炭素中心のフリーラジカルを発生させる (2)。ART の抗マラリア原虫機能はこのフリーラジカルがマラリア原虫の生体分子を攻撃することで発揮されるため、bLF とは異なる作用機序を有する。そこで本研究では、bLF と ART の複合体 (bLF/ART complex) を作成し、両者の作用機序を組み合わせることで、高機能化した新規抗マラリア薬の創出を目指した。

複合体形成の評価として、ART と bLF の結合による立体構造の変化を利用した。構造変化は bLF に含まれるトリプトファン (Trp) の蛍光スペクトルにより評価した。さらに、bLF 表層の疎水性の変化を 8-アニリノ-1-ナフタレンスルホン酸 (ANS) を用いた蛍光解析により評価した。2 種類の蛍光スペクトル解析から、ART が bLF に結合することで、bLF 表層の疎水性を変化させていることが示された。

続いて、作出した複合体の in vitro での抗マラリア原虫機能（ヘモゾイン形成阻害能、ヘモゾイン分解能）を評価した結果、bLF/ART complex は bLF が本来持つ抗マラリア原虫機能を保持していることが示された。また、分子ドッキングシミュレーションソフト (MOE) を用いて、bLF と ART の結合箇所を予測したところ、ヘムとの結合部位とは異なる箇所での結合が予測された。これらの結果から、ART との結合は bLF のヘム鉄との相互作用を阻害しない可能性があると考えている。

今後は複合体作成条件の最適化、ネズミマラリア感染モデルを用いた in vivo での機能性評価を進める予定である。

［文献］

(1) Obayashi, *et al*. (2024) *Sci Rep* **14**, 20344.
(2) Wang, *et al*. (2015) *Nat Commun* **6**, 10111.

# Blimp−1 過剰発現は、広東住血線虫感染時の FDG−PET で検出可能な好酸球性神経炎症およびグリア活性化を抑制する

# Blimp-1 Overexpression Attenuates FDG-PET–Detectable Eosinophilic Neuroinflammation and Glial Activation During *Angiostrongylus cantonensis* Infection

○Hung-Yang Wang[1, 5] ・ Kang-Wei Chang [1, 2] ・ Ming-Hong Lin[3] ・ Lian-Chen Wang[4] ・ Po-Ching Cheng[5]

([1] 台北医学大学医学院医学科学研究所（台湾・台北）・[2] 台北医学大学実験動物センター（台湾・台北 110301）・[3] 高雄医学大学医学院医学部微生物学・免疫学科（台湾・高雄）・[4] 長庚大学医学院寄生虫学科（台湾・桃園）・[5] 台北医学大学医学院医学部分子寄生虫学・熱帯医学科（台湾・台北））

*Angiostrongylus cantonensis* is a major causative agent of human eosinophilic meningitis; larval invasion of the central nervous system (CNS) triggers a robust immunopathological response. B lymphocyte-induced maturation protein-1 (Blimp-1) is a key transcription factor regulating T cell differentiation and immune homeostasis, but its specific role in this CNS immunopathological response remains unclear.

In this study, we used T cell-specific Blimp-1 transgenic (Tg) NOD mice as an animal model, comparing Tg(+) mice (which overexpress Blimp-1 in T cells) with Tg(-) littermate controls with respect to brain metabolic changes following infection. In vivo $^{18}$F-FDG PET/CT imaging was performed at 4 and 5 weeks post-infection to assess brain metabolic activity.

PET/CT imaging revealed markedly divergent trends between the two groups. $^{18}$F-FDG accumulation in the brains of Tg(-) mice increased progressively with infection time. In contrast, Tg(+) mice exhibited a higher baseline metabolic background prior to infection, yet showed only a limited increase in uptake after infection, in clear contrast to the sustained rise observed in Tg(-) mice.

This $^{18}$F-FDG PET/CT in vivo imaging platform was previously applied to evaluate brain metabolic changes in BALB/c and C57BL/6 mice at 2 to 4 weeks post-infection; the present study further extends its application to assess the immunoregulatory effects of Blimp-1 overexpression in Tg NOD mice at 4 and 5 weeks post-infection, demonstrating the platform's flexibility across different time points, genotypes, and strain backgrounds of *A. cantonensis* infection models. Histopathological and molecular-level validation analyses are currently ongoing, with preliminary results consistent with the PET imaging trends. Taken together, this study supports the potential of $^{18}$F-FDG PET/CT as a non-invasive imaging tool capable of providing objective, quantifiable evidence for disease course assessment in eosinophilic meningitis, with future extension to earlier stages of infection potentially offering more timely reference for clinical diagnosis.

# 犬回虫第三期幼虫排泄分泌タンパク質（TcL3ESP）による日和見・多剤耐性肺炎クレブシエラに対する抗菌活性、殺菌メカニズムおよびバイオフィルム抑制効果

# Antimicrobial Activity, Bactericidal Mechanism, and Biofilm-Inhibitory Effects of *Toxocara canis* Larval Excretory-Secretory Proteins (TcL3ESP) against Opportunistic and Multidrug-Resistant *Klebsiella pneumoniae*

○Ching-An Lee [1, 2] ・ Yi-Hsuan Ma [1, 2] ・ Chia-Kwung Fan [1, 2]
([1] 台北医学大学医学院医学科学研究所（台湾・台北） ・ [2] 台北医学大学医学院医学部分子寄生虫学・熱帯医学科（台湾・台北））

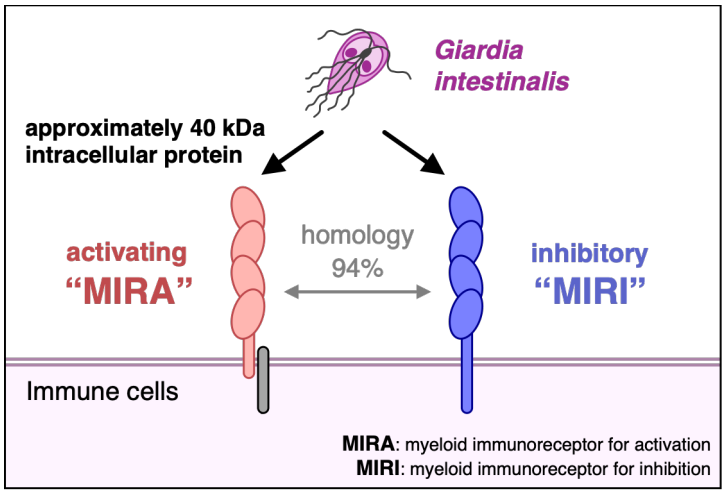
*Klebsiella pneumoniae* is an important opportunistic nosocomial pathogen, and its multidrug-resistant strains (MDRKP) pose a serious threat to global healthcare. The excretory-secretory proteins of *Toxocara canis* third-stage larvae ($TcL_3ESP$) must contend with intestinal microbiota during the process of host invasion, suggesting potential antimicrobial properties. This study aimed to evaluate the antimicrobial activity of $TcL_3ESP$ against standard and multidrug-resistant *K. pneumoniae* strains, and to assess its physicochemical stability, bactericidal kinetics, mechanism of action, and ability to inhibit biofilm formation.

$TcL_3ESP$ demonstrated potent antimicrobial activity against ATCC 13883, MDR-*KP* (D063), and MDR-*KP* (E092), with MIC values ranging from 0.5 to 1 μg/mL and MBC values ranging from 1 to 4 μg/mL. Following thermal treatment (55 °C and 100 °C), extreme pH conditions (pH 2 and pH 11), and proteolytic digestion with pepsin or trypsin, $TcL_3ESP$ retained stable antimicrobial activity. Time-kill assays revealed rapid, dose-dependent bactericidal kinetics, and scanning electron microscopy confirmed that $TcL_3ESP$ induces progressive morphological disruption of the bacterial cell membrane, consistently observed across both antibiotic-susceptible and multidrug-resistant isolates. Furthermore, $TcL_3ESP$ demonstrated dose-dependent inhibitory effects on both planktonic growth and biofilm formation across all three strains, although the low-dose biofilm response varied among the tested isolates. These findings suggest that $TcL_3ESP$ holds promise as a candidate antimicrobial agent against multidrug-resistant *K. pneumoniae* infections and warrants further investigation into its therapeutic potential.

# ペア型受容体によって認識されるジアルジアのリガンド同定
# Identification of a Giardia ligand for human paired receptors

○石塚茂宜[1]・三宅靖延[1]・風間真[2]・見市文香[2]・吉田裕樹[1]
([1]佐賀大学医学部・[2]長崎大学熱帯医学研究所)

感染症の病態形成には病原体と宿主免疫系の相互作用が重要である。しかしながら、自然免疫細胞による原虫の認識機構は未解明な点が多い。我々はこれまでに、原虫に応答するヒト自然免疫受容体の準網羅的スクリーニング系を構築し、腸管寄生原虫 *Giardia intestinalis*(ジアルジア)が機能未知の受容体 MIRA(活性型)および MIRI(抑制型)に認識されることを見出した。これらは細胞外領域の相同性が極めて高い「ペア型受容体」であり、共通のジアルジアリガンドを介して免疫応答を賦活と抑制の双方向に制御すると考えられる。現在、MIRA-Fc 融合タンパク質およびレポーター細胞を用いてリガンド同定を進めており、求めるリガンドはジアルジアの約 40 kDa 細胞内タンパク質であることが判明した。さらに、MIRA-Fc による IP 溶液の質量分析とパブリックデータベースとの照合により、リガンド候補を 66 分子に絞り込んだ。今後は、リガンドの特定を最優先事項に設定しつつ、並行して、①腸管における MIRA/MIRI 発現細胞の特定、②ジアルジア刺激による MIRA/MIRI の発現誘導の解析を通し、感染病態における生理学的意義を検討する。



# ランブル鞭毛虫における除膜モデル作製の試み
# An Attempt to Prepare a Demembranated Model of *Giardia duodenalis*

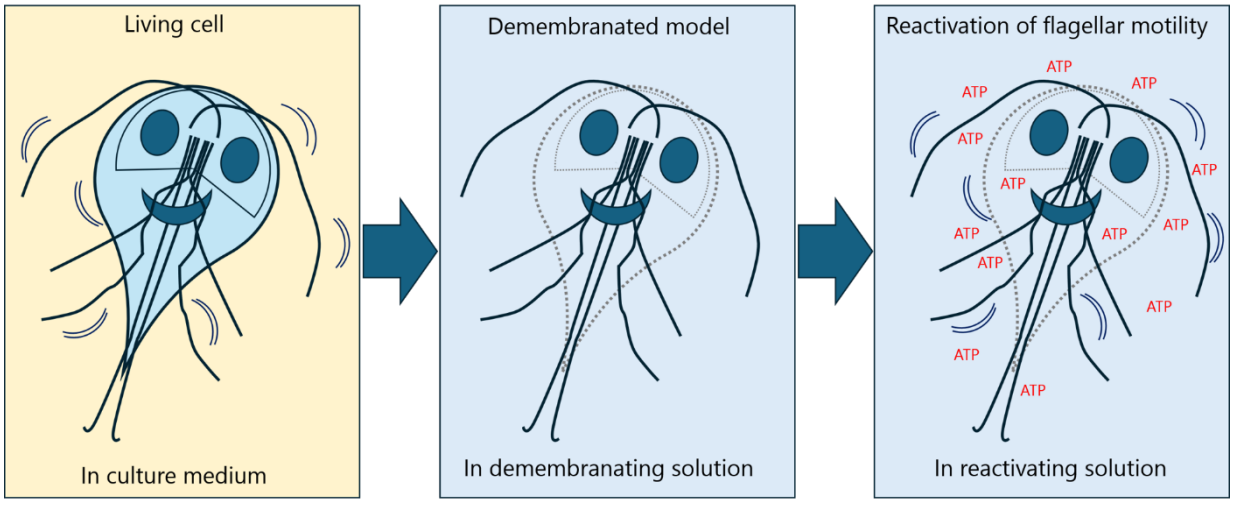
○風間真 ・ 迎智秋 ・ 見市文香
長崎大学熱帯医学研究所

真核細胞生物に見られる細胞運動は、細胞骨格とモータータンパクの相互作用によって動力を発し、その運動器官はチューブリン-ダイニン系とアクチン-ミオシン系に大別される。

腸管寄生原虫のランブル鞭毛虫 *Giardia duodenalis*(*G. intestinalis* および *G. lamblia* はシノニム)はチューブリンで構成される 4 対 8 本の鞭毛を巧みに操り、Falling-Leaf Motility と呼ばれる複雑な運動様式を示す。自身の中心軸を回転軸とした自転運動や推進方向を急転換するターン運動の組み合わせは、4 対 8 本の鞭毛を無暗に動かすだけでは再現不可能である。ランブル鞭毛虫が個々の鞭毛運動をどのように調節しているのか、またどういった調節因子が関与するのか、これらの疑問を解決するために除膜モデルの作製を試みた。

除膜モデルは界面活性剤などで細胞膜を除去、あるいは穴をあけ、鞭毛軸糸を露出させる実験系であり、直接的にチューブリン-ダイニン系を刺激する運動モデルである(下図)。除膜によって細胞内環境を維持できなくなるため鞭毛運動は停止するが、外部から ATP を加えることで鞭毛運動は再活性化する。同時に調節因子となる細胞内シグナル分子を添加することで運動性の変化を視覚的に認識できるため、どのような分子が運動調節に関わるかを調べることが可能である。この特徴を活かして、多くの生物種で鞭毛運動の解析に用いられてきた細胞運動モデルである。

ランブル鞭毛虫の除膜モデル作製にあたって、ウニ精子、ウシ精子、ボルボックス、リーシュマニア、クリシジア、ゾウリムシ、クラミドモナスの知見を参照にし、また除膜処理液と再活性化溶液の組成の一部を改変することで、ランブル鞭毛虫除膜モデルの作製に成功した。また運動の再活性化も確認できた。除膜処理液中の界面活性剤はリーシュマニア等のモデル作製と比べて低濃度で、運動の再活性化は ATP と pH に依存的であった。このモデルを用いて、今後はランブル鞭毛虫で働く細胞内シグナル分子を特定し、8 本の鞭毛をどのように制御しているか解明することを目指す。



# 福岡市内の神社で実施した蚊防除と4年間の調査の記録
# Four-year investigation and mosquito control at a shrine in Fukuoka City

○菊池寛[1] ・ 坂本光[1] ・ 荻野和正[2,3]
([1]株式会社サニックス ・ [2]産業医科大学免疫学･寄生虫学講座 ・ [3]株式会社三共消毒)

ヒトスジシマカ(*Aedes albopictus*)は感染症の重要なベクターであるだけでなく、吸血によってかゆみをもたらす不快害虫としての側面もある。特に、日中の野外における高い吸血意欲に起因して、大規模な屋外イベント時等において深刻な問題になりやすい。当社では、福岡市内の神社で開催される野外コンサートにおける蚊防除を2016年より請け負っており、2023年からは、蚊の発生が盛んになる4月から10月頃にかけて毎月1回の生息調査を実施してきた。今回は、その調査の結果をまとめて報告する。

また、マイクロサテライトマーカーを利用した個体群構造の解析によって対策が不十分だった箇所を探索するという試みを2024年から2025年にかけて実施した。2024年の結果をもとに、2025年には重点対策箇所を設定して薬剤処理を実施したが、リサージェンスの傾向は例年と変わらなかった。2025年の薬剤処理後の蚊を採集してその遺伝的特徴を解析したところ、薬剤処理前の集団と異なる遺伝子型を示す個体が確認された。この結果から、当該神社におけるリサージェンスは外部からの侵入個体によって促されていることが示唆された。

# 養鶏場害虫ワクモ卵の発生段階と段階に関連するNeem製剤の発生制御効果
# Developmental stages of red poultry mite's egg and the growth regulated effect of neem product depended on the egg's stages

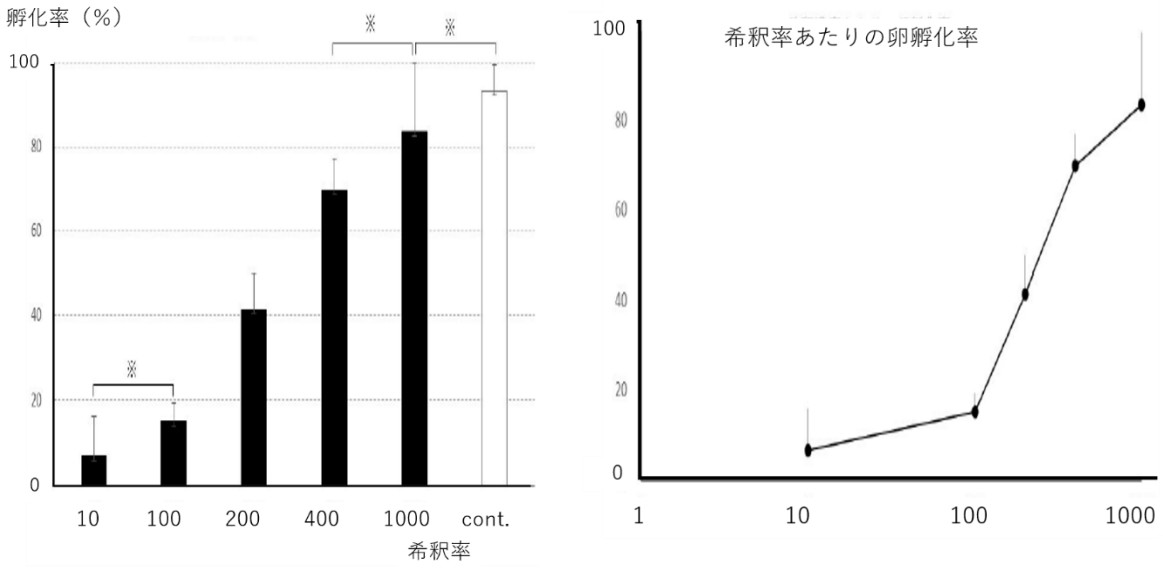
○荻野和正[1,2]・清水少一[2]・浅田研一[3]
([1]株式会社三共消毒・[2]産業医科大・医・免疫学寄生虫学・[3]福岡養蜂研究会)

各種IGR（Insect Growth Regulator）化合物の発生制御効果に対し、昆虫は発生段階によって感受性が変化する。このため、有効なStageと効果が無いStageが生じるが、卵に関しても発生段階によって同様な傾向が見られた。

今回、インドセンダン（ニーム）抽出物30%含有する天然物由来成分で構成された液剤のワクモ卵への効果を検証した。本剤に含有されるニーム抽出物は、広範囲の節足動物類に対し生理作用を持つことが知られており、その効果の一つとして発生制御が知られている。ワクモは世界各地の養鶏場に常在するニワトリ寄生性中気門類ダニであり、吸血、感染症媒介などの被害を与える。

今回、産下直後に近い卵を選別して対照区がほぼ 100%孵化する試験系を設計した上で、ニーム液剤に被曝した際の卵孵化状況を観察した。孵化判定は72 時間までに孵化したものを孵化個体とし、孵化後の幼虫については生死を計数、観察していない。試験液は供試検体を10 倍、100 倍、200 倍、400 倍及び1000 倍に希釈したものを用い、対照は蒸留水とした。

観察の結果、卵が孵化阻害効果の影響を受けるのは、産下から24時間程度の卵内に表割が見える段階までで、卵内で組織形成が明白に進んだ産下後48時間以降では孵化失敗せず正常孵化した。また、孵化阻害効果を示す濃度は400倍希釈以上であり、卓効といえる80%以上の孵化阻害が発現する濃度は100倍希釈（ニーム抽出物濃度として0.3%）以上で濃度依存性は確認できた。




本現象は以前報告した青色LED放射の致死効果が生じる卵のStageと同様の傾向であった。

［文献］Koul, O. (2004)　Neem: today and in the new millennium, Springer

# Are insecticide resistance marker frequencies comparable between mosquitoes collected by PSCs and CDC light traps?

○Ouko Muga[1,2,3,4], George O. Sonye[3], Peter Lutiali[4], Beatrice Awuor[4], Aoi Matsukawa[2], Steven Gowelo[2,6], Stephen Munga[4,5], Kyoko Futami[1,2], Toshihiko Sunahara[1,2], Noboru Minakawa[1,2]

([1] TMGH, Nagasaki University, [2] Nekken, Nagasaki University, [3] Ability to Solve by Knowledge (ASK), [4] NUITM/KEMRI project, [5] Center for Global Health Research/ Kenya Medical Research Institute, [6] Mzuzu University)

**Background:**

Malaria vector surveillance is essential for monitoring transmission and evaluating vector control interventions. However, increasing insecticide resistance and behavioural adaptations associated with intensive vector control may alter the characteristics of mosquito populations sampled, potentially affecting estimates of key entomological indicators across sampling methods. Previously, we compared pyrethrum spray catches (PSCs) and CDC miniature light traps (CDC-LTs), two widely used methods for indoor mosquito surveillance, using mosquitoes collected in western Kenya across two distinct sampling phases. We found that CDC-LTs collected more *Anopheles funestus* sensu stricto (s.s.) and *Anopheles rivulorum*, whereas collections of *Anopheles arabiensis* and *Plasmodium* sporozoite rates were comparable between the methods. In contrast, PSCs collected a higher proportion of blood-fed mosquitoes.

However, whether these methods provide comparable estimates of insecticide resistance-associated marker frequencies remains unclear. This is particularly important because PSCs rely on insecticide to knock down mosquitoes, and mosquitoes that differ in susceptibility may differ in their likelihood of being collected. If resistant and susceptible mosquitoes are differentially represented, estimated marker frequencies may not accurately reflect the underlying mosquito population, potentially compromising insecticide resistance surveillance and the evidence used to guide vector control interventions. The aim of this analysis was therefore to compare insecticide resistance-associated marker frequencies among mosquitoes collected by PSCs and CDC-LTs.

**Methods:**

We genotyped mosquitoes collected using PSCs and CDC-LTs for insecticide resistance-associated markers linked to pyrethroid resistance. These included the substitution of glycine to alanine at codon 454 (G454A) of the cytochrome P450 gene (*CYP9K1*) in 629 *An. funestus* group mosquitoes (448 *An. funestus* s.s. and 181 *An. rivulorum*), and the substitutions of leucine to phenylalanine, and leucine to serine at codon 1014 (L1014F and L1014S) of the voltage-gated sodium channel gene in 800 *An. gambiae* complex mosquitoes (12 *An. gambiae* s.s. and 788 *An. arabiensis*).

**Results:**

The G454A mutation was present in all successfully genotyped *An. funestus* s.s. and *An. rivulorum*, while all *An. gambiae* s.s. carried the L1014S mutation but no L1014F mutation. In contrast, *An. arabiensis* lacked L1014S, while L1014F occurred at a low frequency, with 37 (4.7%) individuals carrying it in the heterozygous state. Among *An. arabiensis*, CDC-LTs showed higher L1014F frequencies than PSCs in the early phase (OR 5.36; 95% CI: 1.51–29.04), but not in the late phase.

**Conclusions:**

PSCs and CDC-LTs generally produced comparable resistance marker frequencies, however, L1014F frequencies in *An. arabiensis* varied by sampling phase and method and the reason for this variation remains unclear. This variation, together with the low frequency of L1014F, highlights the need for continued insecticide resistance surveillance in *An. arabiensis*, which is becoming the predominant species within the *An. gambiae* complex in this study area.

**Keywords:** Insecticide resistance; Pyrethrum spray catches; CDC light traps; Malaria vector surveillance.

# 福岡空港周辺におけるヒトスジシマカの個体数変動調査と kdr 変異検出

# Population Dynamics of Aedes albopictus and Detection of kdr Mutations around Fukuoka Airport

○松石 優輝[1] ・ 藤田 龍介[2] ・ 宋 閣徳嘉[2]
([1] 九州大学 昆虫ゲノム科学研究室 ・ [2] 九州大学 衛生昆虫学研究室)

ヤブカが媒介するデング熱・チクングニア熱等のアルボウイルス感染症は世界的な公衆衛生上の課題であり、東南アジア地域のヤブカ集団では kdr 変異によるピレスロイド抵抗性の発達が報告されている。福岡空港のような東南アジア国際線就航数の多い空港がある地域は外来昆虫の侵入リスクが高く、これらのピレスロイド抵抗性ヒトスジシマカが国内に侵入したとしても国内個体群との識別が困難である。そのため、ゲノム解析等の手法により抵抗性個体の流入状況を把握する必要がある。本研究は、福岡空港周辺においてヒトスジシマカの個体数変動調査と kdr 変異(V1016G、F1534C)検出を行い、国内における kdr 変異の現状把握を目的とする。

福岡空港周辺の 8 地点においてライトなし CDC ライトトラップ($CO_2$ 誘引)による定期的な捕集を行い、成虫個体の種同定及び個体数変動の調査を行った。また捕集個体の脚から HOT SHOT 法により DNA を抽出し、TaqMan Probe 法による qPCR で kdr 変異(V1016G)の検出系を構築するとともに、シーケンス解析による配列確認を実施した。

2026 年 5 月からこれまでに 18 回の調査を行い、2381 個体(メス 1935、オス 446)のヒトスジシマカを捕集した。kdr 検出系については、複数地点由来個体を用いて qPCR が安定して行えることをシーケンス解析により確認した。福岡空港周辺で捕集した個体および福岡空港検疫所の協力のもと空港敷地内で捕集された個体についても解析を行い kdr 変異頻度データを得た。

# 野生型シノビ・テトラウイルスの生態学的およびゲノム的特徴の解明

# Ecological and genomic characterization of wild-type Shinobi Tetravirus

○Blumberg Brian[1] ・ Fujita Ryosuke[2]

([1]生物環境科学府九州大学 ・ [2]農学部九州大学)

Shinobi tetravirus (SHTV) is an insect-specific virus that has gathered significant attention for its ability to reduce flavivirus infectious titers in C6/36 cell lines. Our previous surveillance of SHTV in Fukuoka mosquito populations established widespread but fluctuating infection dynamics, alongside varied genetic divergence across all three viral protein-coding regions. However, the complete genomic sequence remained unresolved. In this study, we utilized a RACE protocol in an effort to reveal the complete SHTV genome. We uncovered further genomic deviations from previously characterized strains, raising the question of whether wild and laboratory strains elicit different host cell responses to flavivirus infection.

Furthermore, to better understand SHTV ecology, we analyzed field-sampled populations and found that natural SHTV infection in wild-caught larvae is substantially rarer than previously estimated. This prompts an evaluation of whether pre-existing SHTV infection is essential for flavivirus inhibition. Finally, through controlled *in vivo* experiments, we demonstrate that wild-type SHTV transmission is strongly driven by horizontal transfer among *Aedes albopictus* mosquitoes. Together, these findings refine our understanding of SHTV transmission dynamics and genetic diversity, providing critical baseline data for future research into insect-specific viral ecology.

# 戦中戦後に天草市牛深町に定着したネッタイシマカの侵入および絶滅に関する新知見
# New Insights into the Introduction and Extinction of *Aedes aegypti* Established during and after World War II in Ushibuka, Amakusa City, Japan

野尻慎介[1,2] ・ 砂原俊彦[3] ・ 皆川 昇[3] ・ 比嘉由紀子[4] ・ ○二見恭子[3]
([1]長崎大学 TMGH ・ [2]福井県立丸岡高校 ・ [3]長崎大学熱研・ [4] JIHS 感染研)

ネッタイシマカ *Aedes aegypti* は、世界的にデング熱や黄熱の主要な媒介蚊である。本種は熱帯・亜熱帯に分布し、低温耐性が低いため温帯には分布しないとされてきたが、近年、ヨーロッパやアメリカ合衆国、アルゼンチンの温帯地域に侵入・定着している。定着の要因として、侵入後に温帯気候に適応した可能性や、現地の微気候が本種の生理的耐性範囲内であった可能性が示唆される。

日本においても、熊本県天草市牛深にネッタイシマカが侵入し、戦中戦後の約8年間にわたり定着していた。しかし、本種がどのように侵入し、温帯で長期間集団を維持し、そして絶滅に至ったのかについては十分に明らかにされていない。現在、グローバルな人流・物流に伴い、諸外国と同様にネッタイシマカが日本に再侵入・再定着することが危惧されており、当時の牛深における定着と絶滅の経緯を解明することは、将来の蚊媒介性感染症対策においても極めて重要である。

牛深への侵入経路については、南方からの軍用船による運搬説と、1944 年のデング熱流行時に長崎港の船で見つかった集団が能動的に移動したという説が挙げられてきた(堀田 1998)。しかし、長崎からの能動的な移動は、距離の長さや、当時牛深や南方と交流のあった九州内の他の港湾都市で本種が発見されなかったことから考えにくい(操ら 1947)。一方で、戦時中に軍用船が牛深に寄港した公式記録はこれまで発見されていなかった(堀田 1998)。そこで本研究では、牛深への侵入経路、当時の生息環境、および絶滅の原因について検討を行った。本講演では、特に侵入経路と絶滅原因に関する新たな知見について報告する。

我々は南方からの軍用船で運ばれた可能性を再検討し、デジタルアーカイブにおいて軍用船の行動記録を検索・解析した。その結果、1944 年 8 月から 10 月にかけて、本種の生息地である沖縄に滞在した後に牛深へ碇泊した複数の軍事関連船舶の記録を発見した。牛深におけるデング熱流行は 1944 年 8 月 25 日に最初の患者が報告され、9 月から 10 月にかけて流行のピークを迎え、11 月 15 日に最後の患者が報告されて以降収束した(小栗ら 1947)。また、牛深で初めてネッタイシマカが発見されたのは 1944 年 10 月下旬(小栗・小林 1947)であることから、これらの船舶が奄美諸島以南の生息地からネッタイシマカを運んだ直接的な原因となった可能性が強く示唆された。

さらに、天草アーカイブスの資料調査により、1953 年 8 月に町役場主導で防疫対策が行われた記録が発見された。前年(1952 年)の調査ですでにネッタイシマカの密度が低下していたこと(大藤 1963)を踏まえると、この集中的な防疫対策が牛深における本種の最終的な根絶・絶滅を決定づけたと考えられる。

本研究の主な発見は、近年公文書等の過去の記録がデジタルアーカイブ化されたことによるものである。当時は南方戦線に対する中継基地として輸送船等の出入りが頻繁であったことから(小栗ら 1947)、今後、さらなる資料の発掘により、当時の侵入と定着の動向がより詳細に解明されると期待される。

[文献]

堀田(1997) 衛生動物, 49 (4): 267-274.
操ら(1947) 臨床と研究, 24 (3): 109-114.
小栗・小林(1947) 熊本医科大学衛生学教室研究報告, pp. 83-90.
小栗ら(1947) 熊本医科大学衛生学教室研究報告, pp. 1-34.
大藤(1963) 熱帯医学, 5 (4): 209-222.

# 蚊採集のための新型ライトトラップの開発

# Development of new light traps for mosquito collection

○砂原俊彦[1]
Toshihiko Sunahara
([1]長崎大学熱帯医学研究所病害動物学分野)

夜行性の蚊の採集にはライトトラップがよく用いられる。世界的なスタンダードとなっている CDC ライトトラップは優れた採集能力を示すが、6V のバッテリーが必要なこと、製品の価格が高いことから、フィールドで多くのトラップを同時に稼働させるような研究がやりにくい。このような問題を解決するために単三乾電池 2 本程度で稼働できる安価なライトトラップの開発を試みている。現在まだ開発途中であるが、その過程について報告する。

トラップの基本構造は CDC ライトトラップと同様である。ライトで蚊を誘引させモーターで駆動するファンによる気流で吸い込みネットに回収する。CDC ライトトラップは光源として白熱球が用いられているが、省電力のため白色 LED を光源とする。またモーターは 1.5V の低電圧でファンを回せるタミヤソーラーモーター01(マブチ RH270RH)を使用する。1.5V の乾電池 2 本を直列に繋いで3V の電源を作り、LED にはそのまま3V の電圧を、モーターには抵抗を挟んで 1.5V に降圧させた電圧を導く。玩具用やドローンのパーツ等の用途で様々なタイプのファンが販売されており、吸引力が強いものを探索している。トラップ本体は3D プリンターで作成することでサイズや形状などを自在に変更することができ、試行錯誤の後に最適な採集効率のトラップのデザインが期待できる。

最終的には乾電池だけでなく5V のモバイルバッテリーからUSB ケーブルで給電できるように改良し、さらにタイマー制御で特定の時間だけ稼働させた後、蚊が逃げないように開閉式の扉をつける予定である。これを 4 セット組み合わせれば、例えば一晩を 3 時間ごとの4つの時間区分に分けたサンプルを採集できることになる。マラリア媒介蚊の活動時間の特定に利用することを目指している。

# 鹿児島県甑島列島におけるブユ類の分布現状
# Current distribution of black flies in the Koshiki Islands, Kagoshima Prefecture, Japan

○大塚　靖[1]
([1]鹿児島大学国際島嶼教育研究センター)

鹿児島県甑島列島では、同列島で採集された標本をもとに2種のブユ(サツマツノマユブユ *Simulium satsumense*、コシキツノマユブユ *S. koshikiense*)の記載が行われている。本発表では、甑島列島における現在のブユ類の分布状況を明らかにするとともに、同島ゆかりの種の保全状況および分子系統学的評価を行うことを目的とした。

2020 年 3 月および 11 月に甑島列島にて現地調査を実施した。調査の結果、上甑島で 5 種(ヒロシマツノマユブユ *S. aureohirtum*、ウチダツノマユブユ *S. uchidai*、キアシツメトゲブユ *S. bidentatum*、ヒメアシマダラブユ *S. arakawae*、アシマダラブユ *S. japonicum*)、下甑島で 6 種(ヒロシマツノマユブユ、ウチダツノマユブユ、キアシツメドゲブユ、アシマダラブユ、コシキツノマユブユ、ミエツノマユブユ *S. mie*)が採集され、ミエツノマユブユが甑島新記録種として確認された。過去に記録のあったサツマツノマユブユやオオイタツメトゲブユ *S. oitanum* は今回の調査で捕獲されず、中甑島では過去の調査と同様に生息が確認されなかった。また、人体飛来吸血採集では、優占種であるアシマダラブユが島内における主要な吸血被害の発生源であると推定された。

1976 年に下甑島手打の泥水路から新種記載された固有種サツマツノマユブユは、環境省レッドリストに掲載されているものの近年の調査では採集されていない。手打では稲作の中断や水路のコンクリート化に伴い、本種はその変化に適応できず、既に絶滅した可能性が極めて高いと考えられた。

一方、コシキツノマユブユは下甑島大川から採集された標本を基に、近縁種であるオタルツノマユブユ(*S. subcostatum*)の亜種として 1976 年に記載された。雌の額の形や小顎鬚の感覚胞の大きさ、受精嚢の形状などで区別されることから 2007 年に種に格上げされた。オタルツノマユブユとは塩基配列でもその違いが確認されているが、オタルツノマユブユとコシキツノマユブユは形態的識別がしばしば困難であったため、それらの分布域の再確認が必要と思われる。

甑島におけるブユ相の変化は、過度な環境変化が水生昆虫に与える影響の深刻さを示しており、今後も島嶼部および他地域における水系環境とブユ相のモニタリングを継続する必要がある。

# 一般演題

## 2 日目

# 盲腸内接種マウスモデルを用いた赤痢アメーバ感染動態および糞便脂質プロファイルの解析

# Analysis of infection dynamics and fecal lipid profiles in a murine cecal infection model of *Entamoeba histolytica*

○寺内優 ・ 山口タム ・ 見市文香
（長崎大学熱帯医学研究所）

赤痢アメーバ (*Entamoeba histolytica*) はヒトの大腸に寄生し、腸管アメーバ症やアメーバ性肝膿瘍を引き起こす寄生原虫である。感染者の多くは無症候性であるが一部では侵襲性疾患へ進展する。現在メトロニダゾールが治療に用いられているものの、副作用や薬剤耐性株出現の懸念があり、また実用化されたワクチンも存在しない。このため新規治療法および予防法の開発に向けて宿主と原虫との相互作用を含む病態形成機構の解明が求められている。*E. histolytica* はヒトを主要な宿主とするため、利用可能な動物モデルは限られている。その中で栄養体を盲腸内へ直接接種するマウス感染モデルは、アメーバ性大腸炎の病態を解析するための重要な実験系である。そこで本研究では、本モデルにおける *E. histolytica* の感染動態と、腸内環境を反映する糞便中脂質プロファイルの感染に伴う変化を明らかにすることを目的とした。

はじめに、感染個体を非侵襲的かつ経時的に評価するため、糞便中の *E. histolytica* DNA を検出する PCR 法を構築した。マウスから採取した糞便をビーズ式破砕装置で均質化し、QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit を用いて DNA を精製した。その後、*E. histolytica* 特異的プライマーを用いて PCR を行い、増幅産物の有無を評価した。同一個体から感染後 1、3、5 および 7 日目に糞便を採取して解析した結果、感染後の経過に伴い糞便中の *E. histolytica* DNA の検出頻度は低下した。以上より、本 PCR 法は同一個体における *E. histolytica* の排出動態を非侵襲的かつ経時的に評価する手法として利用できる可能性が示された。

寄生虫9

次に、*E. histolytica* 感染に伴う腸内環境の変化を明らかにするため、感染群および PBS を接種した偽処置群から糞便を回収しノンターゲットリピドミクスを実施した。糞便試料を破砕後、メタノール、methyl tert-butyl ether（MTBE）および水を用いた MTBE 抽出法により脂溶性画分を分離し、LC-QTOF/MS による測定に供した。得られたデータについて MS-DIAL version 5.5 を用いてピーク検出および脂質分子種のアノテーションを行い、感染群と偽処置群の糞便脂質プロファイルを比較した。さらに、群間で異なる挙動を示す脂質分子種を抽出し、*E. histolytica* 感染との関連を解析した。本発表では、感染群と偽処置群の脂質プロファイルの比較、および感染に伴って特徴的な変動を示した脂質分子種について報告する。

本研究により、盲腸内接種マウスモデルにおける *E. histolytica* の感染動態を、糞便 PCR によって非侵襲的かつ経時的に評価できる可能性が示された。さらにノンターゲットリピドミクスにより、感染に伴う糞便脂質プロファイルを包括的に評価する解析系を構築した。今後は特徴的な変動を示した脂質分子種について感染動態との関連を検証するとともに、これらの分子種を実験的に増減させることで、腸内脂質環境が *E. histolytica* の感染動態に及ぼす役割を明らかにする。

# Impact of Human Mass Drug Administration on Schistosoma haematobium infection in Intermediate Host Snails: Preliminary Findings from Kwale County, Kenya

○Ayako Hyuga[1] ・ Salim Kaneno[2] ・ Swaleh Hamisi[2] ・ Scholastica Wagalla[3] ・ Mike Odiwuor[3] ・ Collins Ouma[4] ・ Martin Mutuku[5] ・ Sammy Njenga[5] ・ Shinjiro Hamano[1] ・ Kyoko Futami[1]
([1]Nagasaki University ・ [2]Chemichemi ・ [3]CHADEP ・ [4]Maseno University ・ [5]Kenya Medical Research Institute)

Schistosomiasis is a neglected tropical disease caused by parasitic trematodes of the genus *Schistosoma*. In coastal Kenya, urogenital schistosomiasis caused by *Schistosoma haematobium* remains endemic and constitutes a major public health concern. Mass drug administration (MDA) with praziquantel reduces adult worm burden and environmental egg contamination. However, its impact on *Schistosoma* infection in intermediate host snails remains poorly understood.

To evaluate the impact of MDA targeting school-aged children, *Bulinus* snails were collected biweekly from three sampling sites along each of two rivers (Mwachale and Bububu) in Kwale County, Kenya, before and after MDA. Sampling was conducted from August to December in 2025, while MDA was implemented between late August and early September 2025. Collected snails were maintained in the laboratory and screened for infection weekly for four weeks by exposure to light to stimulate cercarial shedding. Snails and shed *Schistosoma*-like cercariae were preserved, and species identification was performed using conventional PCR.

The mean cumulative cercarial shedding percentage across the three sampling sites in the Mwachale River was 11.9% immediately before MDA and declined to 2.1% one month after MDA, remaining between 0% and 2.5% throughout the three-month post-MDA period. In contrast, the mean cumulative cercarial shedding percentage in the Bububu River was 5.9% before MDA and fluctuated between 1.6% and 8.6% during the three-month post-MDA period, with no consistent reduction observed. All *Schistosoma*-like cercariae were molecularly confirmed as *S. haematobium*.

The patterns of cercarial shedding during the post-MDA period differed between the two rivers, potentially reflecting differences in habitat characteristics and snail population dynamics. Continued longitudinal monitoring of snail populations and *S. haematobium* infection is needed to better understand transmission dynamics and evaluate the long-term impact of MDA on parasite transmission. Furthermore, snails that did not shed cercariae during laboratory observation will be screened using molecular methods to assess infection prevalence more accurately.

# 自然感染牛における *Eimeria* 属原虫の長期感染動態および宿主の抵抗性獲得状況調査
# Long-term infection dynamics of *Eimeria* spp. and host resistance acquisition in naturally infected cattle

○田中 駿旭[1,2]・川崎 夏稀[2,3]・松林 誠[4]・松尾 智英[1,3]
(1. 鹿児島大学共同獣医学研究科寄生虫病学・2. 鹿児島県農業共済組合・3. 鹿児島大学共同獣医学部寄生虫病学・4. 大阪公立大学大学院獣医学研究科獣医免疫学)

牛に寄生する *Eimeria* 属原虫（アピコンプレックス門）は、非常に強い宿主特異性を持つ消化管寄生性原虫である。これらの原虫が引き起こすコクシジウム症は、原虫が腸管組織に侵入・増殖する際に生じる組織損傷に伴う下痢や血便を主徴とし、畜産業において深刻な経済的損害をもたらしている。現在、牛に感染する *Eimeria* 属原虫として13種が知られており、種によって病原性が異なる。例えば、*E. bovis* および *E. zuernii* は高い病原性を持ち、重篤な下痢や血便、時には死亡を引き起こす一方、*E. alabamensis* は水様性下痢と関連し、比較的病原性が低いとされる *E. cylindrica* および *E. ellipsoidalis* についても下痢との関連が指摘されている。さらに、明らかな臨床症状を示さない不顕性感染であっても、持続的な消化管組織への侵襲によって飼料効率および増体率の低下を招き、畜産業に経済的損失をもたらすことが問題となっている。

野外の自然感染牛は、農場環境中の原虫に繰り返し曝露されるため、長期間にわたりオーシストを排泄し続ける可能性がある。畜産現場では若齢牛の発症を抑えるため、抗コクシジウム薬のメタフィラクティック投与、すなわち発症前であっても感染が成立していると推定される時期に、感染リスクのある牛群に対して行う投薬が広く用いられている。しかしながら、投薬後しばらくしてからオーシスト排泄数が再び増加することや下痢が再発することが報告されており、感染を完全に制御するには至っていない。さらに、このような感染動態に対し、作用期間の長い薬剤を用いて原虫への曝露機会を過度に減少させると、宿主の種特異的な免疫獲得を遅延させる可能性も指摘されている。今後の制御戦略を最適化するためには、単一時点の検査だけでなく、実際の農場環境下における自然感染牛の長期的な感染動態を詳細に把握することが不可欠である。そこで本研究では、野外環境における牛寄生性 *Eimeria* 属原虫の長期的な感染動態を明らかにするとともに、異なる投薬管理下におけるオーシスト排泄動態を比較し、宿主の抵抗性獲得との関連を調査することを目的とした。

調査は 2024 年 2 月から 2025 年 4 月にかけて、鹿児島県内の黒毛和種繁殖農場 2 戸（農場 A および農場 B）で実施した。農場 A は抗コクシジウム薬のメタフィラクティック投与を行わない非投薬農場であり、農場 B は生後 30 日齢にジクラズリル（1 mg/kg）を経口投与する農場である。各農場から無作為に抽出した子牛 5 頭ずつを対象とし、生後 30 日齢から 6 か月齢まで計 29 回にわたり直腸から糞便を採取した。採取した糞便を用いて、5 段階評価（0:正常, 1:ペースト状, 2:水様, 3:血液を含む水様, 4:血液と組織片を含む水様）による糞便性状のスコアリング、ショ糖液浮遊法によるオーシストの定量（OPG）、および Levine らの基準に基づく形態学的な種の同定を行った。さらに、糞便検体の一部（計 14 検体）について、種特異的プライマーを用いた PCR 法による種の同定を併せて実施した。糞便由来成分による PCR 反応の阻害を軽減しつつ、検体中に少数しか含まれない種の喪失を可能な限り防ぐため、PCR 前のオーシストの浮遊処理は 1 回のみとした。

形態学的鑑別の結果、両農場から計 9 種の *Eimeria* 属原虫（*E. bovis*, *E. zuernii*, *E. cylindrica*, *E. ellipsoidalis*, *E. alabamensis*, *E. subspherica*, *E. canadensis*, *E. auburnensis*, *E. bukidnonensis*）が検出された。調査期間全体を通じて、すべての個体から 2〜6 種が検出され、複数種による混合感染が確認された。非投薬農場である農場 A では、すべての個体において、病原性が高いとされる *E. bovis* および *E. zuernii* を含む複数種のオーシストが長期間にわたり持続的または反復して検出され、明確な連続陰性期間は認められなかった。調査期間を通じて糞便性状の多くは正常またはペースト状であり、血便などの重度の異常を示す個体はまれであった。このように、オーシスト排泄が長期間にわたって認められたにもかかわらず、糞便性状に重度の異常はほとんど認められなかったことから、感染そのものを完全に

は阻止できないものの、重症化を抑える程度の防御免疫が形成されていた可能性がある。一方、投薬農場である農場 B では、生後 30 日齢での投薬後、1 頭を除いて約 2 か月間にわたってオーシストが連続して検出されなかった。ジクラズリル製剤の作用期間は比較的短いとされており、原虫のプレパテントピリオドを考慮すると、この長期的な非検出を薬剤の直接的効果のみで説明することは困難である。したがって、この長期的なオーシストの非検出には、薬剤による一時的な生活環の遮断に加え、投薬前後の抗原曝露による宿主の獲得免疫および農場内の感染圧など、複数の要因が関与した可能性が示唆された。

*Eimeria* 種の鑑別において、種特異的 PCR 法は有用な分子学的手法である。しかしながら、糞便を用いた検査では、糞便由来成分による PCR 反応の阻害、オーシストの回収効率や破砕作用などの影響を受け、検出感度が低下しやすいことが知られている。実際に比較評価した 14 検体では、形態学的検査では認められず PCR 法のみで検出された例（8 検体）があった一方で、PCR 法では認められず形態学的検査のみで検出された例（9 検体）が存在した。顕微鏡を用いた形態学的検査は、検体中の密度が低くても視野内に偶発的に出現すれば検出できる可能性があるという利点を持つ。したがって、多種による複雑な混合感染の検出機会を高めるためには、形態学的検査と PCR 法を相補的に利用することが有用であると考えられた。

本研究により、実際の農場環境下における子牛では、多種の *Eimeria* 属原虫によるオーシスト排泄が長期間にわたり持続的または反復して認められることが示された。また、非投薬農場ではオーシスト排泄が継続して認められたにもかかわらず、糞便性状に重度の異常がほとんど認められなかったことから、自然感染下において、重症化を抑える程度の防御免疫が形成されていた可能性も示唆された。一方、投薬農場では、ジクラズリル投与後に、薬剤の直接的な作用のみでは説明しにくい長期的なオーシスト非検出期間が認められた。しかしながら、本研究の 2 群はそれぞれ異なる農場で飼養されていたため、投薬効果を直接比較することは難しく、オーシスト排泄が長期間にわたり抑制される詳細な機序や条件をより明らかにするためには、抗コクシジウム薬の薬物動態の評価、*Eimeria* 属原虫に対する宿主免疫応答の評価、および環境中オーシストの定量を含むさらなる研究が必要である。これらの結果を踏まえると、農場ごとの *Eimeria* 属原虫オーシストへの曝露状況を的確に把握し、子牛が環境中の複数種の原虫に一定程度曝露される時期や、宿主免疫が形成される時期を考慮して投薬時期を設定することが、制御戦略を最適化するうえで有用と考えられる。畜産現場におけるこうした *Eimeria* 属原虫の詳細な感染動態調査の蓄積は、今後の牛コクシジウム症制御戦略に貢献するであろう。

# 九州地域のニホンアナグマの住肉胞子虫保有状況
# Prevalence and Identification of *Sarcocystis* in Japanese Badgers in Kyushu

○林歩花[1] 吉田彩子[1,2] 入江隆夫[1,2]
([1]宮崎大学農学部獣医学科獣医寄生虫病学研究室 ・ [2]宮崎大学産業動物リサーチセンター)

【背景と目的】 住肉胞子虫は、中間宿主と終宿主の 2 つの宿主で生活環を形成するコクシジウム原虫である。中間宿主はスポロシストを摂取することで感染し、さまざまな筋肉にサルコシストが形成される。馬を中間宿主とする *Sarcocystis fayeri* について、サルコシストを含有する馬肉をヒトが加熱不十分な状態で摂取すると、下痢を主訴とする食中毒を誘発することが知られている。また、野生シカの肉においても、サルコシストが原因と推定されたヒトの有症事例が複数報告されている。

ニホンアナグマは北海道、沖縄を除く広い範囲に生息する食肉目動物である。シカと同様にジビエとして利用されており、九州が解体頭数の約 7 割を占める主要な産地となっている。一方で、ニホンアナグマにおける住肉胞子虫感染については情報が少ない。そこで、ヒトへのリスク評価を目的に、九州地域のニホンアナグマにおける住肉胞子虫の保有状況について調査を行った。

【材料と方法】 九州(福岡県、佐賀県)のアナグマ 10 頭から、咬筋、舌、心臓、横隔膜、肩、モモの筋肉を採取し、組織学的検査のために 1～2 cm 角を切り出したのち、残りを冷凍保存した。組織用試料は、中性緩衝ホルマリン溶液で固定後、常法に従い HE 染色標本を作製した。顕微鏡下で形態学的にサルコシストを検索し、部位ごとの感染の有無、および単位面積あたりの検出数に基づき寄生密度を算出した。またサルコシスト壁の厚さや表面突起の形状に基づき形態学的に鑑別した。

組織学的検査でサルコシスト陽性であった個体について、冷凍保存した各筋肉から実体顕微鏡下でサルコシストを1～10 個単離した。DNA 抽出後、18S rDNA 遺伝子領域の塩基配列を解読した。得られた配列について NCBI の BLAST を用いて相同性の高い登録種を検索した。

【結果】 ニホンアナグマ 10 頭のうち 7 頭(70%)がサルコシスト陽性であった。陽性個体では、全頭の舌と肩肉に寄生が認められた。咬筋、横隔膜、モモ肉には、それぞれ 6 頭ずつに寄生を認めた。一方、いずれの個体においても心筋は陰性であった。部位ごとの感染密度の中央値を比較したところ、有意ではないものの肩や横隔膜で他の筋肉より高い傾向が認められた。サルコシストは形態により 3 種類に分類された。1 つは壁が薄く表面は平滑、残りの 2 つは薄い壁の外側にそれぞれ 1 μm 未満、および 1 μm 以上の毛状の突起を備えていた。加えて、前 2 者のサルコシストの短径は 60 μm 以上であったのに対し、1 μm 以上の突起を有するサルコシストは短径が 40 μm と小型であった。

分子学的解析用の試料として、6 頭から合計 19 個のサルコシストを得た。このうち 15 個について、1,580 bp 以上の塩基配列を解読した。相同性検索の結果、*S. lutrae* と 100%一致するサルコシストが 6 個、*S. arctica* と 99.94%(1 塩基変異)一致するものが 8 個、および後者とは 1 塩基異なる配列を有するものが 1 個確認された。

【考察】 九州地域のニホンアナグマが極めて高率に住肉胞子虫を保有していることが明らかとなった。寄生部位として、多くの横紋筋が好適である一方、心臓は感染好適部位ではないことが示唆された。

分子学的に *S. lutrae* および *S. arctica* と高い相同性を示すサルコシストが得られ、前者は形態学的にも *S. lutrae* と矛盾はなかった。後者の形態を既報の *S. arctica* と比較すると、薄い壁を持つこと、およびその外側に長さ 1 μm 未満の突起を持つことは一致したが、突起の幅が既報の 1-1.5 μm に満たなかった。住肉胞子虫の一部の種では種内でも表面突起の形状に差異が知られていることから、後者のサルコシストは塩基配列の高い一致率に基づき *S. arctica* と同定した。

本研究より、ニホンアナグマにおいて *S. lutrae* と *S. arctica* の感染が初めて検出され、それぞれ 50%および 30%の感染率と推定された。また、同一個体に異なる形態のサルコシストが観察され、分子学的にも別種であると示唆されたことから、混合感染が起きていることが明らかになった。アナグマ肉の喫食に伴うリスク評価のためには、今回検出された種の病原性についても今後解析が必要と考えられる。

# テナガダラに寄生するアニサキス科幼虫を指標とした深海性鯨類の生息状況推定

○月足早希[1]・藤田実結[1]・西野勇馬[2]・熊谷貴[1]
([1]日本文理大学・[2]NPO 法人ジャパンゲームフィッシュ協会)

日本周辺海域は深海域が広く、多様な鯨類が生息しているところから、多種多様なアニサキス科線虫が分布すると考えらえる。浅海域では、待機宿主であるサバやアジから *Anisakis simplex* が検出される。日本近海には、約40種の鯨類が生息しているが、そのなかには観察例がきわめて少なく、その生態や分布が十分に解明されていない種も存在する。これまでの研究により、様々な深海魚から深海に生息する鯨類のアニサキス科線虫の幼虫が見つかることが報告されている。そこで本研究では、ソコダラ科魚類テナガダラに寄生するアニサキス科幼虫の種構成を解析し、深海に生息する鯨類の生息状況を推定する指標としての有用性について検討した。

本研究でテナガダラは、相模湾佐島沖(水深440mから520mで)採取されたテナガダラ5個体(体長70～77cm)を使用した。

内臓を人工消化液で処理して、アニサキス科幼虫を回収し、実体顕微鏡下で、頭部、胃部、尾部を観察し形態学的分類を行った。さらに、*Anisakis simplex s.l.*に分類された幼虫は、熱アルカリ法による DNA 抽出を行い、PCR-RFLP 法による種の同定を行った。

その結果、形態学的分類では *A. simplex s.l.*(83 個体)、*S. physeteris*(17 個体)、*S. brevispiculata*(7 個体)、*S. paggiae*(433個体)、*Pseudoterranova ceticola*(122 個体)計5種類が検出された。*Anisakis simplex s.l.*を PCR-RFLP 法で解析した結果、*A. simplex*(39 個体)、*A. berlandi*(10 個体)であった。

*S. physeteris*、*S. brevispiculata*、*S. paggiae* の終宿主は、コマッコウやオガワマッコウなどの深海に生息する鯨類であり、相模湾における観察例が限られている。しかしながら、本研究ではテナガダラからこの 3 種が高密度で検出されたことから、相模湾深海域ではこれらの鯨類によるテナガダラへの感染暴露が継続的かつ高密度に生じていることが示唆された。さらに、テナガダラは回遊性が低い深海魚であることから、その寄生虫相は地域に生息する深海性の鯨類相を反映する有用的な指標となる可能性が示された。

以上より、ソコダラ科魚類のテナガダラは、希少な鯨類の生息状況を推定する指標生物をして有望であると考えられる。今後は、他海域との比較解析を進めることで、本手法の汎用性および実用性についてさらに検討していく予定である。

# 市場流通魚を起点としたタイ肝吸虫症流行地域の推定
## ― ラオス・ビエンチャン周辺における巻貝・住民感染状況との比較 ―
## Estimation of *Opisthorchis viverrini* Endemic Areas Using Market Fish: Comparison with Infection Status of Snails and Residents around Vientiane, Lao PDR

○熊谷貴[1,2]、藤田実結[1,2]、月足早希[1,2]、Parita Hansana[2,3]、Pheovaly Soundala[2,3]、Sonesimmaly Sannikone[2,3]、Phonepadith Khattignavong[2,3], Virasack Banouvong[2,4], Boualam Khamlome[2,4], Philippe Buchy[2,3]、石上盛敏[2,3,5]

[1]日本文理大学、[2]ラオス SATREPS 寄生虫学プロジェクト、[3]ラオス国立パスツール研究所、[4]マラリア学・寄生虫学・昆虫学センター、[5]国立健康危機管理研究機構

ラオスではタイ肝吸虫症の感染率が高く、国民の 3 割以上が感染しているとされる。しかし、首都ビエンチャン周辺では、住民や感染源となる淡水魚の感染状況に関する情報が限られており、流行地域を把握するための基盤情報が不足している。前回の南日本支部大会では、ビエンチャン近郊の市場で販売される淡水魚を対象に、タイ肝吸虫（*Opisthorchis viverrini*: Ov）の感染状況を調査し、感染魚種を明らかにした。

本研究では、Ov 陽性魚の産地を特定するとともに、中間宿主巻貝および住民の感染状況を調査し、市場流通魚を起点とした流行地域の推定と感染リスクマップ作成の可能性を検討した。

Ov 陽性魚の採取地域である Thoulakhom 郡において、*Bithynia* 属巻貝の Ov 感染状況を LAMP 法により調査した。また、周辺 2 村（Hardsiew、Nongphong）において住民 209 名を対象に Kato-Katz 法による糞便検査を実施し、Ov 感染率を評価した。

その結果、2 村周辺で採取した *Bithynia* 属巻貝では、一方の村では感染巻貝は検出されなかったのに対し、もう一方の村では最大 8.7%の感染率が認められた。一方、住民の Ov 感染率は両村でそれぞれ Hardsiew 村では 50.3%、および Nongphong 村では 56.0%と高率であったが、両地域に大きな差は認められなかった。

以上より、市場流通魚を対象とした Ov-LAMP 検査は、流行地域の推定および感染リスク評価に有用な手法となる可能性が示された。一方で、巻貝から淡水魚への感染環が維持されているホットスポットを特定することは容易ではなく、感染経路をより詳細に把握するためには周辺地域を含めた継続的な調査が必要であると考えられた。

# JMTV 検出のための組換えタンパク質発現系の構築
# Construction of a Recombinant Protein Expression System for Serological Detection of JMTV

○田之上咲也[1] ・ 藤田龍介[2]
([1] 九州大学大学院　生物資源環境科学府　資源生物科学専攻・[2] 九州大学大学院　農学研究院)

マダニは野生動物やヒトを吸血し、ウイルスを含む多様な病原体を媒介する節足動物である。近年、国内外で新たなマダニ媒介性ウイルスが報告されており、その感染実態やヒトへの曝露リスクを把握することが課題となっている。Jingmen tick virus（JMTV）は、近年発見されたマダニから検出される分節型 RNA ウイルスの一種であり、海外ではヒト感染例も報告されている。しかし、JMTV は培養が困難であり、その機能については未解明な点が多い。地域におけるウイルス動態を明らかにする方法として ELISA 等の抗体検出が一般に用いられるが、JMTV については ELISA は開発されていない。そこで本研究は、JMTV の ELISA 系構築を目指した組換えタンパク質発現を実施した。現在、JMTV が有する 5 つの遺伝子（VP1, VP2, VP3, NSP1, NSP2）のうち 2 つ（VP2, NSP2）について組換えバキュロウイルスによるタンパク質発現を行った。また、VP1, VP3, NSP1, NSP2 には膜貫通領域（TM）が存在し、可溶性タンパク質としての精製が難しいと予想されるため、TM を除去した組換えタンパク質をデザインし、このうち NSP2-TMless の発現を実施した。いずれの組換えタンパク質も、可溶性としての発現を認め、特に NSP2 では TM 除去により可溶性が向上した。今後は他の遺伝子についても組換えタンパク質の発現を行い、JMTV の抗原分子の同定と ELISA の構築を進める。

# 凝集体を形成するレプトスピラの 2 次元拡散制限凝集モデル
# Aggregation of Pathogenic Bacteria Leptospira Using a two-dimensional Diffusion-Limited Aggregation Model

○白水 雄貴[1] ・ 本田 凜太郎[1] ・ 金 施亨[1] ・ 大内 幹雄[2]・ シャーミン タンジナ[1,2] ・
武下 俊宏[1] ・ 折居 英章[1,2] ・ 尾鶴 亮[3] ・三島 健司[1,2]
([1]福岡大院工 ・ [2]福岡大複合材料研・[3]福岡大医)

病原性レプトスピラ(Leptospira interrogans )は、ワイル病などのレプトスピラ症（leptospirosis）を引き起こす。菌の種類によりその凝集体には特徴があるので、医学的に菌の種類を判別するために、菌の凝集体写真を利用したシミュレーションが有効である可能性がある [1]。本研究では、画像関連に関して広く利用されている言語である Processing を用いて、2次元拡散律速凝集モデルにより、菌体の種類による凝集形態のモデル化について、菌体の接触判定条件並びに、菌のサイズ、形状をパラメータとして検討した。拡散律速凝集法は、ランダムウォークする粒子が固定された凝集粒子に接触することで成長するパターン形成を模擬する。ランダムウォークする移動粒子が固定された凝集粒子に隣接した際、モンテカルロ法で接着判定を行い、成功すれば新たな凝集粒子となる。接着に失敗した場合は再びランダムウォークを繰り返す。Processing で使用する病原性レプトスピラを円形と長方形でモデル化した。レプトスピラ自体は、線状の形状であるが、計算を簡略化するために、剛体である長方形と円とした。長方形の動きは、レプトスピラの動きを模して、長軸方向のランダムな角度振動と中心点のランダムウォークで表現した。円にした場合は、中心位置のランダムウォークで表現した。円のモデルでは、半径を2とし、長方形のモデルでは長辺と短の短辺の比を 5:1 とした。 画像処理に適した言語 Processing を用いて、拡散律速凝集モデルにより、菌体の種類による凝集形態のモデル化を行った。菌体の接触判定条件を調整することで、菌体の種類による凝集体の形態を再現することができた。

［文献］

[1] Toshihiro Takeshita, Tanjina Sharmin, Shota Nakamura, Atsuki Nishihara, Kazusa Mishima, Mikio Ouchi, Hideaki Orii, Makoto Misumi, Norimitsu Takamura, Koji Yoshida, Kazuhisa Matsunaga, Ryo Ozuru, Kenji Mishima. Simulation of aggregation of pathogenic bacteria leptospira using a two-dimensional diffusion-limited aggregation model. Journal of the Institute of Industrial Applications Engineers , 14(2), 72–77, (2026)

# ピリプロキシフェンの含浸およびカプセル化による徐放性製剤の開発
# Development of controlled-release formulations of pyriproxyfen using impregnation and encapsulation

○金施亨[1]・池崎　慧大[1]・シャーミン　タンジナ[1,2]・大内幹雄[2]・武下俊宏[1]・三島　健司[1,2]
([1]福岡大学工学部・[2]福岡大学複合材料研究所)

ピリプロキシフェン (PPF) は、蚊の幼虫から成虫への変態を阻害する幼若ホルモン類似体であり、蚊の発生防除に利用されている。本研究では、PPF の水中での放出を制御し、より持続的な防除効果を得ることを目的として、シリカ中空粒子への PPF 含浸および生分解性高分子ポリ-ε-カプロラクトン (PCL) を用いた PPF カプセル化という 2 種類の徐放化方法を検討した。含浸法では、PPF をエタノールに溶解し、シリカ中空粒子に含浸させた。得られた粒子の薬剤封入率は約 25%であり、水中で 7 日間にわたり PPF が持続的に放出されたことから、シリカ中空粒子が PPF の徐放担体として利用できる可能性が示された。一方、カプセル化では、超臨界二酸化炭素を用いた Particles from Gas-Saturated Solutions (PGSS) 法により PPF-PCL マイクロ粒子を調製した。60℃、10 MPa で得られた粒子の平均粒径は 73.6 ± 2 μm、封入効率は 78.8 ± 9%であった。PPF-PCL 粒子からは PPF が低濃度で長期間放出され、140 日後までの累積放出量は約 4%であった[1]。これらの結果から、シリカ中空粒子への含浸および PCL でのカプセル化は、いずれも PPF の放出を制御するための有用な方法であり、持続的な蚊防除システムへの応用が期待される。

［文献］
[1] Sharmin T, *et al*. (2024) Asia-Pac J Chem Eng. **19**, e3043.

# 酸素制限条件下におけるヒトスジシマカ卵の孵化および遺伝子発現応答
# Effects of oxygen-limited conditions on hatching and transcriptional responses of *Aedes albopictus* eggs

○ウィライ パリンヤ[1] ・ 向井 梨恵[1] ・ 坂本 大輔[1] ・入江 圭一[1] ・ 鹿志毛 信広[1] ・ 佐藤 朝光[1]
([1]福岡大学薬学部)

*Aedes albopictus* is an important vector of several arboviruses, and its eggs can tolerate a variety of environmental stresses. However, the effects of oxygen-limited atmospheric conditions on mosquito eggs remain poorly understood. In this study, we investigated the effects of modified atmospheric conditions on successful hatching of *Ae. albopictus* eggs and analyzed transcriptional responses under near-anaerobic conditions. Eggs were stored for 14 days under four atmospheric conditions: control (normal air), two moderate oxygen-limitation conditions (~15% $O_2$ and 6–13% $O_2$), and a near-anaerobic condition (≤0.1% $O_2$). Moderate oxygen limitation did not significantly affect successful hatching compared with control. In contrast, near-anaerobic conditions prevented successful hatching. Many eggs exposed to near-anaerobic conditions opened their opercula, but the larvae remained inside the eggshell. Microarray analysis identified 106 strongly differentially expressed probes under the near-anaerobic condition compared with the control, using a fold-change cutoff of ≥100 and an FDR <0.05, including 58 upregulated and 48 downregulated probes. GO enrichment analysis identified 2 enriched GO terms among the upregulated genes, both related to cuticle structure, and 26 enriched GO terms among the downregulated genes, including functions related to proteolysis, metabolism, and immune-related processes. These results show that *Ae. albopictus* eggs can tolerate moderate oxygen limitation during the 14-day period examined but cannot complete hatching under near-anaerobic conditions. This study provides baseline knowledge of the responses of *Ae. albopictus* eggs to oxygen-limited atmospheric conditions.

# 未交尾のヒトスジシマカ雌が吸血した場合に生じる転写産物の経時的発現変化
# Time-dependent changes in transcript expression following blood feeding in virgin females of *Aedes albopictus*

○向井 梨恵[1]・ Wilai Parinya[1]・ 江頭 早紀[1]・ 入江 圭一[1]・
坂本 大輔[1]・ 鹿志毛 信広[1]・ 佐藤 朝光[1]
([1]福岡大学薬学部)

ヒトスジシマカでは、交尾した雌が吸血すると卵形成が進行する。私たちはこれまでに、未交尾の雌でも吸血すると濾胞が発達し、卵形成が進行することを示した。また、その卵形成過程において、交尾した雌との明瞭な形態的差異は認められなかった。本研究では、未交尾のヒトスジシマカ雌が吸血後に卵形成を進行させる過程で、全身の転写産物の発現がどのように変化するのかを経時的に解析した。

ヒトスジシマカの蛹の雌雄を生殖器の形態差に基づいて判別し、別々のカップで成虫まで飼育することで未交尾の雌を得た。未交尾の雌を各 30 個体ずつネットケージに移し、未吸血群と吸血群とした。未吸血群には 3%スクロース水溶液を与えた。一方、吸血群には、羽化後 9 日目まで 3%スクロース水溶液を与え、羽化後 10 日目にマウスを用いて吸血させた。そして、吸血した雌を個別のプラスチックカップに移して飼育を継続した。未吸血群、および吸血後 0、1、2、3 日目の雌を用い、3 個体の全身を 1 サンプルとして total RNA を抽出した。抽出した total RNA を、私たちが設計したヒトスジシマカのアレイスライド(33,826 転写産物)を用いて、マイクロアレイにより解析した。

未吸血群を対照として発現量が有意に変化した転写産物を解析した結果、吸血後 1 日目では卵黄タンパク質前駆体である vitellogenin の発現量が顕著に増加した。また、卵黄形成に関与する vitellogenic carboxypeptidase などの発現量も増加した。2 日目には内卵殻を構成する vitelline membrane protein などの発現量が増加した。これらの発現量の増加は、3 日目には収束した。

以上の結果から、未交尾のヒトスジシマカ雌が吸血すると、全身のトランスクリプトームが変化し、その変化は卵形成に関与する転写産物の発現に強く反映されることが示された。さらに、吸血後には、卵黄タンパク質などの栄養源の合成が先行し、続いて卵殻のような構造の形成が誘導されるという、時間特異的な 2 つの過程を経て卵形成が進行することが示唆された。