

北海道斜里町のヒグマ腸管より検出された日本海裂頭条虫

佐々木瑞希¹⁾*, 石名坂 豪²⁾, 能勢 峰²⁾, 浅川満彦³⁾, 中尾 稔¹⁾

1) 旭川医科大学医学部寄生虫学講座 〒078-8510 北海道旭川市緑ヶ丘東2条1-1-1

2) 公益財団法人知床財団 〒099-4356 北海道斜里郡斜里町岩宇別531 知床自然センター内

3) 酪農学園大学獣医学群獣医保健看護学類 〒069-8501 北海道江別市文京台緑町582

(2019年4月18日受領, 2019年7月11日採択)

要 約

2015年9月北海道斜里町で捕獲されたエゾヒグマを剖検したところ小腸より大型の条虫を検出した。頭節の形態および生殖器の配置から、*Dibothriocephalus* 属と思われた。虫体の一部からDNAを抽出し、核28S ribosomal RNA gene およびミトコンドリア cytochrome c oxidase gene の一部を解析した。その結果、DNA データベース上の日本海裂頭条虫のものとはほぼ一致し、本種を日本海裂頭条虫と同定した。本症例は、エゾヒグマから検出された条虫を日本海裂頭条虫と同定した初めての報告である。

キーワード：日本海裂頭条虫, ヒグマ, 北海道

— 日本野生動物医学会誌 24(3) : 123-126, 2019

日本海裂頭条虫 (*Dibothriocephalus nihonkaiensis*) は、甲殻類およびサケ科魚類をそれぞれ第1ならびに第2中間宿主とし、ヒトやイヌ、実験的にはハムスターが終宿主になるとされてきた [1]。さらに近年の調査から、ヒグマ (*Ursus arctos*) が自然界の主な終宿主であると考えられており [2]、ヒグマの肛門より条虫が垂れ下がっている様子も目撃されている (図1)。終宿主の糞便中に排泄された日本海裂頭条虫卵は水中で孵化し、遊出した幼虫 (コラキジウム) が甲殻類に取り込まれる。甲殻類の体内で発育してプロセルコイドとなり、これを捕食したサケ科魚類の筋肉においてプレロセルコイドとなる。ヒグマやヒトへの感染はサケ科魚類の生食に起因する [3]。ヒグマはユーラシア大陸および北アメリカ大陸に分布し、日本では北海道にのみ亜種エゾヒグマ (*U. a. yesoensis*) が生息する [4]。エゾヒグマは雑食性であり、主に草や果実、昆虫などを食すが、秋には産卵のために遡上するサケ科魚類を捕食する [5]。しかしながら、これまでエゾヒグマの条虫類感染に関する報告は *Dibothriocephalus* sp. が検出されたとされる1例のみであり [6]、その形態やDNA情報については記載されていない。我々は、北海道斜里町で捕獲されたエゾヒグマから多数の裂頭条虫を検出し、その同定を行ったため報告する。ヒグマを終宿主とする条虫としては、日本海裂頭条虫

(*D. nihonkaiensis*)、*Dibothriocephalus ursi*、*Taenia arctos* などが知られているが、その中で裂頭条虫科 (Diphyllobothriidae) に属するものは日本海裂頭条虫と *D. ursi* である [7, 8]。日本海裂頭条虫と *D. ursi* は頭節の形態や頸部の有無、卵巣の形態などから識別が可能である [1] とともに、ミトコンドリア cytochrome c oxidase subunit 1 遺伝子 (*cox1*) 配列より分子学的同定ができる。従って、本症例で検出された裂頭条虫についてミトコンドリア *cox1* 配列にもとづいた分子同定を行った。

検体はエゾヒグマ (*U. a. yesoensis*) オス成獣で、2015年9月29日、北海道知床半島に位置する斜里町ウトロ地区 (北緯 44°4' 12", 東経 144°59' 48") の住宅地周辺にて有害捕獲されたものである。左右前掌幅 17.0cm、体長 176.5cm、実測体重 345kg であり、犬歯歯根部のセメント質年輪の計数により満 30 歳と年齢査定された。検体を解剖し、消化管内寄生虫を調べたところ、小腸より少なくとも 8 つの頭節を含む裂頭条虫が検出された。全ての虫体の湿重量を合計すると 600g にも達した。いずれも成熟した片節の連なる成虫であった。虫体は摘出後、無水エタノール中で保存した。このうち 2 隻について、虫体の一部 (25mg) より Quick DNA Miniprep Plus Kit (Zymo Research) を用いて DNA を抽出した。抽出した DNA は Ex Taq DNA polymerase (Takara) を用いて polymerase chain reaction (PCR) を行った。28S ribosomal RNA gene (28S rDNA) の一部をプライマーセット ZX-1 (5'-ACCCGCTGAAYTTAAGCATAT-3') および 1500R (5'-GCTATCCTGAGGAAACTTCG-3') [9]、ミ

* 責任著者：佐々木瑞希

(E-mail: mizuki_sasaki@asahikawa-med.ac.jp)



図1 エゾヒグマの肛門より垂れ下がる条虫
寺沢孝毅氏（有限会社 ネイチャーライブ）が、2006年10月23日、北海道斜里町ルシャ地区にて撮影。

トコンドリア *cox1* の一部をプライマーセット JB3 (5'-TTTTTGGGCATCCTGAGGTTTAT-3') および CO1-R trema (5'-CAACAAATCATGATGCAAAAGG-3') [10] により増幅した。PCR産物は BigDye terminator cycle sequencing kit および ABI genetic analyzer 3500 (Applied Biosystems) を用いてダイレクトシーケンスを行った。PCR用プライマーをシーケンスに用いた。また、残りの虫体はスライドガラスを用いて圧平し10%緩衝ホルマリンにより再固定した。その後、鉄へマトキシリン染色を施し、形態学的観察に供した。

2隻の条虫の28S rDNA配列（それぞれ1401 b）を比較したところ、互いに100%一致した。この配列をBLASTデータベースを用いて解析したところ、*D. nihonkaiensis* と99.9%（1400 b/1401 b）一致した。一方、*cox1*配列は2隻の虫体間で互いに99.6%一致し、BLAST検索によりそれぞれ *D. nihonkaiensis* と99.5%（760 b/764 b）および99.6%（761 b/764 b）の相同性を示した。得られた28S rDNA および *cox1*配列はDDBJ/ENA/GenBankデータベースに登録した（Accession no. LC474507-LC474510）。また、形態学的観察の結果、吸溝をもつ頭節を有しており、成熟片節は長さ約1.3mm、幅5.1mmであった。生殖孔は片節上縁から1/5程度の正中線上に開口していた（図2）。以上の結果を総合して、日本海裂頭条虫（*D. nihonkaiensis*）と同定した。

日本において、サケ科魚類における日本海裂頭条虫プレロセルコイドの寄生が報告されており [11]、ヒトにおける成虫寄生の症例も全国で発生が見られる [12]。本症例で検出された条虫は、形態学的ならびに分子学的同定結果から日本海裂頭条虫であった。これはエゾヒグマから検出された条虫を同定した

初めての報告である。本症例で検出された条虫は子宮内に正常発育した虫卵を満ちた成熟虫体であった。このことは、感染は偶発的なものではなく、エゾヒグマが好適な終宿主となっていることを示す。すなわち、エゾヒグマは日本海裂頭条虫の生活環の維持に重要な役割を果たしていると考えられる。北海道の魚類は広く全国に流通していることから、日本における日本海裂頭条虫症はエゾヒグマが関与する人獣共通感染症として重要である。

本症例では、1頭のエゾヒグマより8隻以上という虫体の多数寄生が見られた。一般的には、内陸に生息するエゾヒグマは春から夏にかけて草本類や昆虫類を、秋には液果類や堅果類を食べるのに対して、環太平洋沿岸に生息するエゾヒグマは8～12月の間、サケ科魚類を捕食する [13]。日本海裂頭条虫の第2中間宿主として、サクラマス (*Oncorhynchus masou*)、カラフトマス (*Oncorhynchus gorbuscha*)、サケ (*Oncorhynchus keta*)、ベニザケ (*Oncorhynchus nerka*) が知られている [3] が、このうち北海道で遡上が確認されているのはサクラマス、カラフトマス、サケである。近年の北海道においては、河川工作物や河川改修、河口のサケ捕獲場によりサケ類の産卵遡上が阻害され、ヒグマの生息地まで遡上するサケが減少している [13]。しかしながら、知床ルシャ川に遡上するカラフトマスは2006～2008年の調査によると年間10000～58000個体と推定され、ヒグマの重要な餌資源となっている [14]。体毛を用いた安定同位体比分析に基づいて採食パターンを解析した研究によると、知床半島に生息するエゾヒグマは秋期におけるエネルギー源をサケ類に大きく依存していることが示唆されている [13]。今回の検体が得られた知床半島は、ヒグマがサケ類を多く捕食する北海道でも少ない地域の一つであり、そのため日本海裂頭条虫の多数寄生が観察されたと考えられる。

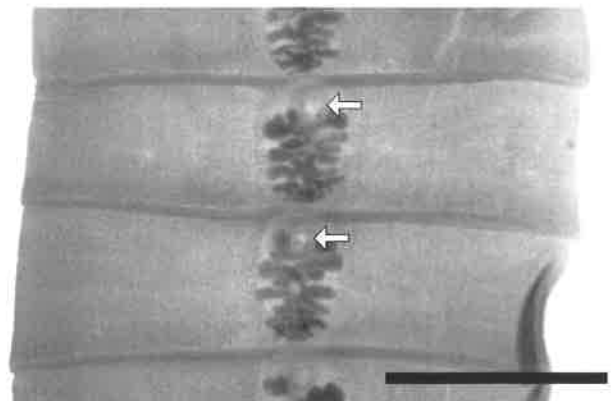


図2 エゾヒグマより検出された条虫の成熟片節生殖孔を矢印で示した。スケールバー：2 mm

北海道からオホーツク海に出たサケの幼魚は太平洋へ回遊し、越冬後にベーリング海に移動、さらにアラスカ湾で越冬する。こうして2~3年後に成長し、ベーリング海から南下して母川に回帰する [15]。北海道のカラフトマスはオホーツク海からベーリング海まで回遊して北海道に戻る他、アムール川やサハリン西部生まれのものも日本海で見られる [16]。サクラマスは北海道の河川から降海しオホーツク海まで回遊した後、日本海と北太平洋で越冬し、母川に遡上する [17]。これらの魚種はいずれも日本海裂頭条虫の第2中間宿主となることが知られており、実際に日本においてトキシラズやサクラマスにおける高率な感染状況が報告されている [11]。ヒトの日本海裂頭条虫症は日本以外にもアジア東岸およびアラスカで報告があり [2, 3, 18], これら地域のサケ科魚類にはプレロセルコイドが寄生していると考えられる。とくに、サケは北海道からアラスカ湾まで回遊することから日本およびアラスカにおいて共通の中間宿主となっている可能性がある。しかしながら、回遊ルート上のどこでサケへの感染が起こっているかは不明である。今後、サケ科魚類の回遊ルート上の各地で得られたサンプルを調査し、ミトコンドリアDNAハプロタイプ解析を行う必要がある。これによりサケ科魚類への感染源地域を推定することが可能である。さらに、北海道およびアラスカ湾でみられる日本海裂頭条虫の起源が同一なのか明らかとなる。

謝 辞

本論文においてエゾヒゲマ写真の使用をご許可いただいた寺沢孝毅氏（有限会社ネイチャーライブ）に深謝する。

引用文献

- 加茂 甫. 1999. genus *Diphyllobothrium*. 裂頭条虫類の同定のためのハンドブック pp.26-95. 鳥取大学医学部医動物学教室, 鳥取.
- Arizono N, Shedko M, Yamada M, Uchikawa R, Tegoshi T, Takeda K, Hashimoto K. 2009. Mitochondrial DNA divergence in populations of the tapeworm *Diphyllobothrium nihonkaiense* and its phylogenetic relationship with *Diphyllobothrium klebanovskii*. *Parasitol. Int.* 58: 22-28.
- Scholz T, Garcia HH, Kuchta R, Wicht B. 2009. Update on the human broad tapeworm (genus *Diphyllobothrium*), including clinical relevance. *Clin. Microbiol. Rev.* 22:146-160.
- 増田 泰. 2018. ヒゲマ 日本最大の食肉類. 日本の食肉類: 生態系の頂点に立つ哺乳類 (増田隆一 編), pp.43-63. 東京大学出版会, 東京.
- Sato Y. 2009. *Ursus arctos* Linnaeus, 1758. *The wild mammals of Japan* (Ohdachi SD, Ishibashi Y, Iwasa MA, Fukui D, Saitoh T, eds.), pp.240-242. Shoukadoh book sellers, Kyoto.
- Yamaguchi K. 1978. Studies on Diphylobothriid cestodes in Hokkaido. *Jap. J. Vet. Res.* 26: 44.
- Haukisalml V, Lavikainen A, Laaksonen S, Meri S. 2011. *Taenia arctos* n. sp. (Cestoda: Cyclophyllidea: Taeniidae) from its definitive (brown bear *Ursus arctos* Linnaeus) and intermediate (moose/elk *Alces* spp.) hosts. *Syst. Parasitol.* 80: 217-230.
- Yamasaki H, Muto M, Yamada M, Arizono N, Rausch RL. 2012. Validity of the bear tapeworm *Diphyllobothrium ursi* (Cestoda: Diphylobothriidae) based on morphological and molecular markers. *J. Parasitol.* 98: 1243-1247.
- Haukisalml V, Hardman LM, Foronda P, Feli, C, Laakkonen J, Niemimaa J, Lehtonen JT, Henttonen, H. 2010. Systematic relationships of hymenolepidid cestodes of rodents and shrews inferred from sequences of 28S ribosomal RNA. *Zoologica Scripta.* 39: 631-641.
- Miura O, Kuris AM, Torchin ME, Hechinger RF, Dunham EJ, Chiba S. 2005. Molecular-genetic analyses reveal cryptic species of trematodes in the intertidal gastropod, *Batillaria cumingi* (Crosse). *Int. J. Parasitol.* 35: 793-801.
- Suzuki J, Murata R, Sadamasu K, Araki J. 2010. Detection and identification of *Diphyllobothrium nihonkaiense* plerocercoids from wild Pacific salmon (*Oncorhynchus* spp.) in Japan. *J. Helminthol.* 84: 434-440.
- Ikuno H, Akao S, Yamasaki H. 2018. Epidemiology of *Diphyllobothrium nihonkaiense* Diphylobothriasis, Japan, 2001-2016. *Emerg. Infect. Dis.* 24: 8.
- 越野陽介, 帰山雅秀. 2013. サケとクマ - 知床世界自然遺産地域内での例. pp.47-50. サケ学大全 (帰山雅秀, 永田光博, 中川大介 編著), 北海道大学出版会, 札幌.
- 横山雄哉, 越野陽介, 宮田幸太, 工藤秀明, 北田修一, 帰山雅秀. 2010. 知床半島ルシヤ川におけるカラフトマス *Oncorhynchus gorbuscha* の産卵遡上動態評価. *日本水産学会誌.* 76: 383-391.
- 帰山雅秀. 2004. 最新のサケ学. pp.52-55. 成山堂書店, 東京.
- 宮本真人. 2003. カラフトマス *Oncorhynchus gorbuscha* (Walbaum), 漁業生物図鑑 新 北のさかなたち (水島敏博, 鳥澤 雅 監修), pp.142-145. 北海道新聞社, 札幌.
- 眞山 紘, 小野郁夫, 平澤勝秋. 2005. 北海道の河川に放流された標識サクラマスの海洋における回遊生態. さけ・ます資源管理センターニュース. 14: 1-9.

18. Kuchta R, Scholz T, Brabec J, Narduzzi-Wicht B. 2015. *Diphyllobothrium, Diplogonoporus, and Spirometra. Biology of Foodborne Parasites* (Xiao L, Ryan U, Feng Y, eds.), pp. 299–326. CRC press, Boca Raton.
-

Case report *Parasitology*

***Dibothriocephalus nihonkaiensis* infection with *Ursus arctos* in Shari, Hokkaido, Japan**

Mizuki SASAKI^{1)*}, Tsuyoshi ISHINAZAKA²⁾, Takane NOSE²⁾, Mitsuhiko ASAKAWA³⁾ and Minoru NAKAO¹⁾

- 1) Department of Parasitology, Asahikawa Medical University,
2-1-1-1, Midorigaoka-Higashi, Asahikawa, Hokkaido 178-8510, Japan
2) Shiretoko Nature Foundationtomato68, 531 Iwaubetsu, Shari, Hokkaido 099-4356, Japan
3) Faculty of Veterinary Science, School of Veterinary Medicine, Rakuno Gakuen University,
582, Midori-machi, Bunkyo-dai, Ebetsu, Hokkaido 069-8501, Japan

(Received 18 April 2019; accepted 11 July 2019)

ABSTRACT

A male brown bear (*Ursus arctos yesoensis*) was caught in September 2015, in Shari, Hokkaido, Japan. Necropsy was performed, and a number of large cestodes were collected from the intestine. They were diagnosed as *Dibothriocephalus* sp. based on the morphological features of scolices and genitalia. These parasites were identified as *Dibothriocephalus nihonkaiensis* by the sequences of 28 ribosomal RNA gene and mitochondrial cytochrome c oxidase gene. This is the first report of identification of cestode from a Hokkaido brown bear as *D. nihonkaiensis*.

Key words: *Dibothriocephalus nihonkaiensis*, Hokkaido, *Ursus arctos*

— *Jpn J Zoo Wildl Med* 24(3) : 123-126, 2019

* Corresponding author : Mizuki SASAKI (E-mail: mizuki_sasaki@asahikawa-med.ac.jp)