

共同獣医学部 学術セミナー

人獣共通感染性条虫類の分子系統地理

柳田哲矢先生

(旭川医科大学 医学部 寄生虫学講座)

2014年1月9日(木)

16:00-17:00

連合獣医棟 4 F 大講義室

地球規模で広く分布する病原体がどのように生息域を広げてきたかを理解することは、更なる流行域の拡大を防ぐために重要である。人獣共通感染症の場合、分布域の拡大は宿主の生態とヒトの活動に密接に関わっており、病原体ごとに異なる歴史を持つ。我々は、ミトコンドリアDNAを対象とした分子系統地理学的アプローチにより、世界各地で流行する条虫類(サナダムシ)がどのように拡散したのかを明らかにしてきた。本セミナーでは主に、エキノコックス症の原因である多包条虫と単包条虫、さらに有鉤囊虫症の原因である有鉤条虫の拡散の歴史について紹介する。

多包条虫は、北半球に広く分布する。中間宿主はげっ歯類、終宿主はキツネ・イヌであり、基本的に野生動物を介した生活環をもつ。多包条虫は、ヨーロッパ型、アジア型、北米型、モンゴル型の4つの遺伝的集団に分かれる。各遺伝子型が見つかっている地域と宿主を考慮すると、多包条虫は氷期の避難地(レフュジア)に分断されたことで地域的な集団を形成し、その後広範囲な生息域を持つアカギツネの移動にともない拡散したと推察された。一方、単包条虫では共通のハプロタイプが世界中で見つかり、宿主となる家畜(ヒツジ・ウシ等)の人為的移動により急速に分布を広げたことが示された。単包条虫と同様に家畜(ブタ)を宿主とする有鉤条虫は、アジアの集団とアフリカおよびラテンアメリカの集団の2つに分かれる。この2集団は、更新世における人類の移動に伴ってアフリカからアジアおよびヨーロッパに進出した個体群がもとになっていると考えられる。その後、15世紀以降にヨーロッパからアフリカ・アメリカ両大陸に拡散し、ヨーロッパではほぼ根絶された。このように、宿主の違いによりその伝播の歴史は大きく異なることが見て取れる。

問い合わせ先：佐藤 宏 (5902)