

猛禽類寄生コクシジウムの研究：

*Eumonospora* 属の形態学および分子系統学的特徴

(*Coccidia of raptors: morphological and molecular  
phylogenetic studies of genus Eumonospora*)

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

獣医学専攻博士課程平成 30 年入学

周 洵

(指導教員：池 和憲)

近年日本では小説や映画の影響によるフクロウ目認知度の高まりや、鳥カフェや動物カフェの増加が影響し、外国で繁殖された猛禽類（タカ目、ハヤブサ目、およびフクロウ目）が輸入され、ペットとして飼育される機会が増加している。動物の輸入届出制度によると、タカ目（法律上、ハヤブサ目も含める）は200羽から400羽前後で推移しているが、フクロウ目は2006年に609羽、2016年には1,741羽と、2.8倍増加している。海外より猛禽類を日本に輸入する際は、届出書と衛生証明書を日本の検疫所に提出する必要がある。衛生証明書ではウエストナイルウイルス熱並びに鳥インフルエンザに関する証明が必要であるが、その他病原体は届出の義務はない。実際に輸入された鳥類において人獣共通感染症を引き起こす病原体の検出報告もある。以上のように、日本では社会情勢により猛禽類の輸入が増加し、飼育動物診療施設等に訪れる機会が増加していると想定されるが、それらが保有する病原体の知見については不明なものが多い。本研究では日本に輸入される猛禽類の寄生虫について調査を行い、その過程において見出したコクシジウム類について形態学的ならびに分子生物学的特徴について調べ、系統分類学的位置について再検討を行い、また、既知のコクシジウム類との比較を行った。

第1章にて、東京都の飼育販売施設および東京都と大阪府の飼育動物診療施設から輸入猛禽類の糞便試料を採取した。直接薄層塗抹法および飽和食塩水浮遊法にて糞便内寄生虫検査を実施した結果、10種の猛禽類が陽性であった。ハヤブサ、セーカーハヤブサ、およびアカトビから回虫卵が、ミミヒダハゲワシより吸虫卵が、検出された。一方、フクロウ目5種とハヤブサ目1種から大きさの異なる2種類のコクシジウムのオーシストを検出した。メガネフクロウより検出された小型の成熟オーシストは形態学的特徴より *Eimeria* 属と同定した。一方、大型の成熟オーシストは1つのスポロシスト、スポロシスト内に8つのスポロゾイトを備え、スポロシストにスチーダボディは確認できなかった。この

形態学的特徴により *Avispora* 属と同定した。*Avispora* 属コクシジウムの検出は日本国内で初めてのことで、またメガネフクロウ、アフリカオオコノハズク、およびコチョウゲンボウは初宿主報告となった。

第2章は第1章にて得られた *Avispora* 属コクシジウムについて形態学的および分子系統学的な解析によってその分類学的位置の妥当性を明らかにすることとした。2018年にフクロウ5種より検出した *Avispora* 属オーシストをフクロウ目に寄生する種と形態学的に比較した結果、*Avispora henryae* と同定した。一方で文献調査の際、2016年に提唱された *Avispora* 属の、(1) オーシスト内に単一のスポロシストを有し、(2) そのスポロシストにスチーダボディが無い、という形態学的特徴はすでに1933年に *Eumonospora* 属の分類形質で提唱されており、*Avispora* 属は明らかな新参シノニムとなる。よってここに *Eumonospora* 属を再提唱し、*Avispora* 属は *Eumonospora* 属に再編することとした。更に *E. henryae* の18S、28S、および *cox1* 遺伝子の配列の解析から、遺伝子配列を決定した。2019年にハヤブサ目コチョウゲンボウより検出されたコクシジウムオーシストの形態も *Eumonospora* 属と一致し、ハヤブサ寄生種と形態学的に比較した結果、*E. kutzeri* と同定した。しかし決定したコチョウゲンボウ由来の *Eumonospora* 属18S、28S、および *cox1* の部分配列を比較したところ、*E. henryae* と一致した。この結果は形態学的に同定した *E. kutzeri* と一致しないが、複数の遺伝子領域で100%一致していることから、*E. henryae* を最終同定とした。今回、*E. henryae* がフクロウ目およびハヤブサ目に感染することが判明し、そのことによって *Eumonospora* 属は定説であった属レベルの宿主特異性ではなく、その種によって宿主特異性が異なることが示唆された。

第3章では第2章にて得られた *E. henryae* の複数の遺伝子領域を用いた分子系統解析により、*Eumonospora* 属の分類学的位置の解明を試みた。更に近縁な分類群との生物学知見とを比較し、分類形質の推定と系統の比較を行うことによ

って、系統関係と宿主の関係性から共種分化の過程を推定することとした。従来、コクシジウムのオーシスト内に 1 つのスポロシストと 8 つのスポロゾイトを形成する *Caryospora* 属や *Eumonospora* 属の様なコクシジウムはアイメリア科に分類されていた。しかし複数の研究で *Eumonospora* 属はサルコシステイス科と系統学的に近縁であることが示唆されている。従って、本研究では最初に *Eumonospora* 属のアイメリア亜目内での系統分類学的位置の解明を試みた。*Eumonospora* 属とアイメリア亜目の 18S データセットを最尤法にて系統解析した結果、*Eumonospora* 属はサルコシステイス科に属し、トキソプラズマ亜科、シストイソスポラ亜科、*Hyaloklossia* 属、および *Nephroisospora eptesici* と単系統群となった。更に *Sarcocystis* 属を外群とした 18S、28S、*cox1* 領域、およびそれぞれの領域を結合した結合配列の計 6 つのデータセットを使用し、最尤法とベイズ推定にて系統樹を作成した。その結果全ての解析にて類似した系統樹が作成され、*Eumonospora* 属はトキソプラズマ亜科と姉妹群を形成した。一方、*Eumonospora* 属の系統樹形は宿主猛禽類系統樹形と大きく類似する事も判明した。そして *E. henryae* がフクロウ目およびハヤブサ目の鳥類から検出されたことは、本種に宿主転換が起きた可能性を示唆していた。サルコシステイス科は現在その生物特性によりトキソプラズマ亜科、シストイソスポーラ亜科、およびサルコシステイス亜科の 3 つの亜科に分類することができるが、本研究では *Eumonospora* 属の 1 つのスポロシストに 8 つのスポロゾイトという、明確に他亜科と区別がつく形態学的特徴を鑑別根拠とし、新亜科エウモノスポーラ (*Eumonosporinae*) を提唱した。更に今までのサルコシステイス科に関するオーシスト形態の定義についても再考する必要があると思われた。

本研究は鳥類寄生のコクシジウム、*Eumonospora* 属を再提唱し、新亜科エウモノスポーラ (*Eumonosporinae*) を提唱した。更に日本国内より連続して海外輸入猛禽類から *E. henryae* が検出したことを報告する。コクシジウムは環境耐性及び

化学耐性が高く、一旦環境に広まると根絶が難しい病原体である。*Eumonospora* 属は鳥類に対して病原性を示しており、この原虫が誤って輸入猛禽類より野外に分布した場合、日本在来鳥類は重症化または死亡する恐れがある。検疫をすり抜けて病原体が日本に侵入していると仮定すると、輸入動物検疫規定の抜本的な見直しが必要であると思われる。

本研究結果は今後における *Eumonospora* 属の分類学的及びサルコシスティス科の分子系統学的な基盤知見となるとと思われる。更なる知見を得るため日本在来および輸入鳥類の定期的寄生虫調査、*Eumonospora* 属の宿主域、寄生部位の確認、生活環、中間宿主または待機宿主の発見、シストの形成能力、および生物特性などの研究が必須であると思われる。しかし本属の病原性や病態解析および治療法については、終宿主が主に猛禽類であり、1 個体が高額で SPF 個体が入手できないことから感染実験による証明が困難である。今後も、宿主情報、臨床症状、および死亡個体の病理組織検査に関する情報を継続して収集していくことが期待される。