

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約

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

( 指導教授 : 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、タヌキにおける疥癬の流行がタヌキ個体群だけではなく、同所的に生息する野生動物や愛玩動物といった他種にまで及ぶ可能性がある。

タヌキの疥癬は、生息密度の上昇、及び家族間における接触機会が非常に多い行動生態であることから家族間での接触伝播が流行要因とされてきた。また近年、野生動物の感染症は、野生動物の行動生態を合わせて総合的に検討するべきであると言われている。そのため、タヌキ及びダニの遺伝的集団構造を明らかにし、タヌキの生態を考慮した上でダニの伝播様式の検討を行うことが必要である。

そこで、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、群馬県高崎市において自動撮影調査及びタヌキとダニの遺伝子解析を行った。また、神奈川県三浦半島において疥癬罹患のため救護されたタヌキの遺伝子解析を行った。

## 1. 自動撮影調査を用いた疥癬発生状況の把握及び生息密度と繁殖ペアの影響 (第 2, 3, 5 章)

タヌキの疥癬の発生状況と個体群動態の長期的な観察及び生息密度の関連を検討することを目的に、自動撮影調査を行った。疥癬の肉眼的所見である脱毛を指標に映像解析を行い Random Encounter Model から生息密度を推定した。また、繁殖ペアにおける疥癬の接触伝播の影響を評価することを目的に、単独撮影された場合と複数頭で撮影された場合の疥癬の発生状況を比較した。

生息密度の上昇が疥癬の流行を引き起こした可能性が示唆され、生息密度が通常時の 3 倍以上となった場合に、疥癬の流行が引き起こされる可能性が高いと考えられた。また、一度疥癬が流行した個体群はダニの感染が 5 年以上に渡って維持される可能性が高く、収束にも長期間の時間を要する可能性が示唆された。

撮影頭数と疥癬罹患状況の比率には差が認められず、疥癬様個体は単独で撮影されている場合が多かった。繁殖ペアによるダニの感染経路は成立しているものの、その感染経路がタヌキの疥癬の流行の重要な要因ではない可能性が示唆された。

## 2. タヌキの血縁関係及び生息地が疥癬の伝播に与える影響（第4章）

タヌキの疥癬の流行要因として提唱されてきた、親子や兄弟といった血縁関係のある個体同士の接触による影響を評価した。一方で、近年は生息地の分断化が個体同士の接触を高めているとの報告もあるため、タヌキの捕獲地点から生息地域による疥癬発生の影響評価も行った。

遺伝子解析による血縁関係の推定結果から、多くの疥癬罹患個体同士で血縁関係が認められなかった。疥癬の罹患には血縁関係にあたる個体の多さは関係なく、むしろ健常個体のほうが血縁関係にあたる個体が多く認められた。よって、血縁関係のある個体間による疥癬の接触伝播の頻度はそれほど多くないか、そのような接触伝播は疥癬の流行に重要な要因ではない可能性が示唆された。

一方で、疥癬は生息地域によって発生状況が異なり、疥癬の流行は局所的に起こっていた。よって、近接して生息する個体同士での接触伝播が、局所的な疥癬の流行を引き起こす重要な要因となっている可能性が示唆された。

## 3. タヌキにおける Multiple paternity の成立の検討（第6章）

交尾期が多くの個体と接触する機会になるのか検討することを目的に、母体と胎児の遺伝子型を比較し、同腹子に複数の父系が存在する”Multiple paternity”が成立している可能性があるか検討した。

妊娠個体3頭中2頭において、17座位中1または5座位で父系のアリルが3-4つ想定される結果を得た。これらの結果から父系が複数頭いたことが予想された。STR領域は突然変異が起りやすい遺伝子領域だが、17座位中1座位で突然変異が起こる確率は0.1%以下

である。よって、野生のタヌキで **Multiple paternity** が成立していた可能性が示唆された。複数頭のオスと交尾を行っていた可能性があり、交尾期が複数のタヌキが接触する機会となることで、ダニの伝播の重要な機会となっている可能性が示唆された。

#### 4. 群馬県高崎市におけるタヌキとセンコウヒゼンダニの遺伝構造解析（第7,8章）

タヌキの遺伝的な個体群構造から定住性などの行動生態を把握し、ダニの遺伝的構造と比較することで疥癬の伝播様式を検討することを目的に、タヌキ及びダニ（タヌキとアカギツネ (*Vulpes vulpes*) 由来) のミトコンドリア DNA (以下、mtDNA) 及び核 DNA のマイクロサテライト (以下、STR) 領域の遺伝子解析を行った。

タヌキの mtDNA 解析では、ハプロタイプは6つ検出された。STR 領域の遺伝構造解析では、タヌキは遺伝的分化が比較的大きい3つの遺伝的分集団から構成され、比較的まとまって分布していた。各分集団の遺伝的交流はあまり多くはないことが推察された。よって、タヌキは定住性が高く、この生態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。

ダニの mtDNA 解析では、タヌキ由来とアカギツネ由来のダニの母系は同一であることが判明した。STR 領域による遺伝構造解析では、遺伝的分化が小さい2つの分集団から構成され分集団は同一宿主内において混在していた。さらに、タヌキとアカギツネ間でも遺伝的分集団が混在しており、交差感染が成立する可能性が示唆された。よって、様々な野生動物種が関わることで、タヌキの疥癬の伝播様式は複雑化している可能性が高いことが示唆された。

#### 5. 神奈川県三浦半島に生息するタヌキとセンコウヒゼンダニの遺伝的構造解析（第9章）

群馬県高崎市での研究により得られた結果から考察された疥癬の流行要因は、異なる地域でも該当する普遍的な結果であるのか検証すること及び都市周辺地域におけるタヌキの

疥癬の伝播様式を解明することを目的に、神奈川県三浦半島において疥癬罹患により救護されたタヌキと寄生していたダニを対象に、遺伝子解析を行った。

タヌキの mtDNA 解析では、ハプロタイプは9つ検出された。疥癬に罹患したタヌキの血縁関係の推定では、7割の個体がいずれの個体とも血縁関係を持たないという結果を得た。よって、群馬県高崎市での解析と同様な結果が得られたことから、タヌキの疥癬の流行には、血縁関係のない個体同士での接触伝播が重要な要因となっている可能性が考えられた。遺伝構造解析の結果から、本調査地のタヌキは遺伝的分化の程度が小さい3つの分集団から構成され、全域に混在して分布している傾向が認められた。

ダニの mtDNA 解析では、3つのハプロタイプが検出された。STR 領域による遺伝構造解析では、神奈川県のタヌキに寄生するダニは2つの分集団から構成され、両集団は遺伝的交流が盛んに行われていると推察された。mtDNA 解析では、異なるハプロタイプのダニが同一宿主内で混在して寄生しており、STR 領域による遺伝的構造解析においても、同一宿主内で2つの分集団が混在していた。これにより、神奈川県に生息するタヌキの多くは複数回にわたりダニに感染している可能性が高く、感染機会が多いことが予想された。都市化による高密度化が個体間の接触機会を増加させている可能性や、タヌキ以外の野生動物や愛玩動物といった複数の宿主動物で疥癬の流行が維持され続けていることにより、タヌキにおいてダニの感染機会も高まった可能性が考えられた。

## 6. タヌキの主要組織適合遺伝子複合体領域の多様性 (第10章)

タヌキの疥癬の流行要因として、免疫系の関与の可能性を検討することを目的に、主要組織適合遺伝子複合体 (以下、MHC) 遺伝子にリンクする STR 領域の遺伝子型を判定し、遺伝的多様性の評価を行った。

ヘテロ接合度の観察値と期待値には有意な差は認められず、MHC 遺伝子の多様性の低下は認められなかった。神奈川県のタヌキでは、疥癬罹患個体のアレル頻度は特定の遺伝子型

に偏っていた。そのため、MHC 領域において特定の遺伝子型を持つことにより、過剰な免疫反応が引き起こされ、疥癬が重症化しやすくなっていることが推測された。

## 7. 総括 (第 11 章)

タヌキにおいても疥癬の発生には生息密度の上昇が関与し、通常時の 3 倍以上となったときに疥癬が流行すると考えられた。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。しかし、本研究結果から、タヌキは定住性が高い生態であり、個体間の血縁や繁殖ペアといった関係性よりも、生息域が近接してい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。さらに、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。加えて、アカギツネ由来とタヌキ由来のダニは遺伝的に近縁であり、交差感染が成立している可能性が高い。タヌキの疥癬の伝播様式には様々な宿主動物が関わっている可能性が高く、人や愛玩動物、産業動物へのダニの蔓延を防ぐためには、タヌキを含む野生動物との不用意な接触を避ける対策を行っていくことが必要だろう。