

2022年度 若手・女性研究者奨励金 レポート

| | |
|-------|--|
| 研究課題 | 日本における鞭虫症の感染源の解明 －野生のニホンザルに着目した分子生物学的検討－ |
| キーワード | ① 人獣共通感染症、 ② 鞭虫、 ③ ニホンザル |

研究者の所属・氏名等

| | |
|-----------------------------|---|
| フリガナ 氏名 | シロヤマ ミツコ 城山 光子 |
| 配付時の所属先・職位等 (令和4年4月1日現在) | 麻布大学 生命・環境科学部 講師 |
| 現在の所属先・職位等 (令和5年7月1日現在) | 麻布大学 生命・環境科学部 講師 |
| プロフィール | 大学で専任講師として、科学英語および学術英語の教育を行なっている。また、日本および開発途上国の公衆衛生への寄与を目指した人獣共通寄生虫症の研究を行なっている。 |

1. 研究の概要

「日本には寄生虫などもういない」と考える人は多い。本課題の研究者は、2017年に日本全国から682人を抽出し、回虫、鉤虫、鞭虫という腸管に住む古典的な寄生虫の有無を、高感度の検出系である real-time PCR 法により調べた。第二次世界大戦後、1949年には7割以上の日本人が感染していた寄生虫である。しかし、予想通り現在の日本人に陽性者は全く検出されなかった。

その一方で、鞭虫 *Trichuris trichiura* に関しては、その後、2019年に集団感染例が報告され、2020年には孤発例が連続して報告されるなど、国内で患者が続けて発生した。ヒトに鞭虫が多数寄生すると、腹痛や下痢、貧血が起こり、小児は発育不良となる。感染源は無農薬野菜や海外渡航中の不衛生な食事などが疑われているが、これらの症例では明らかではない。本課題の研究者は、鞭虫には専門家が見逃してきた感染源があると考えた。例えば、野生ニホンザルには鞭虫が寄生している。これが人体症例の感染源かもしれないと考えた。人獣共通感染症という事になる。今回この観点から、野生ニホンザルの鞭虫と人体症例由来の鞭虫を入手し、両者の性状を比較・解析することで、日本人の鞭虫症の感染源を特定すべく検討したので報告する。

2. 研究の動機、目的

本課題の研究者は、2020年に報告された東北地方の症例において、形態学的に鞭虫と同定された虫体を譲り受け、遺伝子解析を行った経験を持つ。先行研究により、ヒト由来の鞭虫（便宜上 Tt-ヒト型と呼ぶ）とニホンザル由来の鞭虫（Tt-ニホンザル型と呼ぶ）の遺伝子の配列には、差異があると報告されていた。しかし、2020年の東北地方の症例由来の鞭虫からは、Tt-ヒト型ではなく、Tt-ニホンザル型の配列が得られた。患者は家庭菜園で野菜を栽培して、日常的に喫食していた。そして、その生活環境には野生ニホンザルが出没していることも分かった。すなわち、鞭虫に感染したニホンザルの糞便が野菜を汚染し、その結果ニホンザルの糞便内の虫卵が野菜に付着して、その汚染野菜を喫食した患者が鞭虫に感染したのではないかと考えた。人獣共通感染症である可能性がある。ヒト由来の鞭虫とニホンザル由来の鞭虫の分

子系統関係（生物学的な関係）は、鞭虫の虫体を患者やニホンザルから入手する事が困難という事も手伝い、これまで十分に解析されていない。患者の住居付近に生息する野生ニホンザルの鞭虫の感染状況も不明であった。

そこで本研究では、まず東北地方の患者発生地域に生息する野生ニホンザルを対象に、鞭虫の寄生状況を調べた。次に、検出された虫体および虫卵を出発材料として、先行研究で報告されたニホンザル由来の鞭虫との遺伝子関係を解析した。また、その結果を人体症例由来の鞭虫と比較して、ヒトへの感染源がニホンザルであるかを検討した。さらに、東北地方の患者由来の虫体だけでなく、他地域の人体症例2例の鞭虫を臨床検体の受託検査機関から提供していただいで研究対象とした。

3. 研究の結果

2020年にヒトの鞭虫症例が発生した東北地方の同じ地域で、個体数調整のために捕獲された野生ニホンザルの腸管を約50個体分検査した結果、8割以上の個体から形態学的に鞭虫と判定される虫体が検出された。また、糞便からは鞭虫の虫卵が回収された。これらの材料からDNAを抽出し、鞭虫の18SリボソームRNA遺伝子を標的としたPCRを行い、そのPCR産物をダイレクトシーケンシングして、遺伝子配列を決定した。

両者を比較した結果、野生ニホンザル由来の複数の虫体および虫卵からはTt-ニホンザル型の配列が得られ、東北地方の患者由来の虫体の配列と一致した。これらの結果から、同患者の鞭虫感染源は、居住地域に生息する野生ニホンザルであることが示唆された。東北地方以外の患者由来の虫体については、1例はTt-ヒト型であったが、もう1例はTt-ニホンザル型であった。他地域においても、日本人の鞭虫症の感染源がニホンザルに由来する鞭虫である可能性が示唆された。

従来の形態学的手法では、ヒトとニホンザルには同じ種の鞭虫*T. trichiura*が感染していると考えられるにとどまっていた。しかし、近年の分子生物学的手法で、遺伝子の解析が実施できるようになり、遺伝子配列の多型が検出できるようになった。遺伝子配列の差異が、種を分けるものであるか、また、ヒトへの感染性や感染伝播能力に影響を与えているのかについては、今回の研究成果を基礎にして、今後、広範な遺伝子解析を行い、知見を新たに得たいと考えている。

4. 研究者としてのこれからの展望

研究者として、実践的で学際的な研究活動に取り組み、それを継続して参ります。また、感染症の研究者として、深い専門知識を身につけ、あわせて、幅広い研究アプローチの手法を習得し、公衆衛生行政に有用なエビデンスを提供できるよう、努めて参りたいと考えています。

5. 支援者（寄付企業等や社会一般）等へのメッセージ

この度は若手研究者奨励金を賜り、心より御礼申し上げます。研究環境も整っていない駆け出しの研究者に、多大なご支援をいただいたおかげで、研究環境の立ち上げを進めることができました。

「從藍而青」という言葉があります。植物の藍の葉は緑色で、その葉から得られる染色液は青ではありません。しかし、何度も繰り返し染め重ねることで、鮮やかな青色となります。この言葉の通り、今回の研究成果を礎に、人々の健康を守るお手伝いができるよう、日々研鑽と努力を重ねて参る所存です。この度はありがとうございました。