

タヌキ (*Nyctereutes procyonoides*) の  
疥癬の伝播様式に関する研究

( Study of transmission pattern in sarcoptic mange of raccoon dogs in Japan )

学位論文の内容の要旨

日本獣医生命科学大学大学院獣医生命科学研究科  
獣医保健看護学専攻博士後期課程平成 29 年入学

杉 浦 奈 都 子

( 指導教員 : 近江 俊徳 )

疥癬とはセンコウヒゼンダニ (*Sarcoptes scabiei*, 以下、ダニ) の寄生による掻痒性皮膚疾患である。疥癬はタヌキ (*Nyctereutes procyonoides*) で流行しており、宿主を超えた交差感染が成立する可能性があることから、伝播様式の解明が求められる。本研究では、タヌキの行動生態に着目し、タヌキの疥癬の流行要因ならびに伝播様式を明らかにすることを目的とした。

群馬県での自動撮影調査から、タヌキの生息密度上昇後に疥癬の流行が確認された。密度の上昇に伴い、接触頻度が増加し、ダニの伝播機会も増加したことが示唆された。また、タヌキの胎児の遺伝子解析から Multiple paternity の成立が示唆されたことから、交尾期には複数頭と交尾をする、つまり複数頭と接触する可能性が示唆された。高密度化という条件が整った状況で交尾期を迎えた場合、ダニの接触伝播が頻発し、疥癬の蔓延が助長される可能性が示唆された。

従来、タヌキの疥癬は家族間での接触伝播が流行要因だと提唱されてきたが、遺伝子解析による血縁関係の推定から、疥癬罹患個体の多くに血縁がないことが判明した。さらに、繁殖ペア同士での感染はタヌキの疥癬流行の重要な要因ではないことが示唆された。また、群馬県のタヌキの遺伝構造解析では、遺伝的分集団が各々まとまって分布していたことから、タヌキは定住性が高い生態であると示唆された。疥癬はまとまって発生していたことから、個体間の血縁といった関係性よりも、近接して生息する個体同士での接触が疥癬の局所的な流行を引き起こしている可能性が示唆された。

群馬県におけるタヌキ由来のダニの遺伝的分集団はタヌキの遺伝的構造とはリンクせず、2つのダニ遺伝的分集団は混在して分布していた。また、アカギツネ (*Vulpes vulpes*) 由来のダニがタヌキ由来のダニと遺伝的に近縁であったことから、タヌキ-アカギツネ間で交差感染が成立している可能性が高いと考えられた。また、神奈川県ของタヌキとダニの遺伝構造を比較したところ、タヌキの遺伝的集団は群馬県とは異なり、広域で混在する分布を示したが、ダニの遺伝的構造はこちらの調査地域でもリンクしなかった。よって、ダニの遺伝的構造はタヌキ以外の影響を受けており、ほかの野生動物や人、愛玩動物といった様々な宿主が関与し、タヌキの疥癬の蔓延が引き起こされている可能性が示唆された。