2 富山県の5ヶ所におけるイヨシロオビアブの発生量と発生消長 渡辺 護(富山衛研) Population density and seasonal occurrence of Ororo-tabanid fly, *Hirosia iyoensis* using the canopy traps at five localities in Toyama prefecture Mamoru Watanabe

富山県の標高200~700mの山間地渓流域には、夏期、吸血性アブのイヨシロオビアブが多発生し、地区住民をはじめ山間リゾート地への来訪者に不快な思いを強いている。演者は1999年夏に県内5ヶ所で、本種の発生状況を調査する機会があったので、その成績について報告する。

調査には全ステンレス製黒色塗色の据置型、またはステンレスパイプ布傘製の機動型キャノピートラップを用い、誘引源としては液化炭酸ガス(1,500ml/分)またはドライアイス(2kg/5時間)を用いた。トラップの設置は各調査地とも週1回、15時から20時までの間のほぼ4時間行った。その結果、同日同時に調査を行っていないこともあり、各調査地・地点によって発生消長曲線が微妙に異なったが、発生量は福光町中河内が最も多く、次いで大山町亀谷、他の3地域はそれよりも明らかに発生量が少なかった。発生は7月中旬から始まり、8月上旬~中旬が多発生期間で、8月下旬から急激に少なくなり、9月下旬に終息する消長を示した。

4 ツエツエバエのシトクロームCオキシダーゼサブユニット1遺伝子の塩基配列について (1)
○村主節雄・原田正和(香川医大・医動物)
Nucleotide sequence variations in the cytochrome C oxidase subunit 1 gene within *Glossina* species (1)
Suguri S. and Harada M.

5種のケニア産ツエツエバエ *Glossina austeni*, *G. brevipalpis*, *G. centralis*, *G. morsitans* および *G. pallidipes* のミトコンドリアDNA中のシトクロームCオキシダーゼサブユニット1(CO1)遺伝子の塩基配列の種間比較を行った。プラナリアのCO1遺伝子用に設計されていたプライマーを用いPCRを行い、1%アガロース電気泳動による一本バンドを切り出し、pT7 Blue T-Vectorに組み込み、DE3株のコピペント細胞にてクローン化しシーケンシング反応を行った。ABI社製オートシーケンサーにより441塩基の配列を読み取った。その結果441塩基中この両者間に86箇所に相違が見られた。また、*G. centralis*の塩基配列について検索したところ、この領域のPositive Identityは *Drosophila melanogaster* のものと90%を示した。(研究協力者; 浦川 豊彦, Dr. Murphy Noel (国際家畜研究所、ケニア))

3 吸血性ベクターのPCRによる吸血源同定法の研究 - 各種動物DNAのPCRによる鑑別 - ○原田正和・村主節雄(香川医大・医動物) Studies on the identification method of blood source by PCR in hematophagous vectors - Discrimination of DNA of several animals by PCR - Masakazu Harada and Setsuo Suguri

吸血性昆虫の吸血嗜好性は、疾病媒介能等に関わる重要な要因である。従来その吸血源の同定には主にELISA法が用いられているが、この方法では類人猿とヒト血液との鑑別は困難である。そこで我々は、類人猿との鑑別も可能なPCRによる方法を検討して来たのでその結果を報告する。

まず、吸血される前の各種動物のDNAの鑑別のため、ヒトのrRNA geneに基づいて設計したprimerを用いてPCRを行い、反応産物を電気泳動し解析した。その結果、ヒトと霊長類のPCR産物のサイズ差は約1-3bpで、ヒトと他の家畜の産物のサイズ差は約0-10bpであり、ヒトとの鑑別が可能で種もあつたが、すべての動物種を特定する事は困難であつた。

次に、ヒト特異的sequence(HS5)(Ueda et al. 1990)と言われる領域より作成した数種のprimerを用いて、主に類人猿のDNAをテンプレートとしてPCRを行った。プライマーの組み合わせを変えると産物パターンが種によって異なる場合が見られたので、これらPCRの結果を組み合わせる事により、類人猿とヒトのDNAの鑑別が可能であつた。

これらの方法を吸血蚊に適用した場合に、同じ結果が得られるかどうかは今後の課題であるが、少なくとも法医学分野におけるヒトと類人猿のDNAの鑑別には有効だと思われる。

5 霊長類のシラミのミトコンドリアDNAの解析 粕谷志郎(岐阜大・地域・環境)、長野 功(岐阜大・医・寄生虫) Analysis of mitochondrial DNA of lice parasitized to primate Shiro Kasuya (Faculty of Regional Studies, Gifu University) Isao Nagano (School of Medicine, Gifu University)

シラミは宿主特異性が高く、宿主と平行した進化をたどっている可能性が高い。そこで、霊長類のシラミを中心にミトコンドリアDNAによる系統樹の作成を試みた。

【方法】 シラミは虫体から、また宿主については血液から常法により全DNAを抽出した。これを鋳型としてすでに報告されているcytochrome c oxidase subunit I(CO1)プライマー(Science:265.1087-1090)を用いてPCRを行った。このPCR産物をpT7 Blue T vectorにサブクローニングした後ABIオートシーケンサー 373Aにより塩基配列を決定した。

【成績と考察】 下図のような系統樹を作成した。宿主の系統樹ともよく一致し、共進化の可能性が示唆された。アタマジラミとコロモジラミの塩基配列は一致率が極めて高かったが、それぞれの個体差の範囲からははずれていた。一方、アタマジラミとケジラミの一致率は低かったが、ニホンザルのシラミよりは高かった。しかし、ケジラミはプタジラミとの一致率が最も高く、単純に、ケジラミとアタマジラミが同一の祖先から分化したとも言えない。ケジラミの近縁関係をさらに追求する必要がある。

シラミを提供いただいた、大滝倫子(九段坂病院)、後藤俊二(京都大・霊長研)両氏に感謝する。