

学 位 論 文 題 名

Biodiversity of helminth parasites in Mongolia

（モンゴルにおける寄生蠕虫類の生物多様性）

学位論文内容の要旨

モンゴルは、シベリアのタイガから中央アジアのステップ、アルタイ山脈、ゴビ砂漠に至る中央アジアの生態移行帯を占めている。ここには多様な種の動植物が分布し、その中には世界的に見て絶滅の危機に瀕する種も含まれている。これまでモンゴルの野生哺乳類に寄生する蠕虫相に関する研究は数少ない。本研究では、多種の野生哺乳類を調査し、モンゴルにおける寄生蠕虫類の生物多様性の特徴を明らかにし、特に、プラントハタネズミ *Microtus brandti* については、ステップの8地域の個体群について調査し、宿主個体群の変動とその蠕虫の群集構造と多様性への影響を明らかにした。

1. モンゴル産野生哺乳類における寄生蠕虫類の生物多様性

モンゴルにおける寄生蠕虫の生物多様性を調べるために、50種 (1,678頭) の哺乳類 (ウサギ目 5種, 齧歯目 42種, 食肉目 3種) を調査した。条虫31種, 鉤頭虫2種, 線虫42種および五口虫1種の計76種の内部寄生虫を検出した。一方, 吸虫は全く発見できなかった。これらの蠕虫うち, 21種についてモンゴルにおける初報告で, 26種については新宿主記録であった。10種の蠕虫については既知種とは一致しなかった。地域ごとに見ると, 森林帯から22種, ステップから56種, 砂漠から15種, 高山帯から19種の蠕虫がそれぞれ検出された。動物地理学的には, 汎存種9種, 全北区種12種, 旧北亚区種55種が含まれ, モンゴル産野生動物の内部寄生蠕虫相はアフリカ-アジア砂漠, ユーラシア寒帯森林, ユーラシア山岳地帯, 高地アジア, 中央アジアステップ, シベリアの影響が複雑に入り交じったものであった。

2. モンゴル産ユキヒョウ *Uncia uncia* から得られたテニア科条虫の形態学および遺伝学的研究

ユキヒョウから胞状条虫 *Taenia hydatigena* Pallas, 1766 に類似したテニア科条虫が採集された。この寄生虫について形態およびミトコンドリアDNAのチトクロームcオキシダーゼサブユニット I (CO I) 遺伝子について検討をおこなったところ, *Taenia kotlani* と同定された。両種は虫体長, 精巣数および虫卵の大きさで区別され, CO I 遺伝子のシーケンスでは384塩基中34塩基 (8.6%) が異なり, この結果は *T. kotlani* の種としての妥当性を支持するものであった。*T. kotlani* は汎存種の胞状条虫に形態的および遺伝的に最も近縁な種であり, 両種は同じ中央アジアに起源をもつ可能性が示唆された。

3. モンゴル産齧歯類から得られた中擬糸虫科糸虫の形態および感染実験

モンゴル産の齧歯類5種（オナガホッキョクジリス *Spermophilus undulatus*, タイリクヤチネズミ *Clethrionomys rufocanus*, ブラントハタネズミ *Microtus brandti*, ニシモンゴルイツユビトビネズミ *Allactaga bullata*, スナネズミ *Meriones unguiculatus*）から *Mesocestoides* 属糸虫の幼虫（テトラチリジウム）が得られた。まず、ブラントハタネズミから得た幼虫をスナネズミ腹腔内へ実験的に移植したところ、移植後125日に回収された幼虫の体長は有意に増加していた。宿主種により虫体長に有意に差異があることが示唆された。次に、2頭のイヌにこれら幼虫を実験感染したところ、虫卵排泄までの期間は35日で、成虫が回収された。この成虫にもとづき、ブラントハタネズミ由来の幼虫は有線糸虫 *Mesocestoides lineatus* であることが示された。自然感染していたニシモンゴルイツユビトビネズミから得られた幼虫のミトコンドリア CO I 遺伝子のヌクレオチドのシーケンスを調べた。*Mesocestoides* 属幼虫は実験感染によって得た成虫の形態学的観察によってのみ可能であったが、DNAの塩基配列の比較によっても同定できるものと期待できる。幼虫だけでなく、*Mesocestoides* 属成虫もアルタイキヌゲネズミ *Allocricetulus curtatus* から得られたが、これはロシア産ナキウサギから報告されているものに類似し、*Mesocestoides* 属糸虫の自然終宿主としての齧歯類の役割と伝播経路について考察した。

4. ブラントハタネズミ *Microtus brandti* の寄生蠕虫の多様性と群集構造、および宿主個体密度の年次変化との関係

様々な地域のブラントハタネズミ (8個体群) について調査を実施し、15種の蠕虫を検出した。これらのうち13種が新宿主記録であった。内部寄生蠕虫個体群は、盲腸寄生性線虫、腸管寄生性線虫、腸管寄生性糸虫、組織・体腔寄生性糸虫の4群（ギルド）から構成されていた。今回検出した蠕虫では、ブラントハタネズミに対して特異的な種は1種のみと考えられた。異なる個体群間および同一個体群の年次平均における種の豊富さ (richness) は 3.9（平均 5.87）であった。地理的に近い個体群間では寄生虫相が類似していた。寄生虫の感染率と感染虫体数 (relative density) には宿主の性差は認められなかった。*Catenotaenia afghana* の感染虫体数は宿主の年齢に依存し、高齢な個体ほど多数の虫体を保有していた。季節変動については、*Syphacia* 属線虫で感染虫体数の顕著な増加が7-8月に認められた。2つの宿主個体群において宿主密度の年間の変動に伴う蠕虫群集の変化が認められた。特に、*Syphacia* 属線虫の相対密度は宿主密度の増加と正比例し、一方、*C. afghana* は逆比例した。蠕虫の多様性 (diversity) は年により異なり、ブラントハタネズミの密度と逆比例していた。密度が減少過程にあるブラントハタネズミ個体群における各寄生虫の相対占有率を見ると、腸管内寄生性糸虫や組織・体腔寄生性糸虫は増加したが、盲腸寄生性線虫は減少した。以上のようにブラントハタネズミ個体群密度の変化はそれらの寄生蠕虫群集に反映されていた。

学位論文審査の要旨

主 査 教 授 神 谷 正 男
副 査 教 授 大 泰 司 紀 之
副 査 教 授 岩 熊 敏 夫
副 査 助 教 授 奥 祐 三 郎

学 位 論 文 題 名

Biodiversity of helminth parasites in Mongolia

(モンゴルにおける寄生蠕虫類の生物多様性)

寄生蠕虫は、50種(1,678頭)の哺乳類から条虫31, 鉤頭虫2, 線虫42および五口虫1種の計76種が記録された。吸虫は検出されなかった。これらの蠕虫うち、21種は、モンゴルにおける初報告で、26種は、新宿主記録であった。10種の蠕虫は、既知種とは一致しなかった。

今回、ユキヒョウから得られたテニア科条虫は形態およびミトコンドリアDNAのチトクロームcオキシダーゼサブユニット(以下、COI)遺伝子について検討をおこなったところ、*Taenia kotlani*と同定された。類似する胞状条虫とは虫体長、精巢数および虫卵の大きさで区別され、COI遺伝子の塩基配列では384中34塩基(8.6%)が異なっていたことから*T. kotlani*の独立種としての妥当性を支持するものであった。また、最尤法による系統樹から*T. kotlani*はモンゴルにおける固有種で胞状条虫に最も近縁な種であることが明らかとなった。

ブラントハタネズミ(以下、Mb)などから検出された*Mesocostoides*属条虫は、従来、感染実験によって得た成虫の形態学的観察によってのみ可能であったが、DNAの塩基配列の比較によっても同定できることを明らかにした。

様々な地域(8個体群)のMbについて調査を実施し、15種の蠕虫を検出した。これらのうち13種が新宿主記録であった。今回検出した蠕虫では、Mbに対して特異的な種は1種のみであった。異なる個体群間および同一個体群の年次平均における種の豊富さ(richness)は3.9(平均5.87)であった。地理的に近い個体群間では寄生虫相が類似していた。寄生虫の感染率と感染虫体数には宿主の性差は認められなかった。感染虫体数は宿主の年齢依存があり、季節変動については、*Syphacia*属線虫で認められた。2つの宿主個体群において宿主密度の年間の変動に伴う蠕虫群集の変化が認められた。蠕虫の多様性は年により異なり、Mbの密度と逆比例していた。密度が減少過程にあるMb個体群における各寄生虫の相対占有率を見ると、間接発育性条虫は増加したが、直接発育性線虫は減少した。これらのことから宿主Mb個体群の質ならびに量的変化が寄生蠕虫の群集構造に影響することが明らかとなった。

本研究はモンゴルにおける寄生蠕虫類の多様性とその維持機構の一端を初めて明ら

かにしたもので、今後の地球環境モニタリングへの応用などが期待できる。よって審査員一同は、Sumiya GANZORIG氏が博士（獣医学）の学位を受けるのに十分な資格を有するものと認めます。