

第 75 回 日本寄生虫学会 南日本支部大会

第 72 回 日本衛生動物学会 南日本支部大会

合同大会

抄録集

南日本支部
合同大会
衛生動物

会期: 2023 年 10 月 28 日~29 日

会場: 九州大学 ウェスト5号館

大会長: 藤田龍介

事務局: 九州大学大学院 農学研究院 衛生昆虫学分野

目次

- 大会のご案内…………… 3
- プログラム…………… 5
- マップ…………… 6

会場アクセス、大学構内、会場(ウエスト5号館 2階)

- 講演要旨
 - 特別講演…………… 9
 - 一般演題…………… 21
- 運営委員…………… 42

大会のご案内

1. **会期/会場:** 2023 年 10 月 28 日(土)~29 日(日) 九州大学 ウエスト 5 号館 2 階
2. **受付/会費:** 受付時に名札兼参加証をお渡しいたします。会費は無料です。
10 月 28 日 (11:30~) 10 月 29 日 (9:00~)
3. **寄生虫学会南日本支部 評議会 および 総会:**
別途お知らせします。
4. **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: 10 月 28 日 12:00-12:30 ミーティング室
総会: 10 月 28 日 12:40-12:55 ミーティング室
5. **衛生動物学会誌用抄録:** 日本衛生動物学会会員の演題に関しましては、学会誌に抄録が掲載されます。登録していただきました要旨をもとに掲載用抄録を事務局で作成中です。
6. **懇親会:** 大学近く [ITO SKY](#) での BBQ
参加費: 5,000 円(学会受付にて徴収いたします)
夜寒くなることが予想されます。必要な方は羽織れるものをご持参ください。
雨天予報時: 近くの飲食店に場所を変えて開催
7. **その他:**
 - 九州大学は敷地内全面禁煙です。
 - 会場隣の部屋はミーティング室として PC 作業や打ち合わせにご利用いただけません。
 - クロークの準備はございません。荷物管理は各自でお願いします。
 - 現地でプログラムの配布は行いません。

大会の進行について

発表形式: 口頭発表 (**発表 8 分、質疑 2 分**) 発表開始 8 分経過でベルを鳴らします。

*海外からの出席者が多いため、英語での発表も歓迎です。日本語発表の場合も、スライドが英語だと、海外参加者は理解しやすいです。(英語での作成を強制するものではありません)

<発表者の方へ>

発表は HDMI 接続可能なご自身の PC でされるか、データを USB メモリ等で持参して会場 PC にて発表、のいずれかで対応可能です。発表データは事前に大会事務局へメール等でお送りいただいても結構です。

なお、こちらで準備する PC は Macbook (Apple)になります。

<座長について>

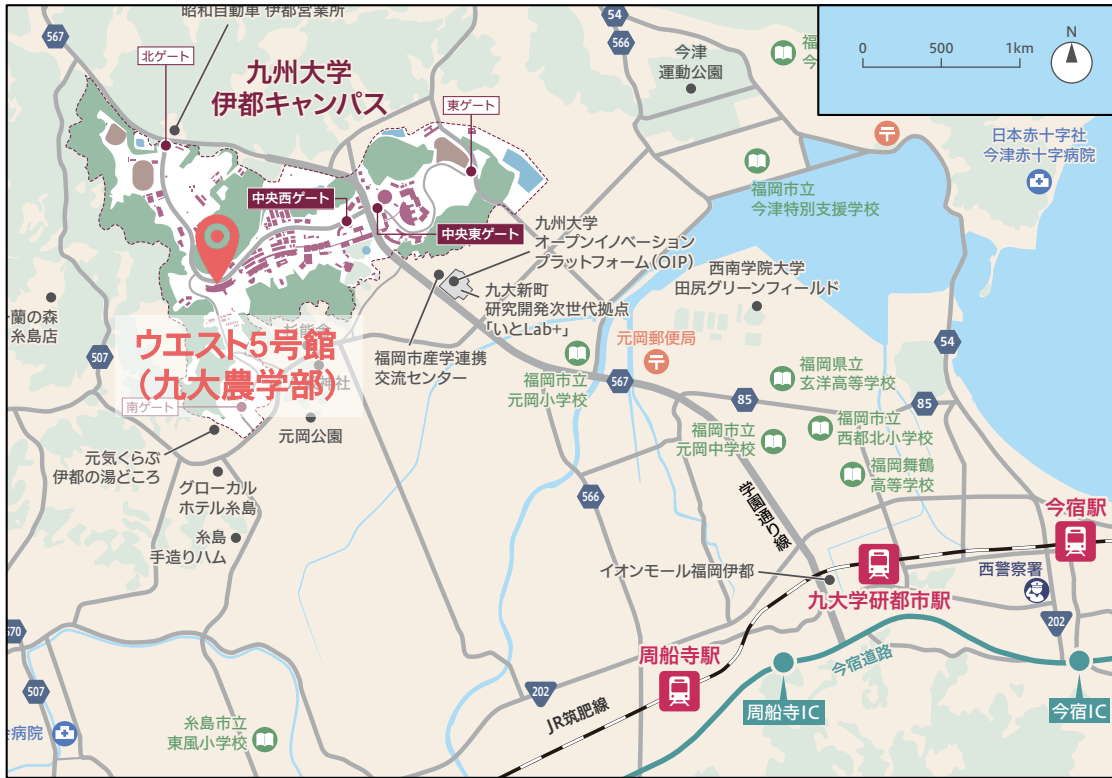
- 講演者は次演者の座長をお願いいたします。講演が終わりましたら、座長席へ移動をお願いいたします。
- 時間になりましたらセッションを開始してください。

プログラム

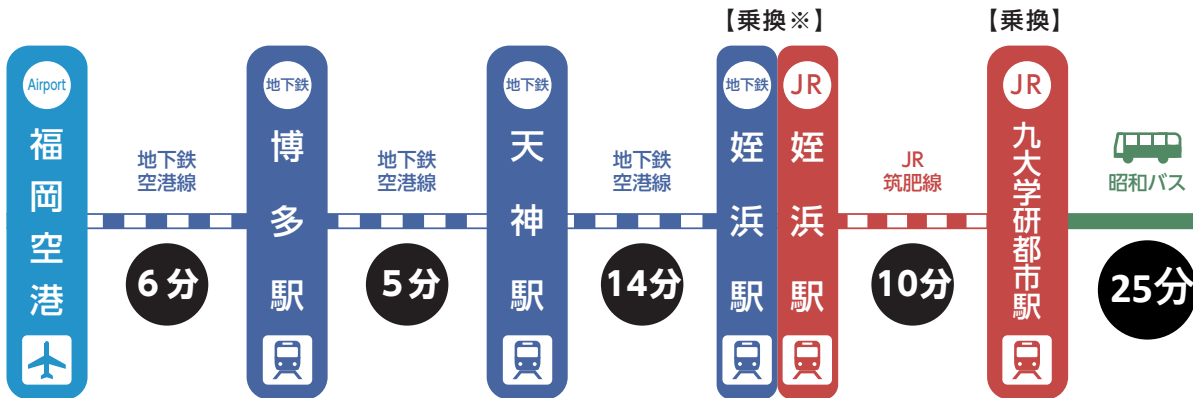
10月28日（土）		
11:30~	開場・受付開始	
12:00~12:30	運営委員会	
12:40~13:00	総会	
13:00~13:10	開会挨拶・諸連絡	
13:10~14:10	一般演題1	演題番号
	二見 恭子	G1
	今村 理人	G2
	吉田 彩子	G3
	名和 行文	G4
	鈴 一之将	G5
	小林 孝行	G6
14:10~14:30	休憩	
14:30~15:30	シンポジウム 1	演題番号
	Shizhu Li	S1
	Yuan Fang	S2
	Yuwan Hao	S3
	Jingbo Xue	S4
15:30~15:45	休憩	
15:45~16:45	シンポジウム 2	演題番号
	Lulu Huang	S5
	Kun Yin	S6
	Qinqin Hu	S7
	Kokouvi Kassegne	S8
16:45~17:00	休憩	
17:00~17:45	シンポジウム 3	演題番号
	Kun Yang	S9
	Cao Zhi-Guo	S10
	Zhisheng Dang	S11
18:30~20:30	懇親会	

10月29日（日）		
9:00~	開場・受付開始	
9:30~10:30	一般演題2	演題番号
	神山 長慶	G7
	清水 少一	G8
	栗原 悠介	G9
	ブル ジンボンベ ファビエン	G10
	大塚 靖	G11
10:30~10:40	休憩	
10:40~11:40	一般演題3	演題番号
	向井 梨恵	G12
	荻野 和正	G13
	山口 光	G14
	砂原 俊彦	G15
	Micheal Teron Pillay	G16
	藤田 龍介	G17

会場アクセス

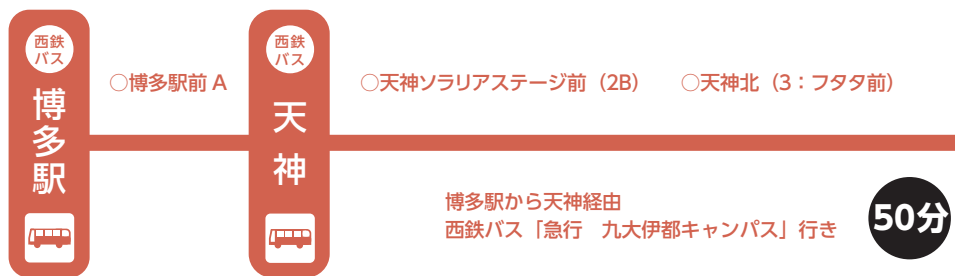


市営地下鉄・JR・昭和バスを利用する場合



※唐津行き、筑前原原行き
の場合は乗換不要です

西鉄バスを利用する場合



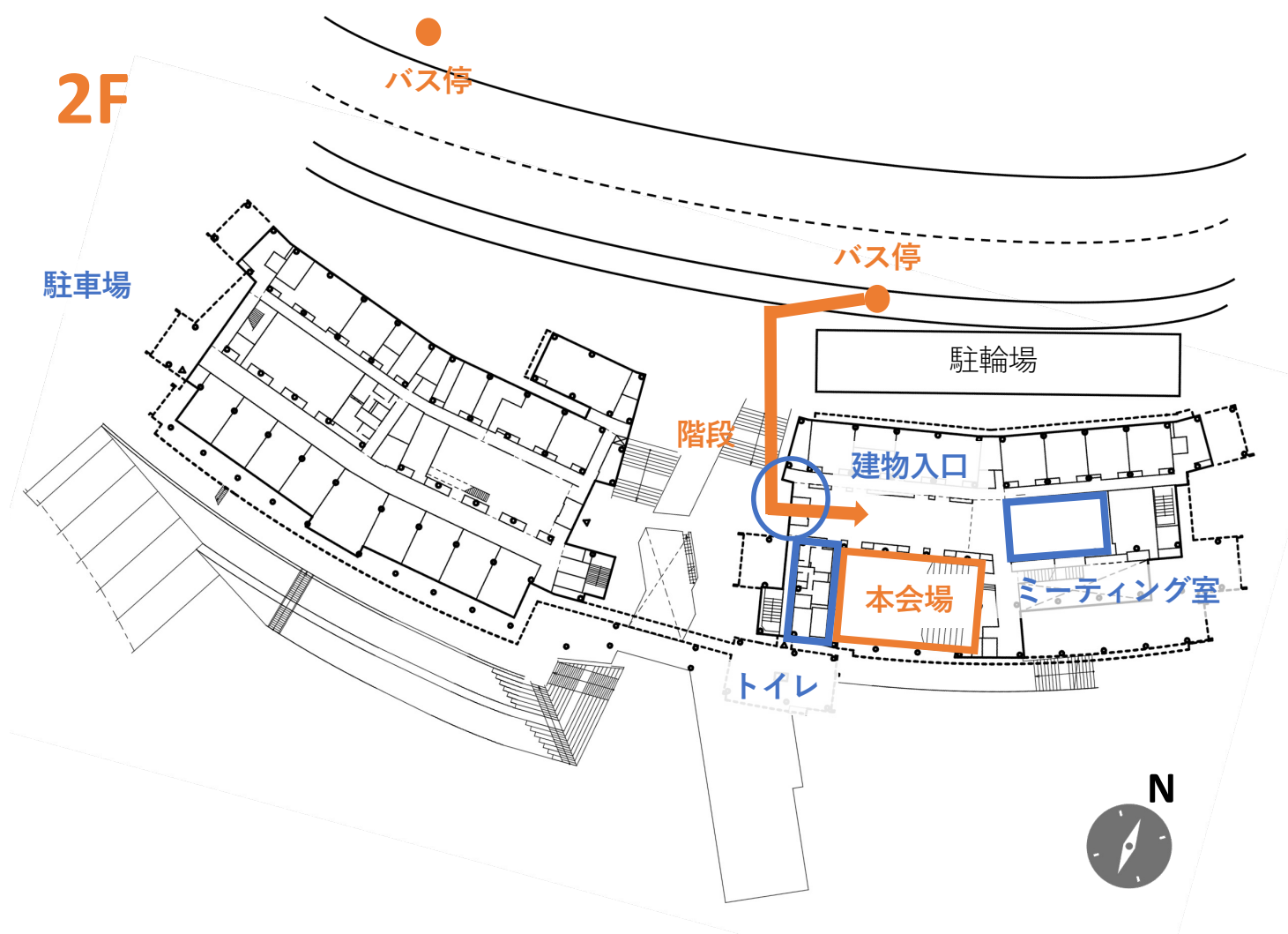
「九大農学部」下車

お車でお越しの皆様へ

◆入構に際しては入構料（300円）をいただいております。ビッグオレンジ前もしくは南ゲート（北側）にある守衛所にて、所定の手続きをお願いします。なお、タクシーで来学された方はそのまま入構できます。

※南ゲート（北側）は8:00～19:00のみ入構可

ウエスト5号館2階



- ❑ 建物出入口は1ヶ所のみです。
- ❑ 建物出入口が2階にあるため、建物に入る前に階段を上がってください。
- ❑ ミーティング室はPCの動作確認や打ち合わせにご利用いただけます。

特別講演

Epidemic Situation and Risk Assessment of schistosomiasis—China, 2015-2022

○Shizhu Li^{1,2}, Lijuan Zhang¹, Jingbo Xu¹, Yuwan Hao¹, Jing Xu¹, Chunli Cao¹

¹ National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Chinese Center for Tropical Diseases Research; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Ministry of Science and Technology; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai, China. ² School of Global Health, Chinese Center for Tropical Diseases Research-Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China.

Schistosomiasis is an important and widespread neglected tropical disease (NTD) with public health importance. According to *Healthy China 2030 Plan Outline* and *Action Plan for Accelerating the Goal of Schistosomiasis Elimination (2023-2030)*, all counties with schistosomiasis endemic will reach the criteria of transmission interruption and elimination in 2025 and 2030 respectively. The prevention and control of schistosomiasis reached the standard of transmission control on PLAD level in 2015. To analyze the difficulties and problems among the progress of transmission interruption and elimination, data on schistosomiasis epidemic situation and distribution of snails from 2015 to 2022 including 12 provincial-level administrative divisions (PLADs) in the south of the Yangtze River Basin was collected and analyzed. According to the results, schistosomiasis patients decreased from 77194 in 2015 to 28568 in 2022, and mainly advanced schistosomiasis patients (99.99%) in 2022. The positive rate of serological test on schistosomiasis declined from 2.59% in 2015 to 1.44% in 2022. The areas of snail habitat rebounded slightly from 3562.88 million m² in 2015 to 3688.21 million m² in 2022. The results suggested that the epidemic situation of schistosomiasis in China had dropped to a lower level.

Emerging mosquito-borne, and tick-borne diseases in China

○Yuan Fang^{1,2}, Yuan-Yuan Li¹, Shizhu Li^{1,2}

¹ National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Chinese Center for Tropical Diseases Research; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Ministry of Science and Technology; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai, China. ² School of Global Health, Chinese Center for Tropical Diseases Research-Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China.

Epidemics of emerging and neglected infectious diseases are severe threats to public health and are largely driven by the promotion of globalization and by international multi-border cooperation. Mosquito-borne viruses are among the most important agents of these diseases, with an associated mortality of over one million people worldwide. The well-known vector-borne diseases (VBDs) with global scale include malaria, dengue fever, chikungunya, and West Nile fever, which are the largest contributor to the disease burden. Although, the morbidity of some VBDs has sharply decreased due to expanded programs on immunization and more efficient control strategies (e.g., for Japanese encephalitis and yellow fever). However, the provinces reporting dengue cases each year have expanded from the southeastern coastal region to the southwest, central, northeast, and northwest regions. Records of Tembusu virus and Getah virus have covered more than half provinces of China, and are mainly comprised of reports from the last decade. Notably, ZIKV was isolated in mosquitoes from Yunnan, Guizhou, and Jiangxi provinces. Moreover, the infection rate of Jingmen virus in tick has increased in recent years. These highlight that wide-ranging, systematic, and continuous molecular monitoring of vector-borne circulating viruses in mosquitoes and ticks is urgently needed. This monitoring would provide a comprehensive understanding of VBD diversity, geographic distribution, evolution, shifts in circulating genotypes, and infection rates in China and other neighboring countries and allow accurate and timely estimations of the true disease burden and prevalence of emerging/re-emerging and known vector-borne pathogens.

Construction and Application of Parasitic Diseases Surveillance–Response System in China

○Yuwan Hao, Qiang Wang*, Tian Tian, Zelin Zhu, Shizhu Li*, Ning Xiao, Xiaonong Zhou
National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Chinese Center for Tropical Diseases Research; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Ministry of Science and Technology; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai, China.

Parasitic diseases have been widely epidemic in China with a long history. Great endeavors made led to significant decrease in morbidity and mortality caused by several major parasitic diseases, while challenges existed to eliminate parasitic diseases. Surveillance-response system has played a crucial role in identifying public health problems, ascertaining the distribution and epidemic dynamics, discovering outbreaks and epidemic anomalies, evaluating the effects of on-site intervention activities and identifying risk factors. Parasitic disease surveillance has also developed continuously alongside advances in surveillance technologies and changes in endemicity, which has been accompanied by expansion in terms of the scope and contents of surveillance. Monitoring surveillance sites, thematic surveillance, risk surveillance, and case reporting all served as key elements in the parasitic disease surveillance system and played unique roles over time. We reviewed the progress of the surveillance system for parasitic diseases, analyzed the role of the surveillance-response system of parasitic diseases through elaborating the surveillance activities and typical surveillance-response events. Suggestion and comments for improve the surveillance-response system were put forward for further control or elimination of parasitic diseases.

Intelligent monitoring technology for schistosomiasis transmission sources based on a composite model

○Jingbo Xue¹, Lijuan Zhang¹, Yuwan Hao¹, Jing Xu¹, Shizhu Li^{1,2}

¹ National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Chinese Center for Tropical Diseases Research; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Ministry of Science and Technology; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai, China. ² School of Global Health, Chinese Center for Tropical Diseases Research-Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China.

Schistosomiasis poses significant health risks in many parts of the world. Monitoring its transmission sources is crucial for its control and eventual eradication. Traditional methods, while effective to some extent, have limitations in real-time data collection, analysis, and prediction. This paper introduces an intelligent monitoring technology for schistosomiasis transmission sources based on a composite model.

The proposed composite model synergistically integrates multiple data-driven techniques, including artificial intelligence (AI), machine learning algorithms, and geographic information systems (GIS). By harnessing the power of big data analytics, the model can predict potential transmission hotspots with high precision. This not only allows health officials to target interventions more effectively but also conserves resources by focusing on areas with the highest transmission risks.

Furthermore, the composite model's adaptability means it can be fine-tuned based on specific regional needs, making it universally applicable. By providing insights into the dynamics of schistosomiasis transmission and potential risk factors, the model also aids in policy formulation and health strategy planning.

In conclusion, the intelligent monitoring technology presented in this paper offers a transformative approach to schistosomiasis control. By leveraging advanced computational techniques and real-time data, it promises a more proactive and effective strategy in the global fight against this debilitating disease.

The prevalence status of visceral leishmaniasis in China and control efforts by applying One health approach

○Lulu Huang¹, Zhengbin Zhou¹, Jingshu Liu², Jingbo Xue^{1,2}, Yuanyuan Li¹, Shan Lv^{1,2}, Shizhu Li^{1,2}

¹ National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Chinese Center for Tropical Diseases Research; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Ministry of Science and Technology; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai, China. ² School of Global Health, Chinese Center for Tropical Diseases Research-Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai, China.

Visceral leishmaniasis is a zoonotic parasitic disease transmit by sandflies. Since leishmaniasis is a zoonosis with a complex transmission cycle, interrupting transmission from animal reservoirs to humans and establishing collaborative "human-animal-environmental" prevention confronts many difficulties, necessitating cooperation across different sectors, regions, and disciplines. The One Health approach, which jointly promotes human health, animal health, and ecological wellbeing, has advantages in controlling zoonoses and can effectively tackle this intricate public health issue. This study analysed the epidemic situation of visceral leishmaniasis in China from 2015-2022 and also puts forward strategies to eliminate visceral leishmaniasis using a One Health approach, and discusses implementing systematic monitoring and interventions along with collaboration across sectors, regions, and disciplines, to provide insights for controlling and eliminating visceral leishmaniasis in our country.

Molecular diagnosis and environmental biosensing

○Kun Yin¹

¹ School of Global Health, Chinese Center for Tropical Diseases Research, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine

Infectious diseases have induced a great health burden with enormous morbidity. Millions of people died from infectious diseases including acute respiratory infections, enteric infections, and AIDS. For example, the COVID-19 pandemic has become a public health emergency of international concern. Molecular diagnosis for the rapid, sensitive detection of pathogens is of very importance for infectious disease control. Recent studies confirm that wastewater-based epidemiology, along with the clinical data, may provide critical monitoring of SARS-CoV-2 transmission and an early warning sign for the outbreaks of the COVID-19 regardless of symptoms. Therefore, detection of infectious pathogens at human-environment interface under One Health concept is likely to play a crucial role in disease transmission tracking, epidemiological study, and environmental risk surveillance. Dr. Kun Yin successfully bridges gaps among different fields and opens up new opportunities for the development of novel biosensors. Compared with traditional analytical methods, these biosensors are much simpler with good sensitivity and selectivity, which have outstanding advantages in practical application.

Fully integrated microfluidic platform for multiplexed detection of HuNoV by a dynamic confined space implemented one-pot RPA-LAMP system

Fumin Chen¹, Chenang Lyu², Zhao Li³, Leshan Xiu¹, Huimin Li¹, Yi Xie¹, Runzhen Cao¹, ○Qinqin Hu^{1*}, Kun Yin¹

¹ School of Global Health, Chinese Center for Tropical Diseases Research, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai 200025, P. R. China, ² Department of Food Science and Technology, School of Agriculture and Biology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, P. R. China, ³ Stake Key Laboratory on Integrated Optoelectronics, Institute of Semiconductors, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100083, P. R. China

Accurate and early detection of HuNoV subtypes is essential for effective treatment, early surveillance, risk assessment, and disease prevention. In this study, we present a portable and multiplex HuNoV detection platform that combines integrated microfluidics and cascade isothermal amplification with a streamlined protocol for clinical fecal-based diagnosis. To overcome carryover contamination and incompatibility between recombinase polymerase amplification (RPA) and loop-mediated isothermal amplification (LAMP), we have developed a Dynamic confined space implemented One-pot RPA-LAMP colorimetric detection system (DORLA), by creating a hydrogen bond network. The DORLA system shows excellent sensitivity, with detection limits of 10 copies/ μL and 1 copy/ μL for HuNoV GI and GII, respectively. In addition, we have developed a portable diagnostic platform consisting of a thermostatic control module and an integrated 3D-printed microfluidic chip with specific HuNoV capture, nucleic acid pretreatment, and DORLA detection, which enables simultaneous diagnosis of HuNoV GI and GII. Our DORLA-based microfluidic platform exhibits satisfied performance with high sensitivity and portability, offering great potential for rapid point-of-care detection of HuNoV in clinical fecal samples, particularly in resource-limited settings.

Multi-omics approaches to study human malaria parasites: from genomics to immunomics and beyond

○Kokouvi Kassegne^{1,2,3}, Hai-Mo Shen¹, Yan-Bing Cui¹, Shao-Jie Xu¹, Zhi-Shan Sun^{2,3}, Shen-Bo Chen¹, Xiao-Nong Zhou^{1,2,3}, Jun-Hu Chen^{1,2,3}

¹National Institute of Parasitic Diseases at Chinese Centre for Disease Control and Prevention (Chinese Centre for Tropical Diseases Research), Shanghai 200025, PR China, ²School of Global Health, Chinese Centre for Tropical Diseases Research, Shanghai Jiao Tong University School of Medicine, Shanghai 200025, PR China, ³One Health Center, Shanghai Jiao Tong University-The University of Edinburgh, 200025 Shanghai, PR China

RIFINs are *Plasmodium falciparum* adhesins associated with severe malaria. They are naturally immunogenic, and humoral immune responses to RIFINs can be detected in areas of malaria endemicity. We showed that a subset of RIFINs that were never reported are potentially targets for serological protectivity and are likely alternative ligands involved in host immune inhibition. First, systematic analysis of humoral immune responses to RIFIN proteins and association of protein reactivity with incidence of severe malaria allowed to select five potential protein targets of serological protection. Second, neutrality tests of the candidates from the selection on homologues of clinical isolates from global populations found semiconserved domains under balancing selection. Third, biomolecular interaction tests of the candidates with the inhibitory immune receptor LLRB1 and their effect on the cytolytic function of an LLRB1-expressing human NK cell line validated four of the RIFIN candidates to interact with LLRB1 and implicate in immune inhibition. Finally, structural models of LLRB1 in complex with the most antigenic RIFIN in blind protein-protein docking calculations and molecular dynamics simulations revealed amino acid sites of the semiconserved region associated with activation of LLRB1-mediated signalling. This is a groundbreaking study that advances our knowledge to select potential RIFIN antigen multiepitopes for the rational design of RIFIN-based subunit vaccine construct.

Application of China's experience of schistosomiasis control and elimination in Zanzibar○Kun Yang¹¹ Jiangsu Institute of Parasitic Diseases

This study aimed to assess the efficacy of a collaborative approach involving China, Zanzibar, and the WHO for the elimination of schistosomiasis in Africa. In February 2017, specific locations in Zanzibar were chosen as study and control sites based on varying levels of schistosomiasis infection rates. An innovative strategy encompassing infection source control was applied in the study areas. This strategy encompassed mass drug administration (MDA) employing praziquantel for humans and comprehensive snail control using molluscicides during the initial two years. In the subsequent year, a more targeted approach was adopted, involving praziquantel treatment for confirmed human cases and molluscicide use solely in regions with snail infections. In contrast, the control sites exclusively underwent human MDA utilizing praziquantel. To track and document study data, a schistosomiasis information system (SIS) was developed. Through close monitoring and comparison of human infection rates, the effectiveness of the integrated strategy was evaluated. As a result of the three-year implementation period, the prevalence of schistosomiasis in humans reduced significantly, meeting the elimination criteria. Notably, transmission factors such as snail infections and awareness about schistosomiasis exhibited marked changes. The SIS platform was instrumental in recording human and snail infection data while facilitating continuous monitoring and surveillance efforts. In conclusion, the integrated strategy focusing on interventions to curtail sources of reinfection, encompassing both infected humans and snails, has demonstrated remarkable success in eradicating schistosomiasis in Zanzibar, thereby serving as a promising model for addressing schistosomiasis haematobium in the broader African context.

Towards the elimination of schistosomiasis japonica through control of the disease in domestic animals in the People's Republic of China

○Cao Zhi-Guo¹, Huang Yin-Yin¹, Wang Tian-Ping¹

¹ Anhui Provincial Institute of Schistosomiasis Control, Hefei, Anhui Province, the People's Republic of China

Schistosomiasis japonica, caused by *Schistosoma japonicum*, is an endemic, zoonotic parasitic disease. Unlike other species of *Schistosoma*, over 40 species of wild and domestic animals can act as reservoir hosts of *S. japonicum*, which increases the difficulty for the control of this tropical disease. Domestic animals, particularly water buffaloes and cattle, are thought to play an important role in transmission of schistosomiasis japonica. Hence, since the mid-1950s when the People's Republic of China launched the National Schistosomiasis Control Program, the control of schistosomiasis in domestic animals has been carried out almost synchronously with that of human schistosomiasis, such that great strides have been made over the past seven decades, and is now moving toward the new control target: full elimination of schistosomiasis japonica in 2030, the promise specified in "Health China 2030" blueprint. In this article, we review the history and current status of schistosomiasis japonica control in the People's Republic of China, briefly introduce the species of animal hosts and their susceptibility to *S. japonicum*, thoroughly analyse the prevalence of domestic animal schistosomiasis at different stages of schistosomiasis control and the role of different species of domestic animals in transmission of the disease, summarize the control strategies and assess their effectiveness. Furthermore, the challenges ahead are discussed and recommendations for future direction are provided.

Novel Compounds Against *Echinococcus multilocularis*

○Zhisheng Dang¹, Wei Hu¹, Xiaonong Zhou¹

¹ National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Shanghai, P.R. China

We introduced an epoxy group to mebendazole by a reaction with epichlorohydrin and obtained two isoforms, mebendazole C1 (M-C1) and mebendazole C2 (M-C2). The *in vitro* effects of mebendazole derivatives at different concentrations on *E. multilocularis* protoscoleces and metacestodes as well as cytotoxicity in rat hepatoma (RH) cells were examined. The results demonstrated that the solubility of the two derivatives was greatly improved compared to mebendazole. The mortality of protoscoleces *in vitro* reached to 70–80% after 7 days of exposure to mebendazole or M-C2, and M-C2 showed higher parasitocidal effects than mebendazole ($p > 0.05$). The parasitocidal effect of M-C1 was low, even at a concentration of 30 μM . The percentage of damaged metacestodes that were treated with mebendazole and M-C2 *in vitro* at different concentrations were similar, and M-C1 exhibited insignificant effects on metacestodes. Significant morphological changes on protoscoleces and metacestodes were observed after treatment with mebendazole and M-C2. In addition, the introduction of an epoxy group to mebendazole also reduced its cytotoxicity in RH cells. Our results demonstrate that the introduction of an epoxy group not only improved the solubility of mebendazole, but also increased its parasitocidal effects on *E. Multilocularis* and reduced its cytotoxicity in RH cells.

一般演題

マンソン住血吸虫中間宿主貝の感染率：2015-2016年に共通する季節変動

The infection rate of intermediate host snails of *Schistosoma mansoni*: the common seasonal variation in 2015-2016.

○二見 恭子¹, 菊池 三穂子¹, George Sonye², Scholastica Wagala³, Hildah Otieno³, 小林典子¹, Collins Ouma⁴, 皆川 昇¹, 濱野 真二郎¹

¹長大熱研, ²ASK, ³NUITM-KEMRI, ⁴Maseno Univ.

○Kyoko Futami¹, Mihoko Kikuchi¹, George Sonye², Scholastica Wagala³, Hildah Otieno³, Noriko Kobayashi¹, Collins Ouma⁴, Noboru Minakawa¹, Shinjiro Hamano¹

¹NEKKEN, ²ASK, ³NUITM-KEMRI, ⁴Maseno Univ.

マンソン住血吸虫の中間宿主である *Biomphalaria* 属の貝の感染率は、ヒトへの感染ステージであるセルカリア密度の指標であり、その感染動態を理解することは水域におけるヒトの感染リスクを把握するためにも重要である。西ケニアのビクトリア湖畔ではマンソン住血吸虫症が流行しており、*Biomphalaria* 属の貝が住民の生活に密接した水域に高密度で生息している。我々は、ビクトリア湖畔に位置するビタ地区および陸橋（2015年当時）で繋がるルシंगा島において、マンソン住血吸虫の中間宿主貝を定期的に採集し、感染の有無と感染に関わる要因を調べている。これまで、貝の感染率は調査地点（GA1, GA3, RA4, RB2）、貝サイズ、降雨量およびビクトリア湖水位の変動に影響されるが、各地点の地形や衛生状況によって降雨量や水位の影響が異なる可能性を示してきた。しかし、解析対象としたのは1年間（2015年）のデータのみであり、これらの環境要因の影響による感染率の変動が毎年認められるかどうかは不明であった。そこで今回、2016年のサンプルについて住血吸虫の検出を進め、2年間で共通した季節変動があるかどうかを調べた。現在、2016年9月までの感染率のデータが得られており、これらを2015年のデータと比較したところ、どの調査地点でも2年間を通して雨季の4-6月に感染のピーク（平均31.6%）が認められる一方で、乾季の7-9月には感染率が大きく下がった（平均3.0%）。さらに、貝サイズやビクトリア湖水位などの環境要因が感染率に与える影響の解析を進めており、その結果についても報告する。

日本の食用馬における多包虫症のミトコンドリア・シトクローム *b* (*cob*) 遺伝子に基づく分子疫学的特徴

Molecular epidemiological characterization of alveolar echinococcosis in horses slaughtered in Japan based on mitochondrial cytochrome *b* (*cob*) gene of *Echinococcus multilocularis*

○今村 理人¹, 一二三 達郎¹, 田仲 哲也¹, 鈴 一之将¹, 佐藤 美穂¹, 秋岡 幸兵², 藤又 千晶², 新飼 竜平³, 前田 勉³, 草木迫 浩大⁴, 筏井 宏実⁴, 三好 宣彰¹

¹鹿大共同獣医, ²熊本県食肉衛検, ³福岡県食肉衛検, ⁴北里大獣医

○Masato Imamura¹, Tatsuro Hifumi¹, Tetsuya Tanaka¹, Ichinosuke Suzu¹, Miho Sato¹, Kohei Akioka², Chiaki Fujimata², Ryohei Shinkai³, Tsutomu Maeda³, Kodai Kusakisako⁴, Hiromi Ikadai⁴, Noriaki Miyoshi¹

¹Joint Faculty of Veterinary Medicine, Kagoshima University, ²Kumamoto Prefectural Meat Inspection Office, ³Fukuoka Prefecture Meat Safety Inspection Center, ⁴School of Veterinary Medicine, Kitasato University

【背景と目的】エキノコックス属の多包条虫は北半球に広く分布し、犬科動物を終宿主、齧歯類を中間宿主とした生活環を形成しており、幼虫寄生による多包虫症は人獣共通感染症である。馬も多包条虫の中間宿主であり、終宿主の糞便に含まれる虫卵の経口摂取により感染し、多包虫が肝臓に寄生する。ミトコンドリア・シトクローム *b* (*cob*) 遺伝子は真核生物に共通して存在する電子伝達系の一部を担う蛋白質をコードする遺伝子であり、塩基配列の差異を利用して生物間や科・属間の系統解析が可能である。多包条虫は *cob* 遺伝子を用いた分子系統解析においてヨーロッパ型、アジア型、北米型、モンゴル型の4つの遺伝子型に分類されている。コヨーテや齧歯類では多包条虫の *cob* 遺伝子を用いた地理的な系統分類が報告されているが、馬での報告は極めて少ない。本研究では日本の食用馬の多包虫症における分子疫学的な特徴を明らかにするために、多包条虫の *cob* 遺伝子を標的とした分子系統解析を行った。

【材料と方法】2020年12月から2022年11月に、青森県、福岡県、熊本県の食肉処理場に搬入された馬計6300頭（日本産4053頭およびカナダ産2247頭）のうち、肝臓に灰白色硬結節がみられた計187頭の馬を対象に調査を行った。187頭の内訳は、日本産168頭、カナダ産19頭であった。これらの灰白色硬結節を対象に、病理組織検査および *cob* 遺伝子を標的とするPCRを行った。さらに、PCR陽性検体ではPCR増幅産物を用いたダイレクトシーケンス解析を行い、得られた塩基配列はMEGA11を用いたTamura-Neiモデルに基づく隣接結合法での分子系統解析を行った。さらにPopARTver1.7を用いたハプロタイプネットワーク解析を行った。

【結果】病理組織検査および PCR 検査の結果、多包虫症と診断した馬は 187 頭中 70 頭であり、内訳は 62 頭が日本産で、8 頭がカナダ産であった。有病率は日本産の馬では 1.53% (62/4053)、カナダ産の馬では 0.36% (8/2247) であった。また、ダイレクトシークエンスおよび分子系統解析によって、日本産の馬からはアジア型に分類される 5 つの遺伝子型が得られ、カナダ産の馬からはヨーロッパ型に分類される 4 つの遺伝子型が得られた。PopART を用いたハプロタイプネットワーク解析の結果、日本産の検体はカザフスタン分離株、カナダ産の検体はオーストリア分離株と遺伝的に近縁であった。

【考察】以上の結果から、日本産とカナダ産の馬から分離された多包虫の遺伝子型は異なっていた。近年、カナダではコヨーテや人からヨーロッパ型の多包条虫遺伝子が検出されており、日本とカナダに分布する多包条虫の分子疫学的な特徴を反映するものである。すなわち、多包条虫の *cob* 遺伝子を標的とした PCR は馬の多包虫症における地理的な遺伝子差異を明らかにするのに有用である。

Strongyluris calotis* の生活環解明に向けた検討：中間宿主・待機宿主の探索*Investigation of intermediate/paratenic hosts in the life cycles of *Strongyluris calotis***津留 駿¹, 入江 隆夫^{1,2}, 保田 昌宏¹, 今竹 翔一朗¹, 岡 亮太郎¹, ○吉田 彩子^{1,2}¹宮崎大農, ²宮崎大 CADICSyun Tsuru¹, Takao Irie^{1,2}, Masahiro Yasuda¹, Syoichiro Imatake¹, Ryotaro Oka¹, ○Ayako Yoshida^{1,2}¹Fac Agr, Univ Miyazaki, ²CADIC, Univ Miyazaki**【背景と目的】**

宮崎県日向市に定着した特定外来生物スウィンホーキノボリトカゲ (*Diploderma swinhonis*) の消化管内には盲腸線虫科の *Strongyluris calotis* が高率に寄生している。本線虫の生活環は不明な点が多く、中間宿主または待機宿主の存在が示唆されているものの、明らかにはなっていない。本研究では、*S. calotis* の生活環解明を目的に、日向市においてスウィンホーキノボリトカゲの主要な食餌となっているアリ類における *S. calotis* の感染状況を検討した。

【材料と方法】

宮崎県日向市のスウィンホーキノボリトカゲ生息地で、2022年3月から2023年2月にかけてアリを捕獲した。形態学的同定後、2022年3月から8月までに捕獲された各種アリについて、月ごとに1~20匹を1プールとし、それぞれの種ごとに1または2プールからDNAを抽出した。これをテンプレートとし、*S. calotis* の28S rDNA領域に特異的なプライマーを用いて *S. calotis* 遺伝子を増幅した。増幅産物はシーケンシングを行い、BLASTで現在GenBank上に公開されている *S. calotis* 配列との相同性を確認した。

【結果】

日向市で捕獲されたアリについて、合計14種が同定された。2022年3月から8月に捕獲されたアリのDNA抽出液から *S. calotis* 遺伝子の増幅を試みたところ、10種中7種の検体がPCR陽性となった。陽性検体には、スウィンホーキノボリトカゲの胃内容物中に確認された3種のアリ（オオズアリ、アミメアリ、ホソウメマツオアリ）も含まれていた。また、増幅産物23検体の遺伝子配列を解析したところ、GenBank上に公開されている *S. calotis* 配列（LC133186, LC133188-133190, LC186016）との相同性は98.45~100.00%であった。

【考察】

以上より、複数種のアリが *S. calotis* に感染し、中間宿主または待機宿主としてその生活環に関与している可能性が示唆された。今後は、アリにおける寄生率の検討や *S. calotis* の虫体検出を試みる予定である。

日本における瓜実条虫症
Dipylidiasis cases in Japan

○名和 行文¹, 田中 美緒², 吉川 正英³

¹Khon Kaen Univ., ²宮大医, ³奈良医大

○Yukifumi Nawa¹, Mio Tanaka², Masahide Yoshikawa³

¹Khon Kaen Univ, ²Univ Miyazaki, ³Nara Med Univ

瓜実条虫はイヌ、ネコなど小型ペット動物の消化管に寄生する条虫で、ヒトにも寄生し成虫となる人獣共通寄生虫である。世界中に広く分布している。イヌノミやネコノミなどの節足動物が中間宿主で、幼虫を保有するこれらの節足動物を口にすることで感染が成立する。したがって、イヌ、ネコなどのペットを飼育している家庭の乳幼児での感染例が報告されている。成人での感染は極めてまれである。欧米からの症例報告に比べ、アジアからの症例報告は少ない。日本での症例については、1983年に影井らが11例を取りまとめており、その後も演者自身の1例報告を含め散発的に報告がでていた。2021年の日本寄生虫学会コンサルテーションに上がった一例を含め、累計17例になる。最近の中国からの総説 (Jiang et al. 2017; KJP) では、同国でこれまでの累計で30例の本症の報告がある、としている。この総説の中で、著者らは日本での瓜実条虫症は累計81例という数字を挙げている。これは私達が取りまとめた数字とはあまりにかけ離れており、また引用文献もなかったため、著者らと直接にメールのやり取りをして、日中での数字の乖離の原因について解明を試みた。その結果も併せて報告する。

マダニから検出された *Rickettsia* spp.における *gltA*, *ompB*, *htrA* 遺伝子の分子疫学的特徴

Molecular epidemiological characteristics of *gltA*, *ompB* and *htrA* genes in *Rickettsia* spp. detected in ticks

○鈴 一之将¹, 木村 仁美², 芦原 誠一², 榮村 奈緒子², 一二三 達郎¹, 田仲 哲也¹

¹ 鹿大共同獣医, ² 鹿大農

○Suzu, I.¹, Kimura, H.¹, Ashihara, S.¹, Emura, N.¹, Hihumi, T.¹, Tanaka, T.¹

¹ Kagoshima Univ.

【背景と目的】マダニが媒介する人獣共通感染症として、日本紅斑熱をはじめとしたリケッチア症が挙げられる。現在、国内においてリケッチア症は散発的に出現しているが重大な感染症として認知されていない。しかし、病原性の新規リケッチア症の蔓延や、既存の *Rickettsia* spp.において新規に病原性が発見される可能性は否定できない。そこで、本研究では鹿児島県大隅地域で採取されたマダニについて、クエン酸合成酵素(*gltA*)遺伝子、外膜蛋白質(*ompB*)遺伝子、17 kDa 抗原(*htrA*)遺伝子を標的とした PCR による *Rickettsia* spp.の分子疫学調査を行った。

【材料と方法】大隅地域の演習林、神社、公園において 2022 年 2 月～2023 年 8 月に採取された合計 2109 匹のマダニについて、地域別かつ種類別に 597 検体に仕分けした。仕分けした検体は DNA を抽出した後、*gltA* 遺伝子を標的とした PCR を行い、陽性検体を選定した。また、*gltA* 遺伝子陽性検体に対して *ompB* 遺伝子、*htrA* 遺伝子を標的とした PCR を行った。さらに、それぞれの陽性検体の PCR 増幅産物については塩基配列を決定し、分子系統解析を行った。

【結果】PCR を行った結果、597 検体中、*gltA* 遺伝子は 81 検体、*ompB* 遺伝子は 54 検体、*htrA* 遺伝子 62 検体が陽性であった。これらの陽性検体について分子系統解析を行ったところ、複数種の *Rickettsia* spp.が同定された。そのうち多数の検体が 2 つの遺伝子グループに属し、それぞれ *Rickettsia* Osumi-1 および *Rickettsia* Osumi-2 と名付けた。また、4 検体については病原性が確認された *Rickettsia tamurae* であり、3 検体については日本紅斑熱の原因である *Rickettsia japonica* であった。

【考察】以上の結果から、鹿児島県大隅地域におけるマダニの *Rickettsia* spp.の最小感染率は 3.84%であり、病原性が確認された *Rickettsia* spp.に限定した最小感染率は 0.33%であった。このように大隅地域において、リケッチア症の人への感染リスクを無視できるとは言い難いことが判明した。また、分子系統解析の結果、*Rickettsia* Osumi-1 および *Rickettsia* Osumi-2 の 2 種については新規リケッチアの可能性が示唆された。

福岡県におけるマダニからの Jingmen tick virus の検出

Detection of Jingmen tick virus from ticks in Fukuoka Prefecture, Japan.

○小林孝行^{1,2}, 芦塚由紀¹, 金藤有里¹, 吉富秀亮¹, 古谷貴志¹, 濱崎光宏¹, 田中義人¹, 香月進¹, 藤田龍介²

¹福岡保環研, ²九大院農・衛生昆虫

○Takayuki Kobayashi^{1,2}, Yuki Ashizuka¹, Yuri Kondo¹, Hideaki Yoshitomi¹, Takashi Furutani¹, Mitsuhiro Hamasaki¹, Yoshito Tanaka¹, Susumu Katsuki¹, Ryosuke Fujita²

¹FIHES, ²Fac. Agri., Kyushu Univ.

マダニは様々な病原体を媒介する公衆衛生上、極めて重要な媒介生物である。主な病原体として重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) を引き起こす SFTS virus や日本紅斑熱を引き起こす *Rickettsia japonica* などが知られている。一方、近年ヒトへの感染事例が報告された Yezo virus や Oz virus などの新規ウイルスも多く見つかった。そこで本研究では、福岡県のマダニ媒介ウイルスの実態把握やヒトへの感染リスクの把握を目的に、県内でマダニの採取調査を実施し、次世代シーケンサー (NGS) を用いてウイルスの網羅的探索を行った。

マダニは 2022 年 5 月から 2023 年 4 月の期間にかけて、福岡県内で採取した 219 個体を使用した。マダニ種の内訳は、フタトゲチマダニ 85 個体、キチマダニ 58 個体、タカサゴチマダニ 50 個体、ヤマアラシチマダニ 13 個体、タカサゴキラマダニ 7 個体、ヤマトマダニ 3 個体、ヒゲナガチマダニ 2 個体、アカコッコマダニ 1 個体であった。これらのマダニを 32 プール検体に分けた後に遺伝子を抽出し、NGS によりウイルスの網羅的探索を行った。

その結果、タカサゴキラマダニの若虫の 2 プール検体から Jingmen tick virus が、フタトゲチマダニの雌および若虫の 2 プール検体から Dabieshan tick virus が検出された。このうち Jingmen tick virus は 2014 年に中国で初めて報告された新規ウイルスである。国内では愛媛県、長崎県 (対馬)、石川県のマダニからの検出例があるものの報告は限られている。国内でのヒトへの感染報告は現時点では無いが、中国では感染事例が報告されていることから、媒介種やウイルスの分布状況など詳細な調査が必要である。

新規先天性トキソプラズマ症モデルを用いたその予防法の開発**Development of new preventive method for congenital toxoplasmosis**

○神山 長慶¹, 佐知 望美¹, 小坂 総太郎¹, Thanyakorn Chalalai¹, 曾我 泰裕¹, 鹿子嶋 洋明¹, Supanuch Ekronarongchai¹, 小林 隆志¹

¹ 大分大医

○Naganori Kamiyama¹, Nozomi Sachi¹, Sotaro Ozaka¹, Thanyakorn Chalalai¹, Yasuhiro Soga¹, Yomei Kagoshima¹, Supanuch Ekronarongchai¹, Takashi Kobayashi¹

¹Faculty of Med, Oita Univ

トキソプラズマ原虫は人獣共通感染寄生虫であり、世界人口の約 1/3 が感染していると考えられている。健康なヒトが感染しても症状が出ることは稀だが、妊婦が初感染した場合、胎児に胎盤を介して垂直感染することで水頭症などの重篤な先天性疾患を引き起こす場合があり、これを先天性トキソプラズマ症と呼ぶ。我が国でも原因不明の流産・死産を含めると、先天性トキソプラズマ症の症例は決して少なくないと考えられている。このような背景があるにも関わらず、先天性トキソプラズマ症を予防するためのヒトで使用可能なワクチンは未だ開発されていない。

我々は、ケモカイン受容体 CCR2 欠損マウスでは、野生型マウスを用いた場合に再現が困難な先天性トキソプラズマ症による死産や胎児の形態異常を再現できることを見出した。このモデルを使用し、感染時に CCR2 依存的に胎盤に遊走してくるインフラマトリーモノサイトが先天性トキソプラズマ症の防御に重要であることを明らかにした。さらにトキソプラズマの不活化ワクチンによって誘導された免疫記憶が死産や胎児の形態異常を予防できることを見出した。

IL-10KO マウスにおけるネズミマラリア原虫 *Plasmodium yoelii* 17X のコラーゲン誘導関節炎抑制効果

Suppressive effect of *Plasmodium yoelii* 17X on collagen-induced arthritis in IL-10KO mouse

○清水 少一¹, 森田 健太郎¹, 長田 良雄¹

¹産業医大・医・免疫学・寄生虫学

○Shoichi Shimizu¹, Kentaro Morita¹, Yoshio Osada¹

¹Dept. of Immunol. & Parasitol., Sch. of Med., Univ. of Occup. & Environ. Health, Japan

【背景・目的】

コラーゲン関節炎 (CIA) は Th17 依存性の関節炎で、ヒトの関節リウマチの動物モデルの一つである。我々は弱毒性のネズミマラリア原虫 *Plasmodium yoelii* 17X (Py) が CIA を抑制し、Tr1 細胞由来 IL-10 産生が上昇していたことを報告した (Gaballah et al, 2022)。そこで IL-10 ノックアウト (KO) マウスを用いて Py の CIA 抑制効果における IL-10 の必要性を検討した。

【方法】

8 週齢オスの DBA/1J の野生型 (WT) または IL-10KO マウスに対して、ウシ II 型コラーゲン (CII) 200 μ g を皮内注射で免疫し、1 週間後に Py 感染赤血球 1×10^5 個を腹腔内注射で感染させ、末梢血の赤血球の原虫感染率 (原虫血症) を 3 日毎に測定し、関節の腫脹の程度を 4 段階のスコアで毎週評価した。免疫 3 週間後に血清と脾臓、四肢を採取し、脾細胞は抗 CD3 抗体刺激下に 48 時間培養して培養上清を回収した。培養上清中の各種サイトカインおよび血清中の抗コラーゲン IgG 抗体を ELISA 法で測定した。

【結果】

IL-10KO マウスの非感染群では免疫 2 週間後から発症し 4-5 週間には関節炎スコアがピークに達した。対照的に Py 感染群では免疫 3 週 (感染後 2 週) 後まで CIA を発症せず、Py の原虫血症が消失した免疫 4 週間以降に関節炎スコアが上昇して、免疫 5 週間以降は非感染群と同等となった。

免疫 3 週後の脾細胞培養では、CIA を促進するとされる IL-17 や TNF- α の有意な抑制が Py 感染群において観察された。一方、CIA を抑制するとされる IFN- γ も Py 感染群において有意に抑制されていた。また血清抗 II 型コラーゲン total IgG, IgG1, IgG2a はいずれも感染の有無に関わらず有意な差を認めなかった。

【考察】

Py による CIA 抑制効果は、原虫血症が持続する期間において IL-10KO マウスでも観察されたことから、IL-10 は同効果には必須ではないと考えられた。今後は T 細胞以外のサ

イトカイン産生や、より感染早期における免疫プロファイルを調べることでPyによるCIA抑制効果のメカニズムの解明に取り組む方針である。

クルーズトリパノソーマ原虫感染による脂肪分解メカニズムの解析
Analysis of lipolysis mechanism induced by Trypanosoma cruzi infection

○栗原 悠介¹, 石井 一成¹, 園田 卓己¹, 廣松 賢治¹

¹福大医

○Kurihara Yusuke¹, Ishii Kazunari¹, Sonoda Takumi¹, Hiromatsu Kenji¹

¹Fukuoka univ. Medicine

顧みられない熱帯病の1つで、シャーガス病の原因病原体であるクルーズトリパノソーマ原虫は、世界で800万人以上が慢性的に感染していると考えられている。一方、ヒトを含む宿主脂肪細胞は、10年以上といわれる寿命の長さや豊富な栄養成分から、病原体微生物の潜伏の場として、近年、注目されている。当研究室では、これまでに細胞内寄生細菌である肺炎クラミジアや非結核性抗酸菌の脂肪細胞への感染意義を明らかにしてきた。本発表では、クルーズトリパノソーマ原虫における脂肪細胞への感染、特に感染に伴う脂肪分解機序についての新たな知見を報告する。

我々は、分化誘導をかけた3T3L1脂肪細胞を用いて、クルーズトリパノソーマ原虫の*in vitro*感染実験を行った。その結果、虫体を感染させた脂肪細胞では、細胞内の脂肪滴が著しく減少し、Lipolysisが誘導されることが分かった。また、分化誘導をかけた3T3L1脂肪細胞における感染48時間後の虫体数を、未分化3T3L1細胞への感染における虫体数と比較したところ、未分化3T3L1細胞では虫体数が有意に減少することが分かった。つまり、虫体の効率的な増殖には脂肪滴が必要であり、それを利用する過程でLipolysisが誘導されることが示唆された。次に、虫体の感染によって誘導されるLipolysisの分子機序を明らかにするために、脂肪分解酵素であるhormone-sensitive lipase (HSL)のリン酸化修飾、およびAdipose triglyceride lipase (ATGL)の発現量を、ウェスタンブロット法で検証した。その結果、原虫感染に伴い、HSLおよびATGLのタンパク発現量が減少することが分かった。さらに、リソソーム膜タンパク質であるLysosome-associated membrane protein-2 (LAMP-2)と、脂肪滴表面タンパク質であるPerilipin-1の局在を共焦点顕微鏡で解析したところ、感染に伴いLAMP-2とPerilipin1が共局在を示すことが分かった。これらの結果から、トリパノソーマ原虫の感染によって誘導されるLipolysisは、HSL/ATGL非依存的であり、脂肪滴がリソソームによる直接的な接触を介して分解されるMicrolipophagyの誘導が示唆された。今後は、原虫の感染によって誘導されるこの特殊なLipolysisの詳細な分子機序を解析すると同時に、Lipolysisによって亢進される虫体の増殖機序を明らかにしていく予定である。

チクングンヤとデング熱が広がる地域における *Aedes aegypti* と *Aedes albopictus* の殺虫剤耐性の状況

Insecticide resistance status of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* in an area with chikungunya and dengue circulation

○ブル ジンボンベ ファビエン¹

¹長崎熱医研

○VULU ZIMBOMBE FABIEN¹

¹Nekken NU

The south-western region of the Democratic Republic of the Congo (DRC) has experienced a surge in the chikungunya and dengue occurrences these last three decades. At least three major chikungunya outbreaks have been reported in the area, accompanied by an increase in both chikungunya and dengue occurrence among febrile outpatients. Our study aimed to determine the insecticide resistance status of the vector species, *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*, in the region. We conducted larval collections from used tires, discarded containers, and water storage containers at 33 sites across Kinshasa and Kongo central provinces from May to June in both 2022 and 2023. A simplified bioassay was utilized to evaluate larval susceptibility to pyrethroid insecticides using d-allethrin. WHO tube insecticide bioassays were carried out on three *Ae. aegypti* and two *Ae. albopictus* populations that exhibited a high level of resistance to d-allethrin. Mosquito were exposed to 4% DDT, 0.4% permethrin, 0.5% etofenprox, 0.1% propoxur, 1% fenitrothion and to synergists (DMC, PBO, DEF, DEM). *Aedes albopictus* larvae exhibited a broader distribution, found in 97% of the surveyed sites, whereas *Ae. aegypti* larvae were primarily restricted to urban areas, present in only 27% of the sites. All *Ae. aegypti* populations demonstrated the highest level of resistance to d-allethrin. In contrast, the majority of *Ae. albopictus* populations displayed lower levels of resistance. All *Ae. aegypti* populations exhibited high levels of resistance to DDT, permethrin, etofenprox, and propoxur, except for one population in Kongo central that showed susceptibility to permethrin. Additionally, all *Ae. aegypti* populations were fully susceptible to fenitrothion. The *Ae. albopictus* populations, were resistant to DDT and propoxur but fully susceptible to fenitrothion. The *Ae. albopictus* population in Kinshasa was suspected to be resistant to permethrin, while the Kongo central population displayed susceptibility to permethrin but resistance to etofenprox. Both populations remained fully susceptible to fenitrothion. The inclusion of synergists generally had minimal or no impact on resistance levels for both species. The

findings indicate that, *Ae. aegypti* populations exhibited higher levels of insecticide resistance compared to *Ae. albopictus* populations. Permethrin emerged as a potential candidate insecticide against *Ae. albopictus* in Kongo central, while fenitrothion demonstrated effectiveness against both species in both Kinshasa and Kongo central.

電気を使わないモスキートトラップによるヌカカおよびブユの採集について
Evaluation of collecting biting midges and black flies by the mosquito trap without electric power

○大塚 靖¹, 庄司 明²

¹鹿大島嶼研, ²ヒノックス商事株式会社

○Otsuka Yasushi¹, Akira Shoji²

¹Kagoshima Univ., ²Hinox Co.,Ltd.

ヒノックス商事が開発したモスキートトラップは、電気を使用せずに太陽光による熱と炭酸水素アンモニウムにより二酸化炭素を発生させ、粘着シートで吸血昆虫を捕らえる製品である。製品名のように本来は蚊を対象としているが、他の吸血昆虫にも応用できるのではないと考え、今回はヌカカおよびブユについて試験をおこなった。2023年3月27～29日に奄美大島嘉徳において、モスキートトラップ3台を海岸および海岸近くに設置した。設置終了後に研究室に粘着シートを持ち帰り実体顕微鏡下で確認し、トクナガクロヌカカの亜種である *Leptoconops nipponensis oshimaensis* のメス45個体、オス5個体が採集されていた。2023年6月27～28日に鹿児島県十島村中之島においてモスキートトラップ4台を設置した。それらのうち、アシマダラブユのメスが西地区の集落に設置したトラップに12個体、十島開発総合センターの設置したトラップに1個体が採集された。西地区の集落に設置したトラップにはヌカカ（未同定）が4個体採集された。モスキートトラップはヌカカおよびブユを一定数採集できることがわかったので、今後は他のトラップと比較を行うとともに、設置方法や二酸化炭素の発生方法を改良して採集成績の向上を検討する。また、中之島で採集されたヌカカは、現地でガジュブと呼ばれている吸血昆虫の可能性があり、今後の調査が必要である。

羽化後の日数の異なるヒトスジシマカ雌の吸血と産卵に対する交尾の影響

The Effect of Mating in Blood-feeding and Oviposition of *Aedes albopictus* Females on the difference days after emergence

○向井 梨恵¹, ウィライ・パリンヤ¹, 本村 由佳¹, 権藤 彩未¹, 江頭 早紀¹, 坂本 大輔¹, 入江圭一¹, 鹿志毛 信広¹, 佐藤 朝光¹

¹福岡大薬

○Rie Mukai¹, Parinya Wilai¹, Yuka Motomura¹, Ayami Gondo¹, Saki Egashira¹, Daisuke Sakamoto¹, Keiichi Irie¹, Nobuhiro Kashige¹, Tomomitsu Satho¹

¹Fac. Pharm. Sci., Fukuoka Univ.

【背景】吸血、卵の形成、産卵の一連の行動からなる産卵周期は、蚊が繁殖するために必要な雌の行動である。特に、雌の吸血行動については、蚊媒介感染症の伝播と強く関係することから、数多くの研究の対象とされてきた。しかし、この雌の産卵周期に対する交尾の影響はほとんど解明されていない。本研究は、雌の吸血と産卵に対する交尾の役割を詳細に解明することを目的として行った。

【方法】本研究では、羽化後4日目と10日目のヒトスジシマカの成虫雌を使用した。まず、蛹期に生殖器の形態的差異に基づいて雌雄を区別し、成虫まで飼育したのち、未交尾群と交尾群を作製した。そして、マウスを用いて吸血行動を観察した。吸血した雌を個別のプラスチックカップで産卵させることにより、産卵した雌の数および産んだ卵の数を数えた。

【結果】羽化後4日目と10日目のどちらも、未交尾群と交尾群の間において、吸血率に有意な差は確認されなかった。一方、羽化後4日目と10日目のどちらも、未交尾群の産卵率および産卵した雌1匹あたりが産んだ卵の割合は、交尾群と比較して有意に低かった。

【考察】羽化後4日目以降では、ヒトスジシマカの雌の吸血に対して、交尾は影響しないことが示された。しかし、産卵は交尾によって正に制御された。以上のことから、交尾により生じるシグナルが、雌の卵の形成などに影響していることが予想された。

地下水槽発生チョウバエ等双翅目害虫の新規対策法評価

Field evaluation of a novel method for controlling drain flies in the underground water tanks.

○荻野 和正¹, 森本 雅紀², 山本 真也³, 長田 良雄¹, 菅澤 和之⁴

¹産業医科大学・医・免疫学・寄生虫学, ²理研ビタミン(株), ³住商アグロインターナショナル(株), ⁴繁和産業(株)

○Kazumasa Ogino¹, Masanori Morimoto², Shinya Yamamoto³, Yoshio Osada¹, Kazuyuki Sugasawa⁴

¹Dept. Immunology and Parasitology, UOEH, ²Riken Vitamin Co., Ltd., ³Summit Agro International Ltd., ⁴Hanwa Sangyo Co., Ltd.

都市部にある高層建築物の多くは地下に汚水槽、雨水槽を有しており、ここからチョウバエ、ノミバエなどに加えまれにチカイエカの発生が見られる。これら地下水槽の定期的な清掃は、厚労省建築物衛生法に定められて実施されているものの、対策は十分といえない状況も見られることから、発生する双翅目害虫が不快被害やまれに刺咬被害を起こしている。われわれは害虫の発生制御に壁面・天面の幼虫及び蛹対策、排水汚染防止等を考慮した新規技術に関し、実際にビル地下水槽でその実用性に関し評価する機会を得た。

対策技術は食品転用可能な界面活性剤、ドライアイス及び昆虫成長制御剤を用い、これらの資材を順次槽内に投入するという非常に単純なものであった。小規模、中規模の汚水槽及び排水管においては、新規技術は機能を発揮した印象であったが、本技術の核心である発泡に関し、水質によっては発現しにくいことがわかった。また、大規模な槽で行う際には、発泡時に発生する二酸化炭素が局部的に高濃度となり、作業者に危険が及ぶ可能性が示唆された。一方、害虫発生防止効果に関しては、実施後1か月間はすこぶる良好な結果を示した。発生周期の長い種に関しては、1か月以上の有効性も示唆された。今回、本新規技術に関し、有効性も含め総合的な評価を行ったので報告する。

鹿児島市内で大量発生したヤンバルトサカヤスデ対策その後

Continuous control of millipedes, *Chamberilinius hualienensis* Wang by a carbamate hydration agent in Kagoshima city.

○山口 光¹, 菊池 寛¹, ニノ宮 貞則¹, 長田 良雄², 荻野 和正^{1,2}

¹(株)サニックス, ²産医大医免疫学寄生虫学

○Hikari Yamaguchi¹, Hiroshi Kikuchi¹, Sadanori Ninomiya¹, Yoshio Osada², Kazumasa Ogino^{1,2}

¹Sanix Inc., ²Dept. Immunol. Parasitol., UOEH

1990年代以降、鹿児島県内で断続的に大量発生が生じるヤンバルトサカヤスデであるが、鹿児島市谷山地区においては2019年より発生が始まり、2020年に局地的大発生が生じたことにより商業施設より駆除要請を受け、対策を行っている。当初はカーバメート系粒剤散布、侵入防止装置設置等により対応し、結果的にはカーバメート系水和剤散布処理によって一定の成果を上げることができた。続く2021年も市内及び県内各地で大量発生が継続したため、駆除要請のあった商業施設の管理を継続すると共に、県内他地区において大発生が見られていた電力施設への対策を講じ、成果を得ることができた。これらの経緯状況については2021年及び2022年衛生動物学会本大会にて発表している。

われわれは、前回報告以降も管理する商業施設及び周辺の生息調査及び予防対策を定期的に継続しており、今回、2022年春以降の発生状況ならびに現在の環境状況を報告する。また、前回以降の気温、降水量データを加え、大量発生に関連する要素、我々の選択した対策の評価についても考察する。

捕食者の模型によるヒトスジシマカの忌避効果

Spatial repellency of dragonfly models against *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae)○砂原 俊彦¹, 二見 恭子¹

1 長崎大熱研

○Toshihiko Sunahara¹, Kyoko Futami¹¹Nekken, Nagasaki Univ.

殺虫剤や忌避剤等の化学物質はこれまで蚊の対策に大きく貢献してきたが、殺虫剤抵抗性発達のリスクや忌避剤の安全性への懸念やコストなどの問題もあり、理想的には化学物質に頼らない蚊の対策が求められている。Eikyu 社が 2021 年に発売した、小昆虫の捕食者であるオニヤンマの模型「おにやんま君[®]」はこのような社会的ニーズから虫除けグッズとしては大ヒット商品となっている。しかしその効果を評価した学術的な証拠は乏しい。

私たちは「おにやんま君[®]」とその姉妹品である「あかねちゃん[®]」（アキアカネの模型）がヒトスジシマカに忌避効果を示すかどうかを 2023 年 9 月より長崎大学医学部キャンパスにおいて調べている。キャンパス内の 12 ヶ所を調査場所として定め、9 月 12 日から 19 日までの間に「おにやんま君[®]」もしくは「あかねちゃん[®]」を地上 120-150cm の高さに吊るした場合と、何も吊さない場合（コントロール）とで周囲 2m 以内で 5 分間捕虫網によって採集される蚊の数を比較した。採集は「おにやんま君[®]」、「あかねちゃん[®]」、コントロールの場所を入れ替えながら午前と午後に行い、各場所において 3 つの条件で 2 回ずつ採集するようにした。5 分間に採集されたヒトスジシマカの雌の個体数はコントロールで平均 11.8 個体であったが、「おにやんま君[®]」を吊した場合は約 30%減少した。「あかねちゃん[®]」を吊した場合は約 17%の減少であった。ヒトスジシマカの雄の採集数については条件による違いはほとんど見られなかった。これらの模型がヒトスジシマカの産卵を防ぐ効果についても検証中である。

Deep Learning Models Applied to Timeseries Forecasting for Vector-Borne Diseases: A Climate Based Perspective

○Micheal Teron Pillay¹

¹Inst. of Tropical Medicine, Nagasaki Univ.

The influence and interplay between climate drivers and vector-borne diseases such as Dengue and Malaria are well known. Complexities inherent to using large data and multiple climate variables for predicting epidemiological outcomes have limited the quality of these disease predictions, which are an important tool to mitigate impacts before and during outbreak events. Using Deep Learning algorithms and models have proved great value when working with big and complex data, far outperforming statistical and classical machine learning approaches. In this study two Deep Learning platforms optimized for timeseries forecasting are used: the Transformer with Attention (TA) and the Temporal Fusion Transformer (TFT). Both models' algorithms were developed for use with multiple climate datasets, malaria (1998-2022), and dengue (2000-2018) case data. The TFT was trained to generalize case predictions for both malaria and dengue despite different geographic locales and climate data, resulting from its capability to handle multiple timeseries and the similarity between the vectors' reactions to climate. The models were trained to predict daily and weekly, case incidence outcomes for malaria and dengue. Results have indicated over 81-95% accuracy in dengue and malaria case predictions at a weekly level and over 95% at the daily level for some cases. With the temporal fusion transformer's ability to provide explainability, the specific contributions of each climate variable affecting case incidence indicate that max/min temperature and rainfall, and long-term signals such as the Indian Ocean Dipole exert substantial influence over the malaria and dengue case incidence. As dataset sizes grow in complexity and new variables such as migratory and entomological data become available, deep learning platforms may become more valuable for prediction tasks regarding health outcomes.

高病原性鳥インフルエンザのベクターとしてのオオクロバエ
Blow flies as a potential vector of highly pathogenic influenza virus

○藤田 龍介¹, 日野 真人¹, 鎗 卓司²

¹九州大学大学院・農学研究院, ²九州大学大学院・比較社会文化研究院

○Ryosuke Fujita¹, Masato Hino¹, Takuji Tachi²

¹Fac. Agr., Kyushu Univ., ²Fac. Soc. Cul. Stu., Kyushu Univ.

我が国における鳥インフルエンザは冬の渡り鳥が飛来する晩秋~春のシーズンに発生が見られる。近年、畜産業に大きな被害をもたらす高病原性鳥インフルエンザ (HPAI) が頻発するようになり、2022-2023 シーズンは過去最大規模の被害をもたらした。HPAI の国内導入は感染野鳥の飛来に始まり、野鳥間での感染拡大の後に鶏舎等の人間が管理する区域に広がっていくと考えられている。しかし、日本の多くの鶏舎では野鳥等の直接侵入が起きないような構造をとっており、野鳥から鶏への直接的なウイルス伝搬は想定しづらい。感染鳥の体内のウイルスは、呼吸だけではなく、糞便等の排泄物にも排出されることから、我々はこれら野鳥の糞に嗜好性を示す昆虫類が HPAI のベクターとなっているのではないかと考え、特に野鳥での HPAI 発生が顕著であった鹿児島県出水市においてハエ類の捕集調査とウイルス解析を行った。

その結果、ナベヅルの群集エリア周辺では捕集したオオクロバエのおよそ 15% がインフルエンザ陽性であり、その近接エリアやその他野鳥が多く見られる河口付近でもインフルエンザウイルス保有バエが見つかった。また検出されたウイルスの多くは、HPAI の原因ウイルスである H5N1 の血清型であることも確認された。

市街地におけるオオクロバエはおよそ 2km 半径程度の活動範囲を持っており、HPAI 発生農家の所在地はウイルス保有バエの捕集地からこの圏内であることも明らかとなった。これらの調査結果から、野鳥において HPAI が見られる地域では、オオクロバエがベクターとして大きな役割を果たしていることが推定された。

第 75 回 日本寄生虫学会 南日本支部大会/第 72 回 日本衛生動物学会 南日本支部大会
合同大会 運営

委員長 藤田 龍介

事務局長 日野 真人

運営委員 齋木 雅大・谷 菜月・米澤 徳隆・足立 朋範・小川 竜矢・中桐 慎也・
河合 雄貴・金子 大樹・鶴見 祐土・山口 礼華・渋谷 美咲・藤井 悠
介・江畑 慶伍・田中 綾太・近藤 祐里菜・張 銀・金 雨辰・
ABUBAKAR NURA・李 イェ