

10. 昆虫医科学部

部長 葛西 真治

概 要

昆虫医科学部は、感染症の伝播等、人に害を与える節足動物を対象とした基礎的研究・調査に加え、これら衛生害虫等の防除に寄与する情報収集と提供、講義・研修等による社会への貢献に努めている。令和5年度の研究及び業務の概要は以下の通りである。

新宿区定点における疾病媒介蚊の発生モニタリング調査を2023年度も継続的にを行い、ドライアイスで誘引される蚊の発生状況を調べた。ヒトスジシマカの超高精細バーコード解析(SNP解析)を行い、国内集団の遺伝子構成を調べた。日本脳炎媒介蚊コガタアカイエカについては、大陸型コガタアカイエカの国内での発生動態を明らかにする目的で、国内外で採集されたサンプルを用いてシーズンを通して集団構成を調べた。マダニのDNAバーコーディング解析を進めた。トルコの蚊サンプルを入手し、リファレンス標本の蓄積及びDNAバーコーディング解析を開始した。リファレンス業務として5件の衛生害虫類の同定依頼に対応した。

野外の疾病媒介節足動物のウイルス保有状況を把握するために、Virome解析ならびに培養細胞を用いたウイルス分離を継続して行った。本年度は、国内のマダニからジンメンダニウイルス、カプトマウンテンウイルス、新規ナイロウイルス等を検出した。なお、2023年6月に茨城県において、オズウイルス(OZV)による世界初のヒト感染症例(致死)が報告された。OZVは、当研究部が以前に愛媛県で行った調査において、タカサゴキラマダニから分離された新規のトゴトウイルスである。その後、OZVの基本性状解析が着実に進められてきたことが、今回の新興ダニ媒介感染症の病原体特定と迅速診断に大きく貢献したといえる。国内の蚊からはリャオニンウイルスを初めて検出した。蚊媒介性の日本脳炎ウイルスやゲタウイルスの流行動態を知る目的で、産業動物の血清疫学調査を行った。ネッタイシマカ由来培養細胞AcAc-GH98に関して、ウイルス感染に応答する宿主遺伝子の発現解析を行った。日本産ヒトスジシマカにおけるデングウイルス各血清型の感受性について *in vivo* 実験系により調査し、

感染リスク把握につながる重要な知見を得た。

中部国際空港と羽田空港内で採集されたネッタイシマカを調べた結果、ピレスロイド系殺虫剤抵抗性の要因となる電位依存性ナトリウムチャンネル遺伝子の変異(kdr)を確認し、海外からの侵入に警戒が必要であることが判明した。国内においては東京港臨海地区で採集されたヒトスジシマカからも、殺虫剤抵抗性に関わる遺伝子変異が検出された。この変異の分布や拡大について、今後も継続的な監視が必要である。また、畜産害虫であるイエバエの個別飼育法を確立した。この方法により、成長調節剤の殺虫試験やゲノム編集など従来は少数個体での実施が困難であった実験が可能となった。またこの手法を用いて検証した結果、成長阻害剤シロマジンの効果が発育段階によって異なることを明らかにした。全国の畜舎から採集したイエバエについて、ピレスロイド系殺虫剤に対する抵抗性遺伝子の解析を行った。以前より、畜舎において殺虫剤抵抗性がイエバエ駆除の課題となっているが、多くの集団で多様な抵抗性を持つ変異が確認された。サンショウバエは、海外では畜産害虫でもあり、リーシュマニア症の媒介者でもある。ニホンサンショウバエのゲノム解析を行い、ドラフトゲノムアセンブリを得ることに成功した。同時に、2種の細胞内共生微生物のゲノムも解読し、サンショウバエとの共生関係についての知見を得た。ベトナムやカンボジア、トルコといったアルボウイルス感染症侵淫地で媒介昆虫を採集し、それらの殺虫剤抵抗性機構の解析を進めた。

人事面では、職員12名(葛西真治、伊澤晴彦、駒形 修、比嘉由紀子、佐々木年則、糸川健太郎(薬剤耐性研究センターとの併任)、小林大介(安全実験管理部との併任)、前川芳秀、犬丸瑞枝、上村 望(薬剤耐性研究センターとの併任)、Astri Nur Faizah、澤邊京子(安全実験管理部との併任)、流動研究員として楊超、研究生として Faustus Akakperiwen Azerigyik(東京医科歯科大院)、松村 凌、甲斐 泉、仲川幹映(いずれも明治大院)、実習生として網干有紗ローズ(明治大)、事務補助員として加藤知華、技術補助員として高岡安希、谷口ひとみ、澤田恵子ほか、客員研究員および協力研究員の協力により業務・研究を遂行した。

業 績

調査・研究

1. 衛生昆虫の分布および媒介生態に関する調査・研究

1. 新宿区定点における疾病媒介蚊の発生モニタリング調査
都市域に発生する疾病媒介蚊の種類相、息密度、季節消長を監視することを主目的として、感染研構内の2ヶ所(地上1.5mと樹上7.5m)に週1回ドライアイストラップを設置して成虫の採集を行った。2023年1-12月の期間中計50回の採集を行い、2属4種、1,261個体が採集された。優占種はデング熱媒介蚊として重要なヒトスジシマカとウエストナイル熱の潜在的な媒介蚊のアカイエカ種群の2種で、採集総数の99.2%を占めた。ヒトスジシマカは8-10月にかけて密度が高く、最高は10月の145個体/日であった。アカイエカ種群は5月から10月まで増減を繰り返しながら発生していた。最高は5月の203個体/日であった。[比嘉由紀子、谷口ひとみ]

2. 国内のコガタアカイエカの集団遺伝構造

過去に国内外で採集したコガタアカイエカについてナミカ亜科 Culicinae の蚊に汎用的に開発されたハイブリダイゼーションプローブと次世代シーケンサーを用いて SNP 解析を行い、集団遺伝構造を調べた。その結果、コガタアカイエカは核 DNA でみるとほぼ均一な集団であることが明らかになり、日本型と大陸型は交雑する可能性が高いことが示唆された。また、西表やベトナム周辺からの遺伝子の流入の程度は多くはないものの、あることが示唆された。温帯日本において、長崎とそれ以外の国内のコガタアカイエカは集団遺伝構造が異なり、主に二つの起源をもつ集団から生じている可能性がある。[比嘉由紀子、楊超、糸川健太郎、葛西真治]

3. ヒトスジシマカの分布北限に関する研究

2015年に本州最北県である青森県で初めてヒトスジシマカの侵入が確認され、北海道への分布拡大の監視が続いている。ヒトスジシマカの定着要因である年平均気温11度の要件を満たす函館で調査を行い、2022年までは確認されていない。2023年は函館市内の空港周辺、港湾周辺、北斗市の新幹線駅周辺で調査を行ったところ、ヒトスジシマカは確認されなかった。引き続きヒトスジシマカの北海道への侵入の監視を続け、蚊相や密度情報を蓄積する必要があると考えられた。[澤邊京子、比嘉由紀子、楊超]

4. 国際空港における海外からの侵入ヒトスジシマカの検出

ナミカ亜科 Culicinae の蚊に汎用的に開発されたハイブリダイゼーションプローブと次世代シーケンサーを用い、ヒトスジシマカの出身地推定の可能性を検討した。2021、2022年に続き、2023年も成田国際空港にて採集を行った。全部で320地点1,360サンプルを解析したところ、本年度は2021年以来の海外由来と考えらえる集団が確認された。[比嘉由紀子、楊超、葛西真治、糸川健太郎、二見恭子、皆川昇、助廣那由(長崎大学熱帯医学研究所)、新妻淳、大里早貴、山内繁、竹内紫乃、中村恵子(成田空港検疫所)]

5. 日本におけるヒトスジシマカの分布予測

ヒトスジシマカは日本におけるデング熱ウイルス媒介蚊として最重要種であり、人以外の中間宿主がいらないことからその分布は潜在的なデング熱発生地域を意味している。以上のことから、現在及び将来的な分布予測モデルを構築した。その結果、現在においては、北海道を除くすべての都市域で分布することが示された。また、将来的に北海道にも分布することが予測された。人為的要因及び気候要因が空間分布に関係しており、都市の規模及び人口が分布に大きく影響していると考えられた。この予測マップは現時点では分布していない地域への新規の侵入に備えることを可能にし、結果的に日本で発生しうる感染症の脅威を軽減することにつながると思われる。[比嘉由紀子、楊超、葛西真治]

6. ネットアイシマカの日本への再侵入リスクの予測

ネットアイシマカは、気候変動・温暖化と生物学的な適応により日本への再定着が可能かどうかをモデリング方法で検討した。本モデルは、温帯への適応進化した集団をベースにし、日本と似たような環境にいるネットアイシマカの発生地点と環境変数で構築した。その結果、本州すべての都市部に適応したネットアイシマカが定着できることが予測され、人為的環境との関連が深く示唆された。先行研究のモデルと比べると、そのような集団は、寒さと乾燥にもより耐性を持つことが分かってきた。今後、ネットアイシマカの日本への侵入と定着の監視が必要になると考えられる。特にネットアイシマカが生存している温帯地域からの人と貨物の監視が重要である。[楊超、駒形修、葛西真治、比嘉由紀子]

7. 北陸三県におけるマダニの吸血源動物種の特定

マダニの吸血嗜好性ならびに吸血源動物種を知ることは、病原体の自然界での感染環を解明する上で重要な情報となる。そこで2018年-2020年に北陸三県の渡り鳥飛来地を

中心にフランネル法で採集された植生マダニの吸血源動物種の推定を行った。これまでに種特異的プローブを用いた Reverse Line Blot Hybridization (RLB) 法により国内の主要な哺乳類 18 種の検出を可能にしたが、種数が多く種特異的プローブの作成が難しい鳥類・爬虫類・げっ歯類に対しては、各種共通プローブを用いた RLB 法と次世代シーケンス (NGS) 解析を併用した。調査地の多くで優占種であったキチマダニ (349 頭) とフトゲチマダニ (162 頭) は哺乳類を最も多く (両種ともに 72%), 次いで鳥類 (21%, 26%) の順に多く吸血していたことが RLB 法により判明した。さらに NGS 解析により, RLB 法で検出された動物種を確認, オナガやコジュケイ等の鳥類種を特定することができた。さらに解析数を増やし両種の吸血嗜好性を比較するとともに, 本検出系の確立を目指す。[谷口ひとみ, 比嘉由紀子, 伊澤晴彦, 澤邊京子, 糸川健太郎, 今西 (小林) 望]

8. 日本産マダニ科の DNA および画像データベースの構築

病原体媒介に深く関わるマダニ類のミトコンドリア DNA *COI* バーコーディング解析を進めた。また, 形態に関する文献は古いものが多く, 情報が限られるため, 画像データおよび計測値データの収集を行った。日本産マダニ科 42 種中 20 種の解析を行い, 内 2 種において国内で初めて *COI* 遺伝子領域が確認された。各種で同一地域内における遺伝的多様性が見られた他, 広域分布種では地域差も認められた。形態も同様に個体差が激しく, 従来の判別点が当てはまらない個体が散見された。引き続き, 各地のマダニ科の遺伝子および画像データを収集し, 種鑑別方法の再検討を検討する。[犬丸瑞枝, 松村 凌, 糸川健太郎, 伊澤晴彦, 比嘉由紀子]

9. ツキノワグマにおけるマダニの寄生状況調査

ツキノワグマにおけるマダニの寄生状況について情報が限られるため, 2023 年 7 月から長野県の北信および東信で錯誤捕獲されたツキノワグマに寄生したマダニの調査を行っている。2021 年に回収されたマダニを合わせて現在 143 頭のツキノワグマから 8 種 356 頭のマダニが回収されている。キチマダニ, オオトゲチマダニ, ヤマトマダニなどの広域分布種が優占種であった。今後, 集団遺伝子解析およびウイルス叢解析を試みる予定である。[犬丸瑞枝, 比嘉由紀子; 玉谷宏夫 (ピッキオ); 山本俊昭 (日獣大)]

10. 解放式鶏舎内で発生するハエ調査

2022 年度は国内で高病原性鳥インフルエンザウイルスの大きな流行が起こった。当部では当ウイルスの機械的媒介昆虫としてクロバエ類が関係していることを明らかにしている。そこで 2023 年 3 月 17 日から 2024 年 4 月 2 日まで隔週の頻度で埼玉県鶏舎内で発生ハエ類の調査を開始した。得られた大型のハエは形態学的及び分子生物学的に種同定を行った。過去に高病原性鳥インフルエンザウイルスが分離されたことのあるオオクロバエ, ケブカクロバエは 2023 年 3 月 17 日~6 月 12 日まで採集されたが, その後 10 月 11 日まで夏季には確認されなかった。鶏舎内で採集された大型のクロバエ類 4 種 (ケブカクロバエ, オオクロバエ, ホホアカクロバエ, ミヤマクロバエ), 824 個体は全て冬季を中心に発生し, オオクロバエとケブカクロバエが全体の 86.0% を占め優占種であった。高病原性鳥インフルエンザウイルスの機械的伝播にこの 2 種が大きく関与する可能性が高い。[犬丸瑞枝, 楊超, 葛西真治, 比嘉由紀子]

11. ウィンドウレス鶏舎内で発生するハエ調査

2022 年度の国内の高病原性鳥インフルエンザウイルスの流行の特徴の一つは, 外部からのウイルス等病原体の持ち込みリスクを低減する目的で設置が推奨されてきたウィンドウレス鶏舎での発生が頻発したことである。その鶏舎における流行のメカニズムは不明であり, ハエの関与を調べるため, 群馬県内のウィンドウレス鶏舎のオーナーの協力を得て, 2024 年 2, 3 月に粘着トラップを用いたハエ類の発生調査を行った。調査期間中, 大型ハエ類は確認されなかった。[犬丸瑞枝, 楊超, 比嘉由紀子, 葛西真治]

12. トルコにおける蚊相及び DNA バーコーディング

トルコにおける疾病媒介蚊の種同定の基盤開発を行う目的で Izmir, Aydin, Mugla で蚊の調査を行った。得られたサンプルはリファレンス標本として保管するとともに, 適宜, ミトコンドリア DNA, *COI* バーコーディングを進める予定である。[比嘉由紀子, 葛西真治]

13. 抗毒素製剤の品質管理のためのセアカゴケグモ収集

2016 年 1 月に製造したセアカゴケグモ抗毒素 Lot.001 の品質管理試験に必要な毒素精製のためセアカゴケグモを捕獲した。大阪府ペストコントロール協会に採集業務を委託し, 2023 年 8 月から 12 月にかけて, のべ 340 名によって, おもに大阪府内の公園や住宅地等 140 か所から計 6,380 頭が捕獲された。個別に毒腺を解剖した後 (日本環境衛生センタ

一)、毒素タンパクの粗精製を行った。これにより、当面、抗毒素品質管理試験に必要な毒素が確保された。また、ハイロケグモも 75 頭捕獲し、同様に毒素の粗精製を行った。[葛西真治, 伊澤晴彦, 澤邊京子; 大阪府ペストコントロール協会; 日本環境衛生センター]

II. 衛生昆虫からの病原体の分離と検出, および媒介生理に関する研究

1. 日本産ヒトスジシマカのデングウイルス全血清型 (DENV-1~4) の感受性解析

日本産ヒトスジシマカの DENV 全血清型に対する感受性を明らかにするため、既知の血清型 I~IV に属する DENV 株を用いて感染実験を行った。日本産ヒトスジシマカ2コロニー (神奈川県および群馬県採集個体由来) に対し、それぞれの血清型の DENV を経口的に暴露させ、その 14 日後の体内各部位におけるウイルス RNA を検出・定量した。今回 DENV を暴露させた日本産ヒトスジシマカコロニーは、全ての血清型に感受性を示し、なかでも DENV-1 および 4 に高い感受性を示した。本研究の結果および過去の血清型別のデング熱の発生傾向から、ヒトスジシマカは DENV-1 と高い適合性を示すことが予測され、本血清型が今後日本で流行する危険性が高いことが示唆された。[小林大介, 甲斐泉, Astri Nur Faizah, 佐々木年則, 伊澤晴彦]

2. 黄熱ウイルスおよびジカウイルス感染によって変動するネッタイシマカの免疫関連遺伝子探索

当研究部で樹立された西アフリカ産ネッタイシマカ由来培養細胞 AeAe-GH98 は、黄熱ウイルス (YFV) およびジカウイルス (ZIKV) に感受性を示す。本研究では、ネッタイシマカにおける抗ウイルス免疫関連因子の分子基盤を解明する目的で、YFV および ZIKV 感染 AeAe-GH98 細胞を用いた RNA-seq 解析を実施した。その結果、YFV 感染により 27 種の遺伝子が発現誘導され、30 種の遺伝子が発現抑制されていた。一方、ZIKV 感染により 33 種の遺伝子が発現誘導され、28 種の遺伝子が発現抑制されていた。これらの中には、免疫関連遺伝子が含まれており、現在詳細な解析を進めている。[佐々木年則, 松村凌, 小林大介, 伊澤晴彦]

3. 2020 年に北海道内で採集されたマダニからの新規マダニ媒介性ウイルスの発見

2020 年に北海道帯広市内で採集したマダニを対象として、培養細胞を用いたウイルス分離を試みた。その結果、ヤマ

トマダニからナイロウイルス科オルソナイロウイルス属に属すると考えられる新規ウイルスの分離に成功した。ウイルスゲノムにコードされているタンパク質 (L, GP, N) のアミノ酸配列を、既知のナイロウイルスと比較したところ、41~79%の相同性を示した。さらに分子系統解析を行った結果、本ウイルスはヒト病原性のマダニ媒介性ウイルスであるタムディオルソナイロウイルスやエゾウイルスと近縁であることが判明した。また、各種培養細胞における増殖性解析では、マダニ由来やヒト由来の細胞に感染性を示した。今後、本ウイルスの病原性や詳細な地理的分布など明らかにし、新興マダニ媒介性感染症としてのリスク評価を行う必要があると考えられた。[松村凌, 小林大介, 葛西真治, 伊澤晴彦; 山内健生 (帯広畜産大); 糸山享 (明治大)]

4. 兵庫県内で採集されたフタトゲチマダニの保有ウイルス叢解析

2020 年 5 月に、兵庫県豊岡市にて重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) ウイルス媒介への関与が強く疑われているフタトゲチマダニを 1,712 頭採集し、これらが保有するウイルス叢解析を行った。その結果、SFTS ウイルスは検出されなかったものの、マダニ特異的に感染すると考えられるウイルス配列が 2 種類、新規ウイルス様配列が 1 種類検出された。分子系統解析の結果、新規ウイルス様配列はダニ媒介性ウイルスであるクアランジャウイルス属に近縁であることが判明した。今後は、これら検出されたウイルスの詳細なゲノム解析を行い、病原性や当該地域における感染リスクの評価を行っていく。[網干有紗ローズ, 松村凌, 犬丸瑞枝, 沢辺京子, 渡辺護, 小林大介, 伊澤晴彦; 糸山享 (明治大学)]

5. フィリップマダニが保有するウイルスの網羅的解析

2022 年 9 月に伊豆諸島利島のオオミズナギドリコロニーにおいて採集されたフリップマダニのウイルス保有実態を明らかにするために、ウイルス叢解析とウイルス分離を行った。その結果、イフラウイルス属およびパルティティウイルス科に属すると考えられる新規ウイルスを検出した。このうち、新規イフラウイルスについては、マダニ由来の培養細胞において増殖が認められた。現在、これらウイルスの詳細なゲノム解析や各種培養細胞株における増殖性を解析している。[松村凌, 小林大介, 伊澤晴彦; 白井正樹 (電力中央研究所); 山本誉 (麻布大学); 糸山享 (明治大学)]

6. *Culicoides* 属ヌカカからの新規シードルナウイルスの検出

2023 年に北海道内で採集された *Culicoides* 属ヌカカのプール検体から、新規のシードルナウイルス様配列が検出された。本ウイルス様配列を用いた分子系統解析の結果、中国やオーストラリアの蚊から分離されているリャオニンウイルスと最も近縁であることが判明した。しかし、ヒトスジシマカ由来の C6/36 細胞やハムスター由来の BHK-21 細胞を用いてもウイルス分離には成功しなかった。現在、詳細なゲノム解析および別の方法でのウイルス分離を試みている。[松村凌, 網干有紗ローズ, 犬丸瑞枝, 小林大介, 伊澤晴彦; 糸山享(明治大)]

7. 2022 年に長崎県で採集されたコガタアカイエカから分離されたゲタウイルスの性状解析

2022 年 8 月に長崎県諫早市で採集したコガタアカイエカから分離されたゲタウイルス(トガウイルス科アルファウイルス属)の遺伝学および分子生物学的, ならびに血清学的解析を行った。その結果, 近年中国を中心に流行が確認されている Group3型に属することが判明した。また, 現行のウマ用ワクチン株(MI-110 株)に対する抗血清は, 本分離株に対して高い中和活性を示し, 日本のウマにおける現行ワクチンの有効性が確認された。[松村凌, 比嘉由紀子, 甲斐泉, 佐々木年則, 小林大介, 葛西真治, 伊澤晴彦; 坂内天, 根本学(競走馬総合研究所); 糸山享(明治大); 二見恭子, 皆川昇(長崎大熱研); 吉川亮(長崎県環保研セ); 藤田龍介, 日野真人, 永田康祐(九州大); 鯨田龍星(岡山理科大); 加来義浩; 前田健(獣医科学部)]

8. 2023 年に茨城県内各所で採集されたマダニが保有するウイルスの網羅的解析

2023 年秋季に, オズウイルス患者の初発地である茨城県内各所において, オズウイルス媒介への関与が強く疑われるタカサゴキラマダニを含む 1,102 頭のマダニを採集しこれらのウイルス保有状況調査を実施した。その結果, いずれの検体からもオズウイルスは検出・分離されなかった。一方で, マダニ媒介性ウイルスであるジンメンダニウイルスやカプトマウンテンウイルスを検出し, オズウイルス以外の新興マダニ媒介性ウイルス感染症の潜在的な感染リスクの存在が明らかとなった。今後は, 春～夏季に採集されたマダニにおけるウイルス保有状況調査についても実施をしていく予定である。[松村凌, 犬丸瑞枝, 小林大介, 佐々木年則, Astri Nur Faizah, 比嘉由紀子, 葛西真治, 伊澤晴彦; 阿部櫻子, 上野恵, 大澤修一(茨城衛研)]

9. 室温環境下における蚊体内のウイルス RNA の長期保存法の評価

前年度に引き続き, コールドチェーンに課題のある遠隔地の媒介蚊調査での利用を目的とし, 室温条件下において蚊体内のウイルス RNA を安定的に保存する方法の検討を行った。虫体浸漬液として, エタノール, プロピレングリコール, および市販の核酸保存試薬を用い, サンガブリエルモノネガウイルスおよびデングウイルス感染蚊体内のウイルス RNA 保存効果を評価した。RT-PCR とリアルタイム PCR による定性的および定量的評価を行った結果, 少なくとも処理後8週間はいずれの方法でもウイルス RNA は安定的に保存可能であることが示された。[甲斐泉, 小林大介, 糸川健太郎, 伊澤晴彦; 三條場千寿(東京大); 糸山享(明治大)]

10. マダニ由来オルビウイルスの脊椎動物細胞における増殖性と培養温度との関連解析

セントクロイリバーウイルス (SCRV) はマダニ由来の IDE8 細胞に持続感染しており, 脊椎動物細胞には感染しないマダニ特異的なオルビウイルスと考えられている。ところが, シリアンハムスター由来の BHK-21 細胞においては, 通常より低い培養温度下で顕著な細胞変性効果を伴って増殖する可能性が示された。詳しく調査した結果, 通常の細胞培養温度 (37.0℃) より低い温度 (32.5℃) での培養が, SCRV のゲノムコピー数を有意に増加させた。このことから, 宿主細胞の温度条件が SCRV の感染や増殖の制御要因の一つとなっている可能性が強く示唆された。[甲斐泉, 小林大介, 佐々木年則, 松村凌, 伊澤晴彦; 佐藤道夫, 糸山享(明治大)]

11. 蚊由来シードルナウイルスであるリャオニンウイルスの国内初検出と性状解析

リャオニンウイルス (LNV) はシードルナウイルス属に属する 12 分節の二本鎖 RNA ウイルスであり, 国内ではこれまで未確認のウイルスである。今回我々は北海道北部地域において採集したキンイロヤブカ *Aedes vexans nipponii* の雌成虫から LNV を検出・分離に成功し, LNV を含む本属ウイルスが国内にも分布することを初めて明らかにした。分離株を用いた分子系統解析と増殖特性解析を行った結果, 本株は中国分離株と近縁であった。しかしながら, 脊椎動物細胞への感染性が報告されている中国株とは異なり, 本株は試験した6つの脊椎動物細胞株すべてで増殖しなかった。[甲斐泉, 小林大介, 松村凌, 比嘉由紀子, 澤邊京子, 葛西真治, 伊

澤晴彦；糸山享(明治大学)]

12. 愛媛県の肥育ブタを対象とした日本脳炎の血清疫学調査

愛媛県の肥育ブタを対象に、日本脳炎ウイルス(JEV；フラビウイルス科フラビウイルス属)の血清疫学調査を実施した。その結果、年度によって JEV に対する抗体陽性率が変化することや、蚊が越冬後の春にも JEV の活動があることが示され、本ウイルスの越冬の可能性が示唆された。また、2021 年に採血された肥育ブタの血清より JEV が分離に成功し、遺伝子解析の結果、本 JEV 分離株は西日本に土着する株である可能性が示唆された。[伊澤晴彦；武石真音，尾形萌音，佐々木旭美，鉦田龍星，吉川泰弘(岡山理科大)；井上有希(愛媛県食衛検セ)；木村俊也(愛媛県中予保健所)；下田宙(山口大)；前田健(獣医科学部)]

13. 野間馬(日本在来馬)におけるゲタウイルス感染症の血清疫学調査

愛媛県産の日本在来馬の一つである野間馬について、蚊媒介性のゲタウイルス感染症に関する遡及的な血清疫学調査を実施した。その結果、2012 年から 2014 年の間に、飼育下の野間馬群内でゲタウイルス感染症のアウトブレイクが起こっていた可能性が示された。また、2023 年から 2024 年にかけても抗体陽転した個体が 2 頭認められ、西日本におけるゲタウイルス感染症の散発的な流行が示唆された。[伊澤晴彦；武石真音，尾形萌音，佐々木旭美，鉦田龍星，吉川泰弘(岡山理科大)；井上有希(愛媛県食衛検セ)；木村俊也(愛媛県中予保健所)；下田宙(山口大)；前田健(獣医科学部)]

14. *Culex tritaeniorhynchus rhabdovirus* の遺伝子発現機構の解析

日本脳炎媒介蚊であるコガタアカイエカから分離された *Culex tritaeniorhynchus rhabdovirus* (CTRV) は、ラブドウイルスのグループでは唯一、ウイルス mRNA 転写の際の RNA スプライシングが確認されている特異なウイルスである。今回、CTRV の遺伝子発現解析を行った。その結果、RNA スプライシングの存在が既に明らかとなっている L 遺伝子に加え、P 遺伝子においても、選択的スプライシングにより複数の P アイソフォームを発現していることを新たに見出した。CTRV-P 遺伝子の選択的スプライシングサイトを特定し、2 つの P アイソフォーム(CTRV-P1, CTRV-P2)について、昆虫細胞発現

プラスミドを作製した。[伊澤晴彦；鉦田龍星，吉川泰弘(岡山理科大)；堀江真行(大阪公立大)；Nadine Gillich(University of Freiburg)；前田 健(獣医科学部)]

III. 衛生害虫の防除，殺虫剤抵抗性のモニタリング，遺伝学的・分子生物学的解析

1. イエバエ個別飼育法の確立とその評価

イエバエの飼育は通常数百頭の集団で行われる。ゲノム編集等ではより少ない個体数で飼育する必要が生じるが、個別または少数の個体の場合、培地にカビが発生して処置個体が生育できない問題があった。この問題を解決するため、24 ウェルプレートで個別飼育できないか試みた。各ウェルに培地約 1 mL を充填し、1 令幼虫を 1 頭ずつウェルに移した。羽化までどれくらいの個体が成長できたか、その羽化率を調べたところ、90%以上が羽化した。このことから新規個別飼育法として活用できると期待される。さらに、成長阻害剤の 0.05%シロマジンで幼虫の各令及び蛹 1 時間以内の個体から 24 時間後までのステージに投与したところ、最終令の 3 令幼虫初期までは 100%羽化できなかった。しかし、蛹化直前の 3 令幼虫以降は約 16%から 40%の羽化率を示した。このことは、シロマジンの効果は成長の時期依存的に効果が低下することを示唆している。[上村望，澤田恵子，葛西真治，駒形修]

2. 中部国際空港のネッタイシマカの *kdr* 保有状況

2023 年 5 月マニラ発の航空機内からネッタイシマカが採集された。これまでも日本の主要な国際空港でネッタイシマカが採集され、殺虫剤抵抗性に関与する電位依存性ナトリウムチャンネル遺伝子の変異、knockdown resistance (*kdr*)が確認されている。そこで、これまで抵抗性として知られている主な変異 16 箇所の有無を調べることにした。中部空港検疫所支所から提供された脚 2 本のサンプルからゲノムを抽出し、サンガーシーケンス法により解析した。その結果 S989P(電位依存性ナトリウムチャンネル 989 番目のアミノ酸がセリンからプロリンに置換)及び V1016G(同じく 1016 番目のアミノ酸がバリンからグリシンに置換)の 2 箇所の *kdr* がホモ接合で確認された。この変異は感受性系統に比べて約 50 倍の殺虫剤抵抗性が報告されており、今後の海外からの侵入に警戒する必要がある。[上村望，高岡安希，糸川健太郎，比嘉由紀子，駒形修，葛西真治；加藤成生，齊田垂矢子；川崎浩三(名古屋検疫所中部国際空港検疫所支所)]

3. 羽田空港ネッタイシマカの *kdr* 保有状況

2023 年 7 月及び 10 月にネッタイシマカ数頭が空港内で捕獲された。各月の 3 頭ずつ、電位依存性ナトリウムチャンネルの変異箇所があるかどうかを次世代シーケンサーによって調べられた。その結果、7 月の 3 個体からは F1534C (電位依存性ナトリウムチャンネル 1534 番目のアミノ酸がフェニルアラニンからシステインに置換) の変異が共通していた。また 10 月の 3 個体からは F1534C 以外に抵抗性を高める L982W (同じく 982 番目のアミノ酸がロイシンからトリプトファンに置換) の変異も検出された。また、7 月と 10 月の個体が血縁関係にあるか、ゲノムの一塩基置換の解析、ミトコンドリア COI 解析を行ったところ、変異箇所の塩基配列が異なることから血縁関係は十分否定できる結果となった。[上村望, 楊超, 糸川健太郎, 葛西真治, 駒形修]

4. 東京港臨海地区で採集されたヒトスジシマカの *kdr* 保有状況

2021 年に東京都で採集されたヒトスジシマカ 143 頭の電位依存性ナトリウムチャンネル遺伝子全長次世代シーケンサー解析を行った結果、日本で初めてヒトスジシマカ 1 頭から V1016G 変異が検出された。この 1 頭が採集された東京港臨海地区において 2023 年 9 月に再度採集調査を行った。採集区画を 30 ヶ所設け、区画ごとに約 10 分間の採集を行ったところ、合計 766 頭が採集された。V1016G アミノ酸変異はアジアと欧州のヒトスジシマカで広く報告されており比較的殺虫剤に強い抵抗性を示すため、この変異が検出されるか調べることにした。蚊個体ごとにゲノム DNA を抽出し、次世代シーケンサーにより電位依存性ナトリウムチャンネルの全長を調べた。その結果、V1016G ヘテロ接合体個体が 22 頭検出された。検出された地域は限定的であり調査地全域に分布しているわけではないが、これら変異個体の由来、他の *kdr* 変異の有無、今後生息域が拡大するのか、など継続的な監視が必要と考えられた。[上村望, 仲川幹映, 楊超, 糸川健太郎, 犬丸瑞枝, 比嘉由紀子, 駒形修, 葛西真治]

5. 日本の畜舎におけるイエバエのピレスロイド系殺虫剤抵抗性遺伝子変異の調査。

イエバエでは古くからピレスロイド抵抗性が知られているが、現在は公衆衛生の向上でイエバエの被害が減少したこともあり、最近の調査報告は少ない。しかし、イエバエがよく発生する畜舎では依然として、抵抗性は駆除の課題である。そこで、2013 年から 2023 年までの期間に全国 13 の畜舎から採

取したイエバエについてピレスロイド抵抗性の状況を調査するべく、*kdr* 遺伝子の存在を解析した。その結果、11 の集団で L1014F (*kdr*) が検出された。さらに、そのほとんどが強力な抵抗性を持つ二重変異の *super-kdr* であった。また、海外で一般的とされていた L1014H が 5 つの集団で確認された。[仲川幹映 (明治大学), 上村 望, 糸川健太郎, 葛西真治, 駒形 修; 富岡康浩, 谷川 力 (㈱イカリ消毒); 糸山 享 (明治大学)]

6. ニホンサンショウバエに共感染する 2 種の Rickettsiales 目共生微生物のゲノム解析

サンショウバエ類 (*Phlebotominae*) は重要な病原体媒介種を多く含むが、飼育の困難さや体サイズの小ささもありゲノム情報等のリソースがまだ十分整備されていない。本州においては、ニホンサンショウバエ (*Sergentomyia squamirostris*) の分布が確認されている。我々は技術的な検証を目的に、野外から採集したニホンサンショウバエの雌成虫 1 個体のみを用いたゲノムアセンブリを試みた。新潟県佐渡島で 2019 年に採取したニホンサンショウバエのメス成虫 1 個体よりゲノム DNA を抽出した。この DNA をナノポア及び Illumina シーケンサーで解読し、得られたデータを用いて *hybrid de novo assembly* を行った。ニホンサンショウバエのドラフトゲノムアセンブリ (Total size: ~196 Mb, N50: ~1.8 Mb, complete BUSCOs (insecta_odb10): 97.5%) を得た。得られたアセンブリには、サンショウバエのゲノムの他に、2 種の異なる細菌の完全長ゲノムも含まれていた。これらの微生物は分子系統解析からいずれも Rickettsiales 目の *Wolbachia* (*wSsq*) と *Candidatus Tisiphia* (*RiSsq*) に属しており、解析に用いた一個体のサンショウバエに共感染した細胞内共生微生物と考えられる。佐渡島および石川県で同時期に採集されたニホンサンショウバエの集団サンプルからもそれぞれの遺伝子が検出され、共感染率が高く、また *RiSsq* についてはメス個体のみから検出されるといった特徴があった。

7. *Candidatus Borrelia fainii* Qtaro 株のゲノム解読

アフリカで発見された人の回帰熱ボレリア *Candidatus Borrelia fainii* の Qtaro 株について全ゲノム解読を行った。*Candidatus Borrelia fainii* Qtaro 株のゲノムは直鎖状染色体に加えて、5本の直鎖状プラスミドで構成されていた。[糸川健太郎, 葛西真治; 佐藤梢, 明田幸宏, 川端寛樹 (細菌)]

8. マラリアの感染に関するヒト多重遺伝子族の解析

熱帯熱マラリアの感染に関わるヒトの多重遺伝子族をコードする染色体領域について効率的な解析方法が求められている。そこで、この領域の特定配列を標的とする gRNA セットをデザインし、Cas9 を利用した次世代シーケンサーライブラリのエンリッチメント法を開発しその性能を検証した。[糸川健太郎, 新澤直明(東京医科歯科大)、平安恒幸(金沢大)]

9. ニッポンサシチョウバエにおけるリケッチア・ボルバキアの保有状況と伝播様式

吸血昆虫サシチョウバエ (Phlebotominae) は公衆衛生上重要な位置にあるが、その共生細菌に関する研究は殆どされていない。本研究では日本各地で採集したニッポンサシチョウバエの成虫について PCR によりリケッチア RiSSQ とボルバキア wolSSQ の保有率を調査し、感染率に地域差があること、メスのみリケッチアの感染が見られること、サシチョウバエ同一個体での両細菌の共感染率が高いことを示した。また成虫から得た卵と幼虫の調査により、両細菌の垂直伝播率が高いことを明らかにした。さらにサシチョウバエの COI 領域の部分配列の解析により、共生細菌の保有とサシチョウバエ自身の系統との関連性を探った。[皆川夏奈子, 黒木章弘, 所司悠希, 後藤康之, 三條場千寿(東京大); 糸川健太郎, 駒形 修]

10. トルコにおけるウエストナイル熱媒介蚊のピレスロイド剤抵抗性とノックダウン抵抗性遺伝子

2023 年 8 月と 11 月にトルコの Izmir, Akbuk, Mugla, Antalya でアカイエカ種群蚊 *Culex pipiens pipiens* 及びチカイエカ *Cx. p. f. molestus* を採集した。成虫を用いて permethrin に対する殺虫試験を行った。チカイエカの感受性系統(戸塚系)のメス成虫に対する LD₉₉ (24 ng) および LD₉₉ × 10 (240 ng) の薬量を局所施用法により処理し、24 時間後の死亡率を観察した。Izmir 産 *Cx. p. pipiens* の 24 ng および 240 ng に対する死亡率はそれぞれ 3.8 % および 88 % であった。Antalya 産チカイエカ 3 集団の 24 ng および 240 ng に対する死亡率は 0~3.8 % および 3.8~8.8 % であり、特にチカイエカは強い抵抗性を示した。さらに異なる薬量で permethrin の殺虫試験を行った結果、*Cx. p. pipiens* は戸塚系に比べ 16 倍の抵抗性を、チカイエカは 100~200 倍程度の抵抗性を示した。次に作用点ナトリウムチャネルのコード領域全長を解析した結果、抵抗性に関連がありそうなアミノ酸変異として M918T, L1014F, L1014C, V1016G, F1534L が確認された。

[葛西真治, 糸川健太郎, 高岡安希, 比嘉由紀子, 駒形 修; Arserim SK (Celal Bayar Universit); Pekagirbas M (Aydin Adnan Menderes University); Yetismis K, Toz S, Ozbel Y (Ege University); 三條場千寿(東京大)]

11. トルコ・エーゲ海地方で採集されたヒトスジシマカのノックダウン抵抗性遺伝子

ピレスロイド系殺虫剤抵抗性の主な要因は作用点ナトリウム(VGSC)上に生じた変異による薬剤感受性低下、いわゆるノックダウン抵抗性(*kdr*)である。トルコにおいてはイスタンブールから VGSC 上に V1016G 変異をもつヒトスジシマカの報告が 1 例のみあるが、ほかの地域においては *kdr* の分布状況について十分に調べられていない。そこで、エーゲ海地方においてヒトスジシマカを捕獲し、それらのピレスロイド剤感受性を調べるとともに、VGSC 全長を解読することで、*kdr* 変異の頻度を算出した。その結果、F1534C は多くの個体が保有し、その頻度が高いことが判明したが、V1016G の存在は認められなかった。現時点でこの地方のヒトスジシマカはピレスロイド系殺虫剤で防除可能であると判断された。[葛西真治, 糸川健太郎, 高岡安希, 比嘉由紀子, 駒形 修; Arserim SK (Celal Bayar Universit); Pekagirbas M (Aydin Adnan Menderes University); Yetismis K, Toz S, Ozbel Y (Ege University); 三條場千寿(東京大)]

12. ヒトスジシマカを対象とした ULV 散布の効力持続野外試験

デング熱の国内感染事例が発生した場合を想定して、ピレスロイド剤の濃厚少量噴霧(ULV)散布による媒介蚊ヒトスジシマカの密度抑制持続効果を調べた。フェノトリンを 9000 m² に処理し、散布前後に密度調査を行った。散布後は 1, 15, 20 時間後および 2, 6, 12 日後に捕獲調査を行った。処理後は散布エリア内 18 か所で捕獲を試みたが、20 時間後まで 1 個体も採集されることはなかった。処理 2 日後までは密度が抑えられたが、6 日後には回復傾向が認められた。これらのことから、一度広範囲にヒトスジシマカが駆除された場合、エリア外から新たな蚊が侵入して密度が回復するまでに一定の時間を要することが確認された。[葛西真治, 糸川健太郎, 比嘉由紀子, 楊超, 駒形修; 皆川恵子, 武藤敦彦, 橋本知幸(日本環境衛生センター); 日本防疫殺虫剤協会]

13. ヒトスジシマカの小さなエリア内における集団遺伝学

埼玉県内のあるエリアにおいて、様々な場所から(最長半

径 10 キロメートル)ヒトスジシマカを採集した。個々に DNA を抽出した後、キャプチャプローブを用いてゲノム中の超保存領域を濃縮し、次世代シーケンサーに寄って SNP 解析を行った。その結果、最大 20 キロメートル離れた集団間では、それぞれを判別することが困難であることが判明した。[楊超, 糸川健太郎, 比嘉由紀子, 駒形修, 葛西真治; 皆川恵子, 武藤敦彦, 橋本知幸(日本環境衛生センター); 日本防疫殺虫剤協会]

14. ベトナム・ハノイで採集されたデング熱媒介蚊の *kdr* 頻度解析

2019 年 10 月にハノイ市内 3 か所で採集されたネッタイシマカおよび 4 か所で採集されたヒトスジシマカについて *kdr* 頻度を解析した。ネッタイシマカについては, L982W の頻度が 70.8~91.7 であり, 2016 年の調査同様に高い頻度を維持していた。また, 超耐性をもたらす L982W+F1534C の頻度は 9.7~20.4%と推定され, 2016 年からの頻度上昇傾向は認められなかった。一方, ヒトスジシマカについては, 4 つの集団のうち 1 集団でペルメトリン感受性低下が認められた。4 集団それぞれから 96 個体についてナトリウムチャネル全長を解析したところ, ペルメトリン感受性低下が認められた集団で高い V1016G 頻度 (77.1%) が確認された。それ以外の 3 集団の V1016G 頻度は 0.0~1.1%であった。エリアごとに *kdr* の頻度が大きく異なり, 殺虫剤の有効性が異なる実態が明らかになった。[糸川健太郎, 高岡安希望, 上村望, 駒形修, 葛西真治; Tran Vu Phong, Tran Tu (ベトナム NIHE)]

レファレンス業務

1. 衛生動物同定検査報告

令和 5 年 4 月から令和 6 年 3 月末までの間に 4 件の衛生昆虫の同定依頼があった。内訳はハエ類 1 件(食中毒事例における感染症対策の一環として), トコジラミ 2 件(医療機関), 蚊 1 件(在日米軍からの依頼)であった。[比嘉由紀子, 犬丸瑞枝, 楊超]

研修業務

1) 令和 5 年度希少感染症診断技術研修会, 国内の節足動物媒介性ウイルスの同定, 2023 年 2 月 14 日, 国立感染症研究所。[小林大介]

2) 令和 5 年度港湾衛生管理・船舶衛生検査担当者会議, 感染症のベクターを含む衛生害虫の侵入リスクとその対策について, 2024 年 3 月 1 日, 横浜検疫所。[駒形修]

3) Seventh Singapore International Dengue Workshop, Singapore,-WHO-Joint Training Programme, Insecticide classification, toxicity, mode of actions, resistance, 2023 年 5 月 8-17 日, シンガポール。[葛西真治]

4) Seventh Singapore International Dengue Workshop, Singapore,-WHO-Joint Training Programme, Insecticide resistance monitoring and management, 2023 年 5 月 8-17 日, シンガポール。[葛西真治]

5) 第 37 回ペストロジー実習講座, 2023 年 5 月 31 日, 日本環境衛生センター開催。[比嘉由紀子]

6) JICA 技術研修(Ege 大学寄生虫学部大学院生), 2023 年 5 月, 於感染研。[昆虫医科学部]

7) 第 12 回蚊類調査に係る技術研修会, 2023 年 6 月 20-23 日, 国立感染症研究所開催。[比嘉由紀子, 犬丸瑞枝, 楊超, 澤邊京子, 葛西真治, 伊澤晴彦, 駒形 修]

8) 大阪府ペストコントロール協会 2023 年度秋期研修会, 飛行機で移動するネッタイシマカ。2023 年 10 月 16 日, 大阪市開催。[葛西真治]

9) 令和 5 年度医師卒後臨床研修プログラム, 蚊媒介感染症について, 2023 年 11 月 15 日, 国立感染症研究所。[佐々木年則]

10) 令和 5 年度動物由来感染症対策技術研修会, 蚊媒介感染症の最新の状況について, 2023 年 11 月(オンデマンド配信)。[葛西真治]

11) 第 59 回ねずみ衛生害虫駆除技術研修会, 感染症に関する最近の話題, 2023 年 12 月 13 日, 日本環境衛生センター主催(ハイブリッド開催)。[葛西真治]

12) 沖縄衛生環境研究所研究員技術研修, 衛生昆虫学研修(おもに分類学と衛生害虫からのウイルス分離), 2024 年 1 月。[昆虫医科学部]

13) JICA 技術研修 (Adnan Menderes 大学講師), 2024 年 2 月, 於感染研. [昆虫医科学部]

14) 東京都「食品内で発見される昆虫等に関する検査技術研修会」, 殺虫剤抵抗性について, 2024 年 3 月 12 日. [葛西真治]

アウトリーチ活動

1) 令和 5 年度国立感染症研究所研究発表会, 昆虫医科学部の紹介, 2023 年 5 月 27 日, オンライン[駒形修]

2) 第 7 回昆虫講演会, とっても! おもしろい蚊の話, 2023 年 6 月 11 日, 相模原市民会館. [澤邊京子]

3) 国立感染症研究所一般公開, 衛生害虫の標本展示. 2023 年 10 月 28 日. [昆虫医科学部]

4) サイエンスアゴラ 2023, ”むし”から探る, 人と動物と感染症のこと. 2023 年 11 月 18-19 日. [葛西真治]

5) 国立感染症研究所市民公開講座, 知らなかった感染症のへー, そうだったんだ!, 是非注目してもらいたい感染症媒介昆虫などベスト 10: 蚊やマダニやその他諸々. 2024 年 2 月 20 日. [葛西真治]

発表業績一覧

I. 誌上発表

1. 欧文発表

1) Uemura N, Itokawa K, Komagata O, Kasai S. Recent advances in the study of knockdown resistance mutations in *Aedes* mosquitoes with a focus on several remarkable mutations. *Current Opinion in Insect Science*, 63, 101178, 2023.

2) Uemura N, Furutani S, Tomita T, Itokawa K, Komagata O, Kasai S. Concomitant knockdown resistance allele, L982W + F1534C, in *Aedes aegypti* has the potential to impose fitness costs without selection pressure. *Pesticide Biochemistry and Physiology*, 193, 105422, 2023.

3) Naveca FG, Nascimento VA, Nascimento F, Ogrzewalska M, Pauvolid-Corrêa A, Araújo MF, Arantes I, Batista ÉR, Magalhães AA, Vinhal F, Mattos TP, Riediger I, Debur MDC, Grinsztejn B, Veloso VG, Brasil P, Rodrigues RR, Rovaris

DB, Fernandes SB, Fernandes C, Santos JHA, Abdalla LF, Costa-Filho R, Silva M, Souza V, Costa AA, Mejía M, Brandão MJ, Gonçalves LF, Silva GA, de Jesus MS, Pessoa K, Corado ALG, Duarte DCG, Machado AB, Zukeram KA, Valente N, Lopes RS, Pereira EC, Appolinario LR, Rocha AS, Tort LFL, Sekizuka T, Itokawa K, Hashino M, Kuroda M, Dezordi FZ, Wallau GL, Delatorre E, Gräf T, Siqueira MM, Bello G, Resende PC. SARS-CoV-2 intra-host diversity, antibody response, and disease severity after reinfection by the variant of concern Gamma in Brazil. *Sci Rep*. 2023 May 5;13(1):7306.

4) Faizah AN, Kobayashi D, Matsumura R, Watanabe M, Higa Y, Sawabe K, Isawa H. Blood meal source identification and RNA virome determination in Japanese encephalitis virus vectors collected in Ishikawa Prefecture, Japan, show distinct avian/mammalian host preference. *Journal of Medical Entomology*, 60, 620-628, 2023.

5) Kobayashi D, Kai I, Faizah AN, Moi ML, Tajima S, Takasaki T, Sasaki T, Isawa H. Comparative analysis of the susceptibility of *Aedes aegypti* and Japanese *Aedes albopictus* to all dengue virus serotypes. *Tropical Medicine and Health*, 51, 61, 2023.

6) Faizah AN, Kobayashi D, Azerigvik FA, Itokawa K, Matsumura R, Kai I, Miura K, Hirayama K, Isawa H. Vector competence of two globally distributed mosquito species originated from Japan in transmitting Japanese encephalitis virus—Analyses according to their respective insect-specific virus status. *The Microbe*, 2, 100037, 2024.

7) Mertz RW, Dressel AE, Fisher CR, Moon RD, Donahue WA, Kasai S, Scott JG. Frequencies and distribution of *kdr* and *Ace* alleles that cause insecticide resistance in house flies in the United States. *Pesticide Biochemistry and Physiology* 194, 105497, 2023.

8) Kawada H, Higa Y, Kasai S. Reconsideration of importance of the point mutation L982W in the voltage-sensitive sodium channel of the pyrethroid resistant *Aedes aegypti* (L.)(Diptera: Culicidae) in Vietnam. *PLoS One* 18(5) e0285883, 2023.

9) Yamashita S, Uruma K, Yang C, Higa Y, Minakawa N, Cuamba N, Futami K. The origin and insecticide resistance of

Aedes albopictus mosquitoes established in southern Mozambique. *Parasites Vectors* 17, 292, 2024.

10) Itokawa K, Sato K, Qiu Y, Yamagishi J, Changula K, Kawai N, Hayashida K, Ndebe J, Hang'ombe B, Sawa H, Kasai S, Akeda Y, Kawabata H. Genome sequence of a clinical isolate of the human pathogenic *Borrelia fainii*, strain Qtaro. *Microbiology Resource Announcements* e0131822/mra.01318-22, 2023.

2. 和文発表

1) 峰宗太郎, 宮本翔, 片岡紀代, 大園誠也, 佐藤由子, 片野晴隆, 鈴木忠樹, 寺田教彦, 宮崎賢治, 廣瀬知人, 沢昌慶, 菊地和徳, 大澤修一, 小室慶子, 阿部櫻子, 内田好明, 柳岡知子, 福士秀悦, 吉河智城, 林昌宏, 海老原秀喜, 松鶴彩, 西野綾乃, 前田健, 伊澤晴彦, 比嘉由紀子, 葛西真治, 黒田誠. 初めて診断されたオズウィルス感染症患者, *Infectious Agents Surveillance Report*, 44, 109-111, 2023.

2) 澤邊京子, 伊澤晴彦. クロバエと高病原性鳥インフルエンザ. *昆虫と自然*, 59, 22-27, 2024.

3) 葛西真治, 山口登, 深谷渉. 雨水桝からの蚊の発生問題と対策に関する一考察. *下水道協会誌*, 61(735), 2024.

II. 学会発表

1. 国際学会

1) Itokawa K. A cytochrome P450 responsible for insecticide resistance in southern house mosquito. ICCP450/JSSX International Joint meeting, 2023 年 9 月, 静岡市

2) Faizah AN, Kobayashi D, Matsumura R, Watanabe M, Higa Y, Sawabe K, Isawa H. Identifying the vertebrate hosts with possible association to Japanese encephalitis virus dispersal in nature by blood meal source identification and RNA virome determination in Japanese encephalitis virus vectors. American Society of Tropical Medicine & Hygiene 72nd Annual Meeting, 2023 年 10 月 18-22 日, 米国(ハイブリッド開催)

3) Azerigyik FA, Faizah AN, Kobayashi D, Amoa-Bosompem M, Matsumura R, Kai I, Sasaki T, Higa Y, Isawa H, Iwanaga S, Ishino T. Investigation the vector competence of a scope of mosquito species in the transmission of Getha virus. American Society of Tropical Medicine & Hygiene 72nd

Annual Meeting, 2023 年 10 月 18-22 日, 米国(ハイブリッド開催)

4) Faizah AN, Kobayashi D, Matsumura R, Watanabe M, Higa Y, Sawabe K, Isawa H. Investigating the avian/mammalian blood meal source and RNA virome of Japanese encephalitis virus vectors collected in Japan. Entomological Society of America, Entomology 2023, 2023 年 11 月 5-8 日, 米国(ハイブリッド開催)

5) Kasai S. Molecular mechanisms of insecticide resistance in sand flies and mosquitoes. SATREPS Symposium, Parasitology 2023, Annual Meeting of the Turkish Society for Parasitology, 2023 年 11 月 2 日, Antalya, トルコ

6) Higa Y. Taxonomy and ecology of mosquitoes. SATREPS Symposium, Parasitology 2023, Annual Meeting of the Turkish Society for Parasitology, 2023 年 11 月 2 日, Antalya, トルコ

7) Itokawa K. New genomics technologies and their applications to vector research. SATREPS Symposium, Parasitology 2023, Annual Meeting of the Turkish Society for Parasitology, 2023 年 11 月 2 日, Antalya, トルコ

8) Komagata O. In silico screening of insecticides and molecular modeling analysis. SATREPS Symposium, Parasitology 2023, Annual Meeting of the Turkish Society for Parasitology, 2023 年 11 月 2 日, Antalya, トルコ

9) Kasai S. Vector and reservoir control, SATREPS Pre-Kick-off Symposium, 2023 年 11 月 6 日, Ankara, トルコ

10) Sawabe K. NIID promotes international cooperation. SATREPS Kick-off Symposium, 2023 年 11 月 6 日, Ankara, トルコ

11) Pichler V, Itokawa K, Caputo B, Serini P, Bellini R, Veronesi R, de Liberato C, Romiti F, Arnoldi D, Rizzoli A, Lia RP, Otranto D, Michaelakis A, Bisia M, Kasai S, della Torre A. First characterization of knock-down-resistance mutations within the *vgsc* gene in *Culex pipiens*. XI International EMCA Conference, 11 月 7-10 日, Palma, スペイン

12) Kasai S, Itokawa K, Uemura N, Komagata O. Threats of concomitant knockdown resistance mutations in pyrethroid resistant *Aedes aegypti*. Asia Pacific Conference on Mosquito and Vector Control (AMV2023). 2023 年 11 月 27-30 日, Chiang Mai, タイ

13) Uemura N, Furutani S, Itokawa K, Tomita T, Komagata O, Kasai S. Does the knockdown resistance allele, L982W +

F1534C, in *Aedes aegypti* results in fitness cost? Asia Pacific Conference on Mosquito and Vector Control (AMV2023). 2023 年 11 月 27-30 日, Chiang Mai, タイ

14) Higa Y, Sawabe K. Evidence for two genetically different types in the Japanese Encephalitis mosquito vector, *Culex tritaeniorhynchus* (Diptera: Culicidae). Asia Pacific Conference on Mosquito and Vector Control (AMV2023). 2023 年 11 月 27-30 日, Chiang Mai, タイ

15) Itokawa K, Komagata O, Tomita T, and Kasai S. Genotyping entire coding sequence of the mosquito voltage gated sodium channel gene, *vgsc*, using hybridization capture enrichment. Asia Pacific Conference on Mosquito and Vector Control (AMV2023). 2023 年 11 月 27-30 日, Chiang Mai, タイ

16) Nakagawa M, Uemura N, Itokawa K, Takaoka A, Kasai S, Komagata O. Cross-resistance and gene expression of cytochrome P450 monooxygenase in pyrethroid-resistant strains of *Aedes aegypti* from Vietnam. Asia Pacific Conference on Mosquito and Vector Control (AMV2023). 2023 年 11 月 27-30 日, Chiang Mai, タイ

17) Kasai S, Itokawa K, Uemura N, Takaoka A, Tran CT, Tran VP, Komagata O. Recent advances in the study of knockdown resistance genes in pyrethroid resistant *Aedes albopictus*. 6th International Conference on *Aedes albopictus*: The Asian tiger mosquito, 2024 年 3 月 28-29 日, Phnom Penh, カンボジア

2. 国内学会

1) 上村 望, 古谷章悟, 糸川健太郎, 富田隆史, 駒形 修, 葛西真治. 超抵抗性ネッタイシマカの *kdr* アレルのフィットネスコスト, 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

2) 仲川幹映, 駒形 修, 糸川健太郎, 上村 望, 高岡安希, 糸山 享, 葛西真治. ピレスロイド超抵抗性ネッタイシマカの解毒代謝酵素シクロム P450 の発現解析, 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

3) 駒形 修, 糸川健太郎, 上村 望, 高岡安希, 富田隆史, 葛西真治. ピレスロイド抵抗性ネッタイシマカ電位依存性 Na⁺チャネル上の 2 重変異 L982W+F1534C が およぼす効果に関する分子モデリングおよびドッキングシミュレーション, 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

4) 犬丸瑞枝, 糸川健太郎, 松村 凌, 沢辺京子, 渡辺 護, 伊澤晴彦, 比嘉由紀子. フタトゲチマダニにおける生殖型の鑑別方法の検討, 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

5) 皆川夏奈子, 黒木章弘, 所司悠希, 糸川健太郎, 駒形 修, 後藤康之, 三條場千寿. ニッポンサンショウバエにおける共生細菌ボルバキアの保有状況, 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

6) 三條場千寿, 所司悠希, 葛西真治. 北海道におけるサンショウバエ (Diptera: Psychodidae, Phlebotominae) 採集の初記録. 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

7) 網干有紗ローズ, 松村凌, 犬丸瑞枝, 沢辺京子, 渡辺護, 小林大介, 糸山享, 伊澤晴彦. 兵庫県豊岡市で採集されたフタトゲチマダニの保有ウイルス叢解析. 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

8) Yang C, Kasai S, Higa Y. Tiger prowling: a distribution modeling for northward expanding *Aedes albopictus* (Culicidae) in Japan. 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

9) 前川芳秀, 沢辺京子, 葛西真治, 比嘉由紀子. 与那国島で捕集した未記録の *Aedes (Stegomyia)* sp.について. 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

10) 橋本知幸, 堀口智博, 数間亨, 皆川恵子, 武藤敦彦, 楊超, 比嘉由紀子, 葛西真治. 秋季の 8 分間採集法 (人囃法) における飛来ヤブカ属の性比の比較. 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

11) 皆川恵子, 武藤敦彦, 橋本知幸, 野村美治, 引土知幸, 佐々木智基, 葛西真治. ヒトスジシマカに対する家庭用殺虫剤を用いた個人的防御手段に関する野外試験結果 (2022 年度). 第 75 回日本衛生動物学会大会, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

12) 葛西真治, 犬丸瑞枝, 比嘉由紀子, 前川芳秀, 糸川健太郎, 上村望, 松村凌, 甲斐泉, 藤田龍介, 永田康祐, 日野真人. 鹿児島県出水市のツル渡来地と高病原性鳥インフルエンザ発生養鶏施設の地理的及び環境的考察. 第 75 回日本衛生動物学会大会, 特別企画「歯止めがかからない鳥インフルエンザ感染拡大～何が鶏舎内へウイルスを運んだのか?」, 2023 年 4 月 14-16 日, 新宿区

13) 葛西真治. 節足動物媒介感染症と One Health アプローチ. 第 32 回感染研シンポジウム「One Health アプローチ始動中—連携強化へむけて—」, 2023 年 5 月 22 日, 新宿区

14) 比嘉由紀子, 楊超, 川田均, 星友矩, 糸川健太郎, 澤邊京子, 葛西真治. 長崎市内における日本型及び大陸型コガタアカイエカの発生動態について. 第 57 回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 道後温泉

15) Yang C, Kasai S, Itokawa K, Futami K, Osato S, Yamanouchi S, Takeuchi S, Nakamura K, Saitou K, Niizama J, Higa Y. An intensive survey of the exotic population of *Aedes albopictus* at major international entrances in Japan. 第 57 回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 道後温泉

16) 佐々木年則, 室田勝功, 前川芳秀, 渡辺護, 山内健生, 小林大介, 伊澤晴彦. イエカ属蚊における日本脳炎ウイルス由来 viral DNA 追跡による感染履歴の推定. 第 57 回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 松山市

17) Faizah AN, Azerigyik FA, Kobayashi D, Itokawa K, Matsumura R, Kai I, Maekawa Y, Higa Y, Mulyatno KC, Bendryman SS, Rohmah EA, Mori Y, Miura K, Hirayama K, Ozbel Y, Sanjoba C, Phong TV, Tu TC, Kasai S, Sawabe K, Isawa H. Competencies of selected mosquito vectors in transmitting Japanese encephalitis virus genotype IV. 第 57 回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 松山市

18) 松村凌, 甲斐泉, 比嘉由紀子, 佐々木年則, 二見恭子, 吉川亮, 藤田龍介, 日野真人, 永田康祐, 小林大介, 皆川昇, 糸山享, 伊澤晴彦. 2022 年に長崎県で捕集されたコガタアカイエカからの日本脳炎ウイルス及びゲタウイルスの分離と性状解析. 第 57 回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 松山市

19) Azerigyik FA, Faizah AN, Kobayashi D, Amoa-Bosompem M, Matsumura R, Kai I, Sasaki T, Higa Y, Isawa H, Iwanaga S, Ishino T. Deciphering the Getah virus transmission potential of species of medically significant mosquitoes in a laboratory setting. 第 57 回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 松山市

20) 井上雄介, 小林大介, 田島茂, 松田麻未, 石嶋慧多, 黒田雄大, 立本完吾, Milagros Virhuez Mendoza, 原田倫子, 西野綾乃, 山本つかさ, 東英生, 瀬戸順次, 下田宙, 林昌宏, 鈴木亮介, 伊澤晴彦, 葛西真治, 海老原秀喜, 前田健. フラビウイルスの血清学的調査に関する再考. 第 57 回日本

脳炎ウイルス生態学研究会, 2023 年 6 月 30 日-7 月 1 日, 道後温泉

21) 江尻寛子, 林昌宏, 小林大介, 藤田龍介, 室田勝功, 鎌田龍星, 下田宙, 前田健, 木村俊也, 金山敦宏, 加來浩器, 西條政幸, 四宮博人, 澤邊京子, 伊澤晴彦, 葛西真治. オズウイルス発見の経緯と今後の衛生昆虫学的課題, 第 5 回 SFTS 研究会, 2023 年 9 月 2 日, 宮崎市

22) 武石真音, 鎌田龍星, 下田宙, 伊澤晴彦, 前田健, 森川茂, 吉川泰弘. ニホンジカ *Cervus nippon* 由来培養細胞の樹立と性状解析. 第 70 回日本獣医学会学術集会, 2023 年 9 月 5-8 日, 府中市

23) 佐々木年則, 松村 凌, 小林大介, 伊澤晴彦. 黄熱ウイルスおよびジカウイルス感染によって変動する蚊の免疫関連遺伝子探索. 日本比較免疫学会第 34 回学術集会, 2023 年 9 月 10-12 日, 福岡市

24) 井上雄介, 小林大介, 田島茂, 松田麻未, 石嶋慧多, 黒田雄大, 立本完吾, Milagros Virhuez Mendoza, 原田倫子, 西野綾乃, 山本つかさ, 東英生, 瀬戸順次, 下田宙, 林昌宏, 鈴木亮介, 伊澤晴彦, 葛西真治, 海老原秀喜, 前田健. Yokose ウイルスのコウモリ以外の動物への感染. 第 29 回トガ・フラビ・ペスチウイルス研究会, 2023 年 9 月 25 日, 仙台市

25) 西野綾乃, 朴ウンシル, 立本完吾, 井上雄介, 石嶋慧多, 黒田雄大, MENDOZA Milagros Virhuez, 原田倫子, 山本つかさ, 松村凌, 小林大介, 伊澤晴彦, 葛西真治, 松野啓太, 前田健. マウスにおける 3 種類のオルソナイロウイルスの病原性の検討. 第 70 回日本ウイルス学会学術集会, 2023 年 9 月 26-28 日, 仙台市

26) 紺野在, 小林大介, 松田麻未, 鈴木亮介, 伊澤晴彦, 鈴木哲朗. 組織透明化を基盤とした感染蚊体内のデングウイルスイメージング技術の開発. 第 70 回日本ウイルス学会学術集会, 2023 年 9 月 26-28 日, 仙台市

27) 佐々木年則, 室田勝功, 前川芳秀, 渡辺護, 山内健生, 小林大介, 伊澤晴彦. 野外の蚊における日本脳炎ウイルス由来 viral DNA 追跡による感染履歴. 第 74 回日本衛生動物学会東日本支部大会, 2023 年 10 月 21-22 日, 新宿区

28) 甲斐泉, 小林大介, 松村凌, 比嘉由紀子, 澤邊京子, 葛西真治, 糸山享, 伊澤晴彦. 本邦の蚊におけるシールドナウイルスの初確認ならびに性状解析. 第 74 回日本衛生動物学会東日本支部大会, 2023 年 10 月 21-22 日, 新宿区

- 29) 松村凌, 白井正樹, 水谷友一, 小山偲歩, 武田航, 屋敷智咲, 藤岡珠代, 小林大介, 山本誉士, 糸山享, 依田憲, 伊澤晴彦. 島嶼の海鳥コロニーにおけるマダニ採集. 第 74 回日本衛生動物学会東日本支部大会, 2023 年 10 月 21-22 日, 新宿区
- 30) 上村 望, 加藤成生, 齊田亜矢子, 高岡安希, 糸川健太郎, 比嘉由紀子, 駒形 修, 川崎浩三, 葛西真治. 招かれざる客-中部国際空港で採集されたネッタイシマカは殺虫剤抵抗性遺伝子を保有しているか? 第 74 回日本衛生動物学会東日本支部大会, 2023 年 10 月 21-22 日, 新宿区
- 31) 仲川幹映, 糸川健太郎, 上村望, 富岡康浩, 谷川力, 高岡安希, 糸山享, 葛西真治, 駒形修. 日本におけるイエバエの殺虫剤抵抗性遺伝子分布の現状, 第 74 回日本衛生動物学会東日本支部大会, 2023 年 10 月 21-22 日, 新宿区
- 32) 仲川幹映, 糸川健太郎, 上村望, 富岡康浩, 谷川力, 高岡安希, 糸山享, 葛西真治, 駒形修. 畜舎におけるイエバエのピレスロイド系殺虫剤抵抗性の現状, 第 68 回日本応用動物昆虫学会大会, 2024 年 3 月 28-31 日, 仙台市
- 33) 松村凌, 白井正樹, 水谷友一, 小山偲歩, 武田航, 屋敷智咲, 藤岡珠代, 小林大介, 山本誉士, 葛西真治, 糸山享, 依田憲, 伊澤晴彦. 海鳥コロニーにおけるダニ類の分布調査およびそれらが保有するウイルス叢解析. 第 68 回日本応用動物昆虫学会大会, 2024 年 3 月 28-31 日, 仙台市