

神奈川県内の大学農場における蚊の分布および鳥マラリア 原虫保有状況

誌名	日本獣医師会雑誌 = Journal of the Japan Veterinary Medical Association
ISSN	04466454
著者	城谷, 歩惟 柴田, 明弘 江尻, 寛子 佐藤, 雪太 畠山, 吉則 岩野, 秀俊 津田, 良夫 村田, 浩一 湯川, 眞嘉
巻/号	62巻1号
掲載ページ	p. 73-79
発行年月	2009年1月

神奈川県内の大学農場における蚊の分布および 鳥マラリア原虫保有状況

城谷歩惟¹⁾ 柴田明弘¹⁾ 江尻寛子¹⁾ 佐藤雪太^{1)†} 畠山吉則¹⁾
岩野秀俊¹⁾ 津田良夫²⁾ 村田浩一¹⁾ 湯川眞嘉¹⁾

1) 日本大学生物資源科学部 (〒252-8510 藤沢市亀井野1866)

2) 国立感染症研究所昆虫医科学部 (〒162-8640 新宿区戸山1-23-1)

(2008年5月2日受付・2008年10月14日受理)

要 約

日本各地の野鳥および飼育下鳥類から感染が報告されている鳥マラリア原虫は、*Culex*属や*Aedes*属の蚊によって媒介されるが、国内においてベクターとなる蚊の種類や原虫保有状況は十分に調べられていない。そこで、2006年4月から1年間、日本大学農場施設(神奈川県藤沢市)において蚊を捕獲して原虫遺伝子の検出を試み、鳥マラリア原虫保有状況を調査した。5属6種811個体の蚊が捕獲され、アカイエカ群とヒトスジシマカが大半を占めていた。DNA抽出した276サンプル中6サンプルから鳥マラリア原虫遺伝子に近縁な配列が増幅された(最小感染率:0.7%)。増幅がみられた蚊はすべてアカイエカ群であった。以上から、調査地に分布する蚊が鳥マラリア感染におけるベクターである可能性が示唆された。——キーワード:鳥マラリア, 蚊, PCR, *Plasmodium* spp., 節足動物媒介性感染症。

日獣会誌 62, 73~79 (2009)

鳥類の血液寄生原虫として、鳥マラリアの病原体であるプラズモディウム属原虫(*Plasmodium* spp.)およびヘモプロテウス属原虫(*Haemoproteus* spp.)やロイコチトゾーン(*Leucocytozoon* spp.)などが知られており、いずれも吸血性節足動物がベクターとなり伝播され、多くの鳥類に感染が認められている[1-4]。国内では、動物園の飼育鳥類から[5]、また、各種野鳥からの鳥マラリア感染が報告されている[6, 7]。鳥マラリア感染鳥類の病原性は、原虫と宿主との組み合わせによりさまざまであるが、抵抗力を持たない鳥種が感染した場合には、重篤な症状を呈し、致死的な経過を辿ることもある。本来蚊が生息していなかったハワイ諸島では、1830年代に人の移住によりネッタイエカ(*Culex quinquefasciatus*)が移入され、のちに鳥マラリア原虫(*P. relictum*)に感染した鳥類も移入されて感染サイクルが成立し、鳥マラリア感染に抵抗性をもたないハワイ原産の鳥類個体群が大きなダメージを受けたことが知られている[8, 9]。このため、気候変動によるベクターの分布域の拡大[10, 11]や外来鳥類の輸入などにより、在来鳥類が抵抗性を持たない鳥マラリア原虫に感染した場合、国内の固有鳥類相に大きな影響を与える可能性がある。

鳥マラリア原虫はおもに*Culex*属および*Aedes*属の蚊がベクターとなり伝播される[12-15]。鳥マラリアを含む節足動物媒介性感染症の対策には、ベクターに関するさまざまな情報が不可欠である。国内の鳥マラリアについては、宿主鳥類の感染に関しては報告されているが[5, 6]、蚊における鳥マラリア原虫保有状況およびベク



図1 日本大学農場(神奈川県藤沢市)における蚊捕獲地点
◎ドライアイストラップ設置場所

† 連絡責任者: 佐藤雪太(日本大学生物資源科学部獣医学科実験動物学研究室)

〒252-8510 藤沢市亀井野1866 ☎0466-84-3378 FAX 0466-84-3445 E-mail: sato.yukita@nihon-u.ac.jp

表1 日本大学農場において捕獲された雌成虫蚊の種類と捕獲個体数

種名(学名)	ドライアイストラップ				人囮法	総捕獲 個体数	DNA サンプル数
	鶏舎	牛舎	樹林地	小計			
ヒトスジシマカ (<i>Aedes albopictus</i>)	50	86*	37	173	334	507	121
オオクロヤブカ (<i>Armigeres subalbatus</i>)	0	1	0	1	4	5	5
アカイエカ群 (<i>Culex pipiens</i> group)	91*	45	71	207	5	212	123
コガタアカイエカ (<i>C. tritaeniorhynchus</i>)	0	0	1	1	0	1	1
ヤマトヤブカ (<i>Ochlerotatus japonicus</i>)	0	0	0	0	56	56	16
キンバラナガハシカ (<i>Tripteroides bambusa</i>)	4	8	15	27	3	30	10
合計	145	140	124	409	402	811	276

* 3地点中で最も多く捕獲された ($P < 0.001$)

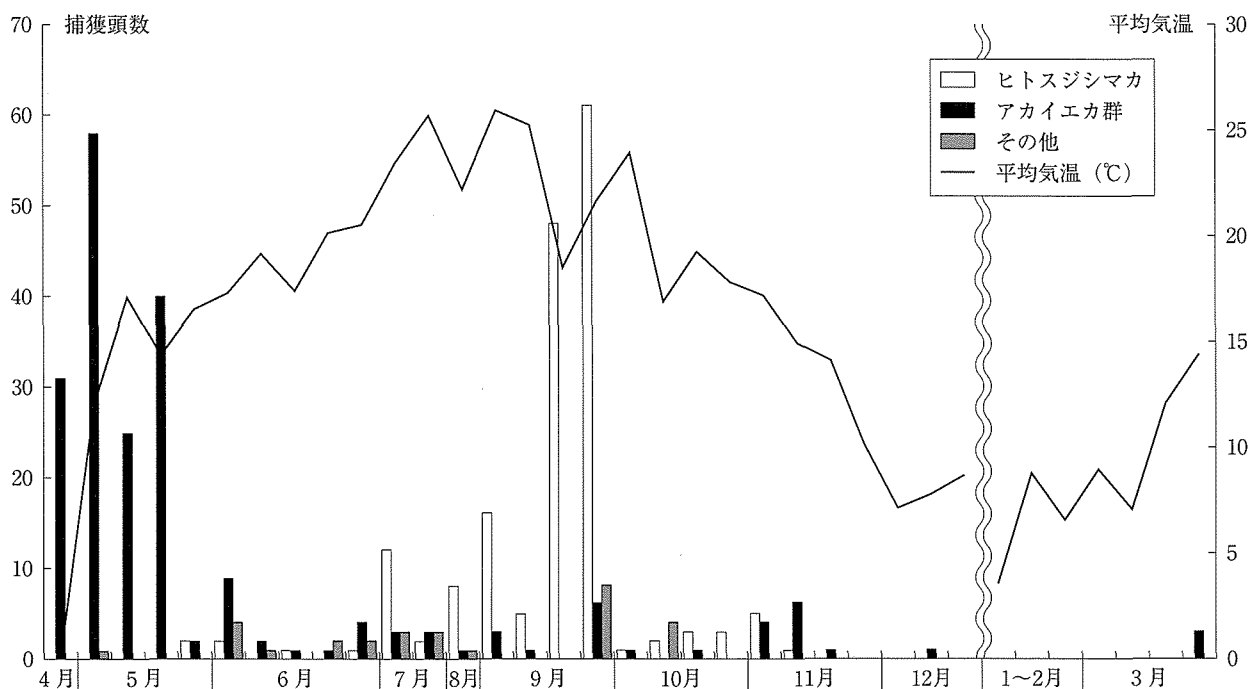


図2 日本大学農場における雌成虫蚊の年間変動

ターとなる蚊の種類についてはほとんど調べられていない。現時点で、鳥マラリア感染のベクターを調査し、感染サイクルを明らかにしておくことは、今後の環境変化に伴う病原体の分布拡大を予測する上で重要である。そこで本研究では、神奈川県に所在する日本大学農場施設内で、ベクター候補となる各種蚊の捕獲調査を行うとともに、鳥マラリア原虫保有状況について調査研究した。

材料および方法

調査は神奈川県藤沢市にある日本大学農場内 (N35° 22' 22", E139° 28' 7") で行った。農場は面積28haであり、農耕地、牧場および樹林地などによって構成されており、周囲は住宅地および農耕地となっている (図1)。蚊の捕獲は2006年4月~2007年3月に、CDC型ドライアイストラップおよび人囮法によって実施した。ドライアイストラップは原則として週1回、昼~夕に設置し、24時間後に回収を行った。誘引にはドライアイ

ス1kgを用い、ビニル製の保冷バックに入れてトラップの横に設置した。環境によって捕獲される蚊の違いをみるために鶏舎、牛舎および樹林地の3カ所にトラップを1台ずつ設置した (図1)。また、気温を自動的に測定・記録するThermoManager (KNラボラトリーズ、大阪) をドライアイストラップに装着し、トラップ稼働中の外気温を計測した。人囮法による捕獲は38cm径の捕虫網を用いて調査地内で任意に行った。捕獲した蚊は形態学的に同定した後、捕獲日時および捕獲場所を記録し、1.5mlのチューブに入れて-20°Cで保存した。

捕獲された蚊は、既報に従い捕獲日および種類ごとに1~5個体をプールし、REDEXtraction-N-Amp TM Tissue PCR KIT (シグマ・アルドリッチ・ジャパン、東京) を使用してDNAを抽出した [16]。抽出したDNAを用いて既報と同様に鳥マラリア原虫のミトコンドリアゲノムのチトクロームb領域を標的としたnestedPCRを行った [16]。すなわち、1回目の増幅プライ

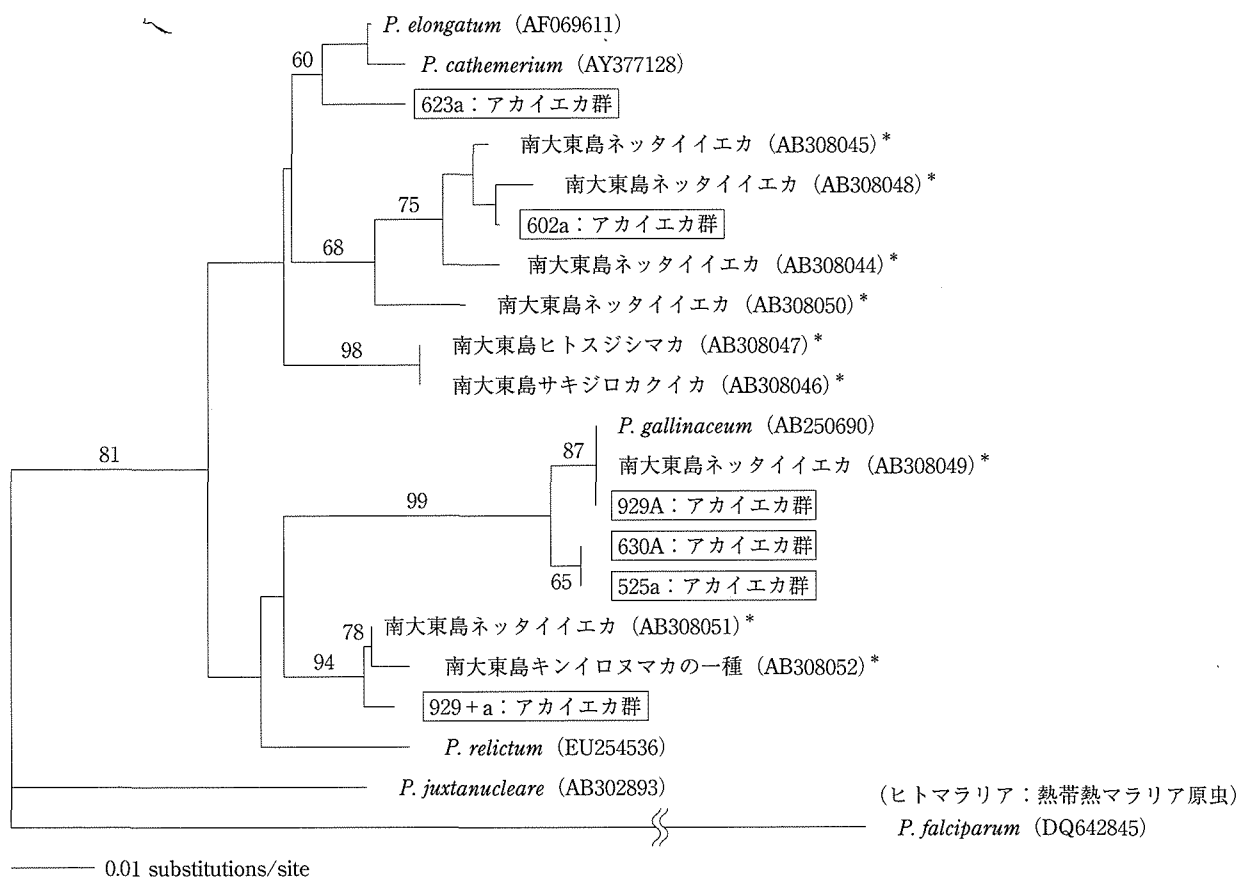


図3 蚊から増幅された塩基配列と既報の鳥マラリア原虫との分子系統学的類縁関係
 今回検出された塩基配列は□で示した. Outgroupの熱帯熱マラリア原虫以外はすべて鳥マラリア原虫の配列を用いた.
 *は沖縄県南大東島で捕獲された蚊より得られた塩基配列 (Ejiriら [16] による).

マーはDW2 (5'-TAA TGC CTA GAC GTA TTC CTG ATT ATC CAG -3') およびDW4 (5'-TGT TTG CTT GGG AGC TGT AAT CAT AAT GTG-3') を用い、2回目の増幅プライマーはAPFN (5'-CTT ATG GAA TTA TGG ATT TCT TTT AGG-3') およびAPRN (5'-ATA ATA AAG CAT AGA ATG AAC ATA TAA ACC-3') を用いた。増幅が認められたサンプルは塩基配列を決定し、GenBankに登録されている各種鳥マラリア原虫および国内の蚊より検出された鳥マラリア原虫遺伝子の塩基配列と比較して、熱帯熱マラリア原虫 (*P. falci-parum*) を out group として、既報 [16] に従い系統樹を作成した。

蚊の原虫保有状況は、既報に従いプールした蚊サンプルにおける1個体当たりの鳥マラリア原虫の保有率(最小感染率)を算出して検討した [17]。捕獲場所毎の蚊の種類および捕獲個体数の統計学的解析には、 χ^2 検定を用いて比較を行い、 $P < 0.05$ を統計的に有意と判断した。

成 績

蚊の捕獲総数：今回、ドライアイストラップおよび人

囿法で捕獲された雌成虫蚊は、ヒトスジシマカ (*Aedes albopictus*)、オオクロヤブカ (*Armigeres subalbatus*)、アカイエカ群 (*Culex pipiens* group)、コガタアカイエカ (*Culex tritaeniorhynchus*)、ヤマトヤブカ (*Ochlerotatus japonicus*) およびキンバラナガハシカ (*Tripteroides bambusa*) の5属6種811個体であった。捕獲方法および捕獲場所別に調査地において捕獲された雌成虫蚊の種類と捕獲個体数を表1に示す。最も多く捕獲されたのはヒトスジシマカで507個体(62.5%)、次いでアカイエカ群212個体(26.1%)、ヤマトヤブカ56個体(6.9%)であった。4属5種409個体(50.4%)はドライアイストラップで捕獲された。ドライアイストラップで最も多く捕獲された蚊は、アカイエカ群で207個体(50.6%)、次いでヒトスジシマカで173個体(42.3%)であった(表1)。調査1回当たりのドライアイストラップ1台における平均捕獲個体数(頭/トラップ/日)は、ヒトスジシマカで4.0頭、アカイエカ群では4.8頭であった。人囿法においては、ヒトスジシマカがおもに捕獲され334個体(83%)であった。ヤマトヤブカはドライアイストラップでは雄2頭のみが捕獲されたが、人囿法では雌個体56頭が捕獲された(表1)。ま

た、ドライイストラップでは捕獲されなかったキンイロヤブカ (*Aedes vexans*) の雄個体1頭が捕獲された。

捕獲場所ごとにおける蚊の種構成の比較：ドライイストラップの設置環境ごとに蚊の種類と捕獲個体数に有意差が認められた。すなわち、アカイエカ群が最も多く捕獲された場所は鶏舎であり、次いで樹林地、牛舎であった ($P < 0.001$)。またヒトスジシマカは牛舎において最も多く捕獲された ($P < 0.001$) (表1)。

蚊の発生時期：アカイエカ群は調査期間中の4～12月の9カ月間および翌年3月に捕獲され、最も長い期間捕獲された。発生のピークは4月 (31.0頭/トラップ/日) および5月 (31.3頭/トラップ/日) であった。ヒトスジシマカは5～11月まで捕獲され、9月に発生のピークが認められた (32.5頭/トラップ/日)。また、10月以降、平均気温が20℃以下になると、蚊の捕獲個体数が減少する傾向がみられた。なお、10月初回の調査では、前月より蚊の捕獲個体数が減少しているが、調査時に台風が上陸していた (図2)。

鳥マラリア原虫保有状況：総捕獲個体811頭から得られたDNAサンプル276検体中、6検体でPCRによる増幅がみられた。すなわち、雌成虫蚊における鳥マラリア原虫の最小感染率は0.7% (6/811) であった。また、増幅が確認されたサンプルはすべてアカイエカ群であり (6/123, 4.9%)、捕獲月別には5月1サンプル、6月3サンプル、9月2サンプルであった。塩基配列を決定することができた増幅産物214bpを用いて既報の鳥マラリア原虫との系統関係を検討した。比較に用いた塩基配列のうち、南大東島の蚊から検出された系統は、すべて鳥マラリア原虫に近縁であることが報告されている [16]。その結果、今回検出された系統は、いずれも既報の各種鳥マラリア原虫に近縁であり、5系統に分かれていた。さらに1サンプル (929A) は *P. gallinaceum* と100%相同であった (図3)。

考 察

蚊の分布：今回、神奈川県藤沢市に位置する日本大学農場に5属7種の蚊が生息し、アカイエカ群およびヒトスジシマカが多いことが明らかになった。藤沢市と同じ神奈川県内に位置する横浜市においても、同様にアカイエカ群とヒトスジシマカが多く分布していることが報告されている [18]。津田ら [19] の関東圏における調査結果と比較すると、アカイエカ群の発生時期 (4～12月) は一致していたが、本調査では翌年3月に生息が確認されており、1カ月早くアカイエカ群が発生していることが示唆された。発生のピークも本調査 (5月) は既報 (6月) より1カ月早かった。また、ヒトスジシマカの発生時期は、本調査 (5～11月) の方が既報 (5～10月) より長かった。発生のピークは本調査 (9月) が既

報 (8月) より1カ月遅かった。蚊の発生は、生息環境における平均気温、幼虫生息場所の水温、植生などさまざまな条件が影響するため [20, 21]、津田らの調査と発生時期が異なった要因の特定は難しいと思われる。

トラップ設置環境ごとに捕獲個体数を比較すると、牛舎でヒトスジシマカが、鶏舎および樹林地でアカイエカ群が有意に多かった ($P < 0.001$)。アカイエカ群は鳥類に対する嗜好性が高く [22, 23]、ヒトスジシマカは人や哺乳類に対する嗜好性が高いと報告されており [22]、今回の調査でも、ヒトスジシマカがアカイエカ群に比べて哺乳類 (牛) を嗜好している可能性が高いことが示唆された。これまでに、各種病原体のベクターが吸血している動物 (吸血源動物) の遺伝子を増幅して検出し、吸血源動物を推定した報告がある [24-26]。本調査で捕獲した蚊についても、同様に吸血源動物を分子生物学的に検討すれば、蚊の嗜好性をより具体的に推定できると思われる。

人囮法ではおもにヒトスジシマカが捕獲されたが、これはヒトスジシマカが特にヒト嗜好性であるため [27] と考えられる。今回の調査では、人囮法を補助的手段として用いたため定量的な捕獲を行っていない。人囮法を用いたベクターの捕獲調査では、開始時刻、捕獲時間および調査者数を定めており [28-30]、捕獲条件を一定にして調査を行うことにより、今後、調査地に生息する蚊の種類および数をさらに明らかにしていくことが可能になると思われる。

蚊における鳥マラリア原虫保有状況：日本大学農場における雌成虫蚊の鳥マラリア最小感染率は0.7%であった。同じ関東圏に位置する動物園・水族館における調査では11.3% (おもにアカイエカ群、トラフカクイカ (*Lutzia vorax*) より検出) と高い値であった [31]。いっぽうで、沖縄県南大東島における調査では1.2% (ネッタイエカ、サキジロカクイカ (*Lutzia fuscans*)、ヒトスジシマカおよびキンイロヌマカ的一种 (*Mansonia* sp.) より検出) であった [16]。宿主鳥類における鳥マラリア感染率を比較する必要があるものの、人工的な飼育施設内ではベクターを回避することが困難なため、鳥マラリア原虫保有率が高くなる可能性がある。よって、蚊における原虫保有率を評価する際には、マラリアの種と捕獲を行った環境条件を考慮する必要があると考える。

系統解析により、増幅が確認された6サンプルはすべて鳥マラリア原虫に近縁であり、5系統に分類された。これまでに、国内では各種鳥類で鳥マラリア感染が報告されているが [5-7]、形態学的分類が困難であり、分子系統解析も進行中であるため、現時点では鳥マラリア原虫の分布状況、特に原虫の種数については統一見解が得られていない。しかし今回、異なる遺伝子背景を持つ原

虫遺伝子の配列が検出されていることから、ベクターである蚊は国内において複数種の鳥マラリア原虫を媒介している可能性があると考えられる。そのうち1サンプルは *P. gallinaceum* と塩基配列が100%相同であった。*P. gallinaceum* はニワトリに対して強い病原性を示すことが知られているが、これまで沖縄県南大東島のネッタイエカからの遺伝子検出報告 [16] を除いて、国内の蚊における感染は知られていない。ニワトリ以外の鳥類における *P. gallinaceum* の病原性は不明であり、野鳥では不顕性感染を示す可能性もある。本原虫感染による養鶏産業に対する影響も考慮し、今後は農場で見られる野鳥の血液原虫の調査も必要であると考えられる。

鳥マラリア原虫の増幅が確認された6サンプルはすべてアカイエカ群であった。ドライアイストラップではアカイエカ群が最も多く捕獲され、全体の半数を占めていた。熱帯熱マラリアにおいては、主要なベクターであるハマダラカ (*Anopheles* spp.) が雨季に大量に発生し、マラリアに感染するリスクが高くなる [29]。本調査においてアカイエカ群は4月および5月に捕獲個体数のピークが確認され、さらに5月および6月に捕獲された個体から鳥マラリア原虫の遺伝子が増幅された。よって本調査地では4~6月に鳥マラリア感染が高率に起こっている可能性が考えられる。なお、本調査地における鳥類の鳥マラリア感染状況は不明なため、蚊を介した宿主-寄生虫関係の解明を目的とした今後の調査が求められる。

4~6月には熱帯・亜熱帯アジアから夏鳥が飛来し [32]、オセアニアや東南アジアからは日本を中継地とするシギ・チドリ類 [33] が飛来する。これらの鳥類は、日本には分布しない鳥マラリア原虫を保有している可能性があり、シギ類ではハマシギ (*Calidris alpina*)、ミユビシギ (*Calidris alba*)、キアシシギ (*Tringa brevipes*)、イソシギ (*Actitis hypoleucos*)、チュウシャクシギ (*Numenius phaeopus*) およびタシギ (*Gallinago gallinago*)、チドリ類ではコチドリ (*Charadrius dubius*)、イカルチドリ (*Charadrius placidus*) およびメダイチドリ (*Charadrius mongolus*) が実際に市内で観察されている。渡り鳥と蚊の間で、日本に常在しない高病原性鳥マラリア原虫の伝播が起こった場合、日本の固有鳥類に新たな鳥マラリア原虫の感染拡大が起こる可能性も考えられるため、生物多様性の保全上、留意が必要である。

この100年間の気候変動により、気温や海面の上昇などの環境異変が急速に進行している [34]。気流の変化による渡り鳥の飛来コースへの影響 [32] や、エルニーニョ現象による降水量の増大が、ベクターの発生量および分布に影響する可能性が示唆されている [11]。よって、鳥マラリアの感染サイクルを解明し、原虫、ベクターおよび宿主を長期的にモニタリングする手法を確立で

きれば、環境変化による節足動物媒介性感染症拡大のリスク評価が容易になり、希少鳥類の保護管理や生物多様性保全のみならず、人の公衆衛生にも役立つと考える。

本研究は、文部科学省学術フロンティア推進事業「人獣共通感染症のサーベイランスと制御」、地球環境研究総合推進費 (F-062)、平成19年度日本大学学術研究助成金一般研究 (共同) およびハイテクリサーチセンター事業公募班研究助成により実施された。

引用文献

- [1] Jenkins CD, Temple SA, Riper CV, Hansen WR : Disease-related aspects of conserving the endangered Hawaiian crow, *Diseases and Threatened Birds*, Cooper JE, ed, 77-87, ICBP, England (1989)
- [2] Peirce MA : The significance of avian haematzoa in conservation strategies, *Diseases and Threatened Birds*, Cooper JE, ed, 69-76, ICBP, England (1989)
- [3] Cranfield MR, Graczyk TK, Beall FB, Ialeggio DM, Shaw ML, Skjoldager ML : Subclinical avian malaria infections in African black-footed penguins (*Spheniscus demersus*) and induction of parasite recrudescence, *J Wildl Dis*, 30, 372-376 (1994)
- [4] Sato Y, Hagihara M, Yamaguchi T, Yukawa M, Murata K : Phylogenetic comparison of *Leucocytozoon* spp. From wild birds of Japan, *J Vet Med Sci*, 69, 55-59 (2007)
- [5] 松本令以, 植田美弥, 佐藤雪太, 比嘉由紀子, 津田良夫, 渡邊京子, 村田浩一 : よこはま動物園における鳥マラリアの発生と対策, *獣医畜産新報*, 59, 827-830 (2006)
- [6] Murata K : Prevalence of Blood Parasites in Japanese Wild Birds, *J Vet Med Sci*, 64, 785-790 (2002)
- [7] Nagata H : Reevaluation of the prevalence of blood parasites in Japanese Passerines by using PCR based molecular diagnostics, *Ornithological Science*, 5, 105-112 (2006)
- [8] Atkinson CT, Dusek RJ, Woods KL, Iko WM : Pathogenicity of avian malaria in experimentally-infected Hawaii Amakihi, *J Wildl Dis*, 36, 197-204 (2002)
- [9] Fonseca DM, LaPointe DA, Fleischer RC : Bottlenecks and multiple introductions : population genetics of the vector of avian malaria in Hawaii, *Mol Ecol*, 9, 1803-1814 (2002)
- [10] Rydzanicz K, Kiewra D, Lonc E : Changes in range of mosquito-borne diseases affected by global climatic fluctuations, *Wiad Parazytol*, 52, 73-83 (2006)
- [11] 倉根一郎 : 地球温暖化と感染症, *公衆衛生*, 71, 467-470 (2006)
- [12] Bennett GF : Hematozoa, *Companion Bird Medicine*, Burr EW, ed, 120-128, The Iowa State University Press, Ames, Iowa (1987)
- [13] Nayar JK, Knight JW, Telford SR Jr : Vector ability of mosquitoes for isolates of *Plasmodium elongatum* from raptors in Florida, *J Parasitol*, 84, 542-546 (1998)
- [14] Forrester DJ, Nayar JK, Foster GW : *Culex nigripalpus* : A natural vector of wild turkey malaria (*Plasmodium hermani*) in Florida, *J Wildl Dis*, 16, 391-394

- (1980)
- [15] G Valkiūnas : SYSTEMATIC SECTION Family Plasmodiidae, Avian malaria parasites and other haemosporidia, 589-730, CRC Press, Florida (2005)
- [16] Ejiri H, Sato Y, Sasaki E, Sumiyama D, Tsuda Y, Sawabe K, Matsui S, Horie S, Akatani K, Takagi M, Omori S, Murata K, Yukawa M : Detection of avian *Plasmodium* spp. DNA sequences from mosquitoes captured in Minami Daito Island of Japan, J Vet Med Sci (in press)
- [17] White BJ, Andrew DR, Mans NZ, Ohajuruka OA, Garvin MC : West Nile virus in mosquitoes of Northern Ohio, 2003, Am J Trop Med Hyg, 75, 346-349 (2006)
- [18] 小曾根恵子, 金山彰宏, 神奈川県ベストコントロール協会, 横浜市中区福祉保健センター環境衛生係: 横浜市における蚊成虫捕獲調査第2報(2004年度), ベストロジー, 20, 89-94 (2005)
- [19] 津田良夫, 比嘉由紀子, 倉橋 弘, 林 利彦, 星野啓太, 駒形 修, 伊澤晴彦, 葛西真治, 佐々木年則, 富田隆史, 澤邊京子, 二瓶直子, 小林陸生: 都市域における疾病媒介蚊の発生状況調査: ドライアイストラップを用いた2年間の調査結果, 衛生動物, 57, 75-82 (2006)
- [20] 佐々 学: 蚊の生活, 蚊の科学, 初版, 75-90, 図鑑の北隆館, 東京 (1976)
- [21] 津田良夫: マラリア, デング熱の生態と地球温暖化一媒介蚊の生態研究を通して考える一, 感染・炎症・免疫, 38, 52-61 (2008)
- [22] 横山絃子, 斉藤康秀, 二瓶直子, 澤邊京子, 津田良夫, 小林陸生: 蚊の吸血嗜好性に関する室内選択実験および野外捕集蚊における調査, 衛生動物, 57, 42 (2006)
- [23] 佐々 学: 蚊の科学, 蚊の科学, 初版, 1-10, 図鑑の北隆館, 東京 (1976)
- [24] Van Den Hurk AF, Johansen CA, Zborowski P, Paru R, Foley PN, Beebe NW, Mackenzie JS, Ritchie SA : Mosquito host-feeding patterns and implications for Japanese encephalitis virus transmission in northern Australia and Papua New Guinea, Med Vet Entomol, 17, 403-411 (2003)
- [25] Molaei G, Oliver J, Andreadis TG, Armstrong PM, Howard JJ : Molecular identification of blood-meal sources in *Culiseta melanura* and *Culiseta morsitans* from an endemic focus of eastern equine encephalitis virus in New York, Am J Trop Med Hyg, 75, 1140-1147 (2006)
- [26] Massey B, Gleeson DM, Slaney D, Tompkins DM : PCR detection of *Plasmodium* and blood meal identification in a native New Zealand mosquito, J Vector Ecol, 32, 154-156 (2007)
- [27] 上村 清: 日本産蚊科各種の解説, 蚊の科学, 初版, 150-288, 図鑑の北隆館, 東京 (1976)
- [28] 高岡宏行, 福田昌子, 大塚 靖, 青木千春, 江島伸興: タイ国北部のドイインタノン国立公園における人囹法を用いたブユ成虫の季節消長および日内活動に関する研究, 衛生動物, 56, 335-348 (2005)
- [29] Bigoga JD, Manga L, Titanji VP, Coetzee M, Leke RG : Malaria vectors and transmission dynamics in coastal south-western Cameroon, Malar J, 6, 5 (2007)
- [30] 比嘉由紀子, 星野啓太, 津田良夫, 小林陸生: 北海道東部におけるドライアイストラップと人囹法による蚊の採集結果, 衛生動物, 57, 93-98 (2006)
- [31] 澤井理紗, 佐藤雪太, 佐々木絵美, 渡邊京子, 比嘉由紀子, 津田良夫, 植田美弥, 松本令以, 長塚信幸, 湯川眞嘉, 村田浩一: 首都圏の動物園および水族館における鳥マラリアのベクター検索, 獣医寄生虫学会誌, 5, 27 (2006)
- [32] 今井長兵衛: ウエストナイルウイルスの日本への侵入可能性と対策, 生活衛生, 48, 341-352 (2004)
- [33] 村田浩一: 日本産野鳥の住血原虫感染に関する研究, 動物の原虫病, 22, 1-8 (2007)
- [34] Walther GR, Post E, Convey P, Menzel A, Parmesan C, Beebee TJ, Fromentin JM, Hoegh-Guldberg O, Bairlein F : Ecological responses to recent climate change, Nature, 416, 389-395 (2002)

Detection of Avian Malaria DNA from Mosquitoes in Kanagawa in Japan
Ai SHIROTANI*, Akihiro SHIBATA, Hiroko EJIRI, Yukita SATO[†], Yoshio TSUDA,
Yoshinori HATAKEYAMA, Hidetoshi IWANO, Koichi MURATA
and Masayoshi YUKAWA

* College of Bioresource Sciences, Nihon University, 1866 Kameino, Fujisawa, 252-8510, Japan

SUMMARY

To investigate the prevalence of avian malaria protozoa in probable vector species in Japan, we collected mosquitoes in Fujisawa, Kanagawa prefecture in Japan from April 2006 to March 2007. Eight hundred eleven mosquitoes from six species were captured by dry ice traps and human bait methods. The main species collected were the *Culex* and *Aedes* genera. Samples were extracted from the collected mosquitoes and were used for avian malaria detection. Using PCR, six of 276 DNA samples were found positive for the partial mitochondrial *cytb* gene of avian *Plasmodium* (2.2%). Estimated minimum infection rate was 0.7% in this study. Mosquito species of positive samples were all from the *Culex* genus. The *Culex* genus could be a possible vector species of avian *Plasmodium* in the area studied.

—Key words : avian malaria, mosquito, PCR, *Plasmodium* spp., vector-borne disease.

† Correspondence to : Yukita SATO (Laboratory of Biomedical Science, Department of Veterinary Medicine, College of Bioresource Sciences, Nihon University)
1866 Kameino, Fujisawa, 252-8510, Japan
TEL 0466-84-3378 FAX 0466-84-3445 E-mail : sato.yukita@nihon-u.ac.jp

J. Jpn. Vet. Med. Assoc., 62, 73 ~ 79 (2009)

日本獣医公衆衛生学会誌編集委員会委員

【編集委員】

◎山本 茂貴 (国立医薬品食品衛生研究所食品衛生管理部長)
○津田 修治 (岩手大学農学部教授)
伊藤 壽啓 (鳥取大学農学部教授)
高鳥 浩介 (東京農業大学客員教授)
丸山 総一 (日本大学生物資源科学部教授)
稲葉 睦 (北海道大学大学院獣医学研究科教授)
今井 壯一 (日本獣医生命科学大学獣医学部教授)
梅村 孝司 (北海道大学大学院獣医学研究科教授)

川村 清市 (北里大学名誉教授)
月瀬 東 (日本大学生物資源科学部教授)
中澤 宗生 (動物衛生研究所動物疾病対策センター長)
中山 裕之 (東京大学大学院農学生命科学研究科教授)
森友 靖生 (東海大学阿蘇校舎農学部教授)
(◎委員長, ○副委員長)

編集発行人 日本獣医公衆衛生学会
会長 熊谷 進

『*投稿を希望される方は、学会誌投稿規程 (第61巻第12号967頁) 及び三学会誌投稿の手引き (第61巻第12号971頁) をご参照ください』