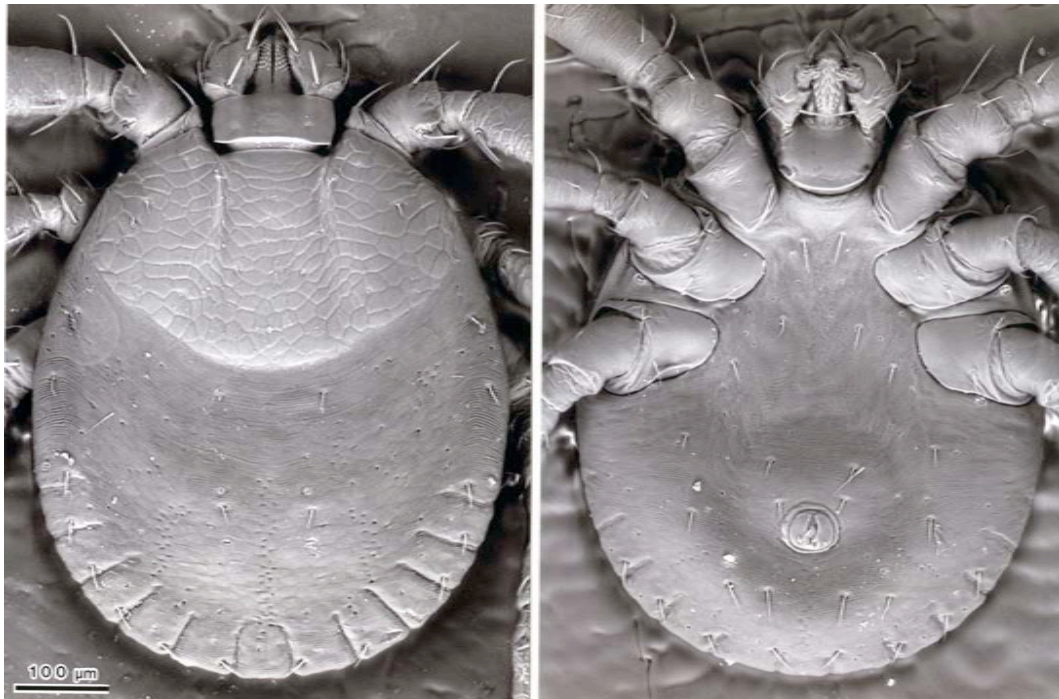


第 38 回北陸病害動物研究会

抄録集



フタトゲチマダニ幼虫

2021年6月19日13:00～

リモート開催

ご挨拶

コロナ肺炎は変異株の出現によって一時感染者が増加しました。ここにきてワクチン接種が軌道に乗りつつあるようで、一日も早い終息を願うばかりです。皆様には不自由な生活を送られていることと拝察申し上げます。

さて、昨年の福井開催の北陸病害動物研究会は中止となりましたが、本年は、金沢大学・所正治先生のご尽力により、金沢大学の WEB 会議システムを使い、リモート開催とすることにしました。活動困難なこの様な時期ではありますが、皆様お誘い合わせの上ご参集いただきますよう、宜しく願いいたします。

福井大学医学部医動物学領域
矢野 泰弘

第 38 回北陸病害動物研究会開催要領

- ・開催日時： 令和 3 年 6 月 19 日（土） 午後 1 時から午後 5 時を予定
- ・開催方法： 金沢大学 WEB 会議システム利用
- ・発表方法：
 - ・パワーポイントファイルをご自分のコンピューター上で作成し金沢大学会議システムに接続し、共有ボタンによって参加者がプレゼンテーションを見るという Zoom と同様の使用方法による。ただし、Internet Explorer がブラウザの場合、不具合があるので推奨されていません。
 - ・ 1 講演 15 分（12 分講演・3 分質疑）
 - ・講演者は次の講演の座長をお願いします。
- ・参加費： 無料

プログラム

13 : 00～ 当番幹事挨拶 矢野泰弘（福井大学医学部医動物学領域）

13 : 05～ 一般講演

1. 新型コロナウイルスの起源について
上村 清（富山大医・疫学-健康政策学）
2. リケッチア症とコビット 19 の感染像は妙に似ている？
高田伸弘^{1,2}（¹福井大学医学部、²医学野外研究支援会）
3. Intra-species genetic diversity of *Chilomastix mesnili*: Genetic evidence of zoonotic transmission
Jiang Chuanhao, Siti Arifah Lacante, Tetsushi Mizuno, Masaharu Tokoro
(Dept. of Global Infectious Diseases, Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa Univ.)
4. Intra-species genetic diversity of *Enteromonas hominis*: Time-series analysis of haplotype evolution
Siti Arifah Lacante, Jiang Chuanhao, Tetsushi Mizuno, Masaharu Tokoro
(Dept. of Global Infectious Diseases, Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa Univ.)

休憩

- 14 : 15～
5. 近年、石川県で届出された節足動物媒介感染症について
成相絵里・中澤柁哉・木村恵梨子・小橋奈緒・中村幸子・倉本早苗
（石川県保健環境センター）
 6. ヒトスジシマカの北限拡大による近縁種への影響
碓井瑞菜¹・都野展子¹（¹金沢大学）
 7. 寄生虫および衛生動物関連検査依頼の動向
所 正治(金沢大学医薬保健研究域医学系国際感染症制御学)
 8. うっ滞性皮膚潰瘍に生じたハエ症症例と患者居住地周辺でのハエ発生状況調査結果
村上学¹、及川陽三郎¹、多賀史晃²、望月 隆²（¹金沢医科大学 医動物学、²金沢医科大学 皮膚科）

休憩

- 15 : 25～
9. 石川県能登地区のイノシシから検出された寄生虫たち
松村 隆弘（北陸大学 医療保健学部）
 10. 金沢市の日本紅斑熱発生推定地におけるマダニ相の調査
及川陽三郎、村上 学（金沢医大・医動物）

閉会挨拶

1. 新型コロナウイルスの起源について

上村 清

富山大医・疫学・健康政策学

「コロナウイルス」は約3万の塩基配列からなるRNA遺伝子を持ち、宿主細胞内で2週間に1回の割合で変異していく。古くから土着している人から人に感染する「風邪ウイルス4種」は風邪の10～35%を占め、低病原性で死ぬことはない。2002～03年に出現した「SARS」は、中国広東省からアジアに広がり、8,422人が感染し、916人が死亡した（致死率11%）。キクガシラコウモリが自然宿主で、ハクビシンを介して人に感染したと見られる。2012年に出現した「MERS」は、サウジアラビアなどで2,566人が感染し881人が死亡している（致死率34%）。コウモリが自然宿主で、ヒトコブラクダを介して人に感染した。

「新型コロナウイルス」は、2019年12月1日に発症した湖北省武漢市の原因不明とされた肺炎患者が最初で、12月31日WHOに報告され、2020年1月7日新型コロナウイルスCOVID-19（正式名称SARS-CoV-2）と判明し、1月12日遺伝子配列情報が公表された。

最初に発見された患者など初期患者3人は海鮮市場とは関係なかった。1月10日以降に海鮮市場でクラスターが起きたと見られる。2019年11月17日に発症した湖北省の患者がいて、遺伝子解析からも、11月中旬には新型コロナウイルスは出現していたと見られる。

2021年1月14日、その起源を探るべくWHOの国際的調査団34名が1ヵ月武漢入りしたが、中国側手配の場所や資料に調査が限られていた。

新型コロナウイルスの起源として次のような仮説が考えられている。

① キクガシラコウモリの生息洞窟で現地農民がコウモリから感染し、1,600 km離れた武漢に感染者が持ち込んだ。コウモリの糞は肥料や薬用に用いられ、現地民が洞窟に入って採取している。2015年の調査では昆明の洞窟近くの住民6人がSARSの抗体を保有していた。

② キクガシラコウモリから変異してセンザンコウに感染し、それが武漢海鮮市場に持ち込まれて食用にされ、感染が広まった。薬用に鱗が用いられ、生血を飲む習慣もある。ただし、海鮮市場ではセンザンコウもコウモリも売られていなかったようである。売られていた動物からは感染が確認されなかったが、ネコの15%が新型コロナウイルスに感染していた。

③ 武漢ウイルス研究所からの流出が疑われている。同所にはコウモリ女の異名を持つ白正麗（Shin Zhengli:1964年生れ）が2003年からコウモリを宿主とするコロナウイルスを研究していて、2013年に雲南省でキクガシラコウモリから採取されたウイルスが新型コロナウイルス遺伝子と96%一致することなどを明らかにしている。同所にはP4施設があり、研究員は266人だが、2018年に視察者がウイルスの扱いが杜撰だと報告している。所員らが10～11月に通院していたことから、所員が感染して市中に感染を広めた可能性がある

また、実験済のコウモリ死骸が持ち出され、海鮮市場などで食用にされたことも考えられる。

④ その他、生物兵器説もあるが、若者にはほぼ無害なので、考えられない。2019年10月18日武漢で世界軍人運動会があり、米軍が持ち込んだ説もあるが、マラリアだった。

輸入冷凍食品からウイルスが武漢に持ち込まれた説もある。起源の解明が待たれる。

2. リケッチア症とコビット 19 の感染像は妙に似ている？

高田伸弘^{1,2}

¹福井大学医学部、²医学野外研究支援会

リケッチア症は古く周知の感染症であるが、コビット 19 は SARS の焼き直しながら新興の感染症であって語句上でも人口に膾炙している。そうこう考える中でふと気づいたのは、リケッチア症（ここでは主にツツガムシ病）とコビット 19 の間に妙な類似性がある点で、概略だけ述べたい。

発生頻度の統計扱いでの問題：ツツガムシ病は古く東北のアカツツガムシ媒介が知られたが 1960 年代までに消滅、ところが本病は 1970 年代から再び増加という図式が安易に流布されて来た。しかし、その増加というのはフトゲやタテツツガムシ媒介の別型によるものなので、アカの型とフトゲやタテの型の年次消長は同一図上で混ぜないで分けて描くべきで、そうすれば媒介の実態が見え易い。一方、コビット 19 では、早春の第 1 波の後、初夏に抑制されるも再び第 2 波、そして秋冬には第 3 波と言われる。しかし実は、1 波と 2 波は検査対象や件数の齟齬がなければ続いており、我国でも欧米と同様、2 番目の波は秋冬のウイルス適合期と変異株に伴って必然的に襲来したように思える。ゆえに、コビット 19 の場合も春夏と秋冬の 2 山の図として陽性率の推移や対人口比で描かねば実態が見え難い。

臨床症状また血清疫学での問題：リケッチア症では、病原が刺し口から循環器系の血管内皮に入る全身感染で、重症化はサイトカイン嵐や播種性血管内凝固症候群すなわち微少血栓による多臓器不全による。一方、コビット 19 も呼吸器系から侵入して血管の ACE 2 に接着して血栓が組織臓器に多発、後遺症まで来す。そして、両者では、血清抗体の分析が患者対応でも疫学対応でも様々に重要な意味を持ち、不顕性感染の多さ、再感染への対処、そしてワクチンの課題につながっている。

いずれにしても、感染症は、皮膚から感染とか、呼吸器系から感染などと門戸によって区別するのみならず、感染病理像の認識を深めることが必要と思う。

3. Intra-species genetic diversity of *Chilomastix mesnili*: Genetic evidence of zoonotic transmission

Jiang Chuanhao, Siti Arifah Lacante, Tetsushi Mizuno, Masaharu Tokoro

Dept. of Global Infectious Diseases, Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa Univ.

Chilomastix mesnili is a zoonotic non-pathogenic intestinal parasite that mainly colonize in cecum and colon. In addition to humans, *Chilomastix mesnili* was reported from non-human primates and other mammals such as pigs. Due to the lack of the genotyping classification of this species, so far, there has been little evaluation of its molecular epidemiology.

We aim to optimize the genotyping method of this parasite to clarify the actual endemic status in humans and animals, and to confirm the accuracy of its classification and several species names of genus *Chilomastix* that have been proposed on the basis of detected host differences without providing any molecular evidence. By using newly designed specific primers targeting 18S rRNA gene locus for this protozoan, the samples, which have been taken from human and animal feces in Sumba Island, Indonesia from 2013 to 2016, were screened. Thus far, the 52 DNA sequence haplotypes were confirmed, and applied to the Bayesian phylogenetic analysis (Fig. 1).

Although this is not a high resolution analysis (only including 152 nucleotide positions), the two types of haplotype groups within the intra-species genetic diversity of *C. mesnili* were clearly appeared. The strict host specificity type formed the host-specific clusters such as rodent, chicken, and human specific ones. While the zoonotic haplotype groups were observed as the clusters of mixed human and other host-derived haplotypes.

Considering the presence of such a wide variety of intra-species genetic diversity, the taxonomic revision might be required based on the results of detailed analyses at the morphological and genetic levels.

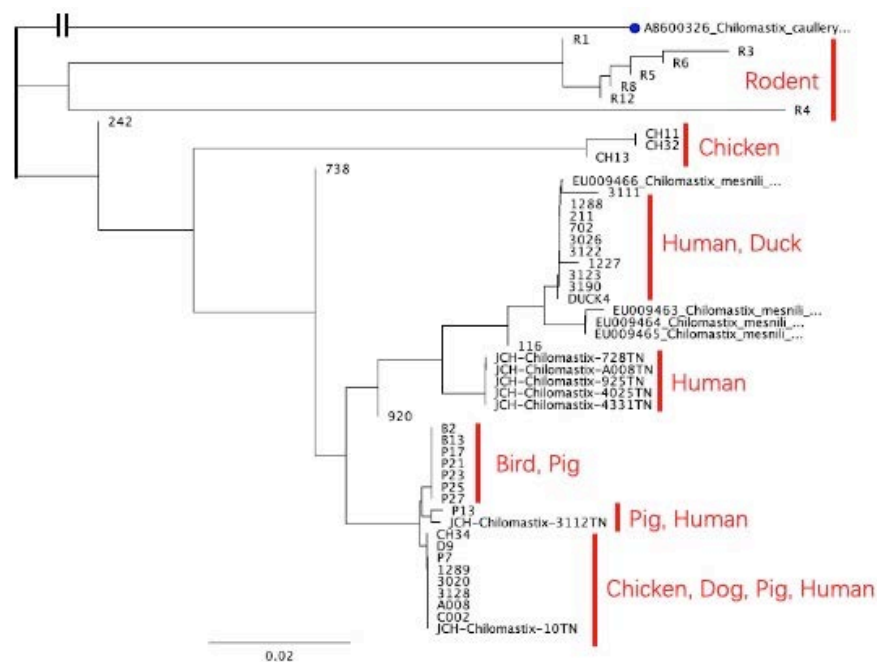


Fig. 1 Bayesian phylogenetic tree of the partial 18S rRNA sequences of *C. mesnili* from humans and animals. In total, 152 nucleotide positions were used in the final analysis. The reference sequence AB600326, the genus *C. caulleryi* (Alexeieff 1909) originally found in amphibians, was set as an outgroup.

4. Intra-species genetic diversity of *Enteromonas hominis*: Time-series analysis of haplotype evolution

Siti Arifah Lacante, Jiang Chuanhao, Tetsushi Mizuno, Masaharu Tokoro

Dept. of Global Infectious Diseases, Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa Univ.

Enteromonas hominis is one of the commensal human intestinal protozoan parasites. Because this parasite has been considered non-pathogenic, despite its common distribution in developing countries, little assessment of its molecular epidemiology has been conducted to date. The genetic references have rarely been registered in DDBJ/GenBank, and thus the genotyping taxonomy in this species has not yet been determined.

We conducted an evaluation of the genetic intra-species diversity of this parasite with the ultimate goal of a comprehensive molecular analysis (meta-analysis) of intestinal protozoan flora in the human gastrointestinal system. Samples were taken from human and animal in Sumba Island, Indonesia from 2013-2016. Molecular screening was conducted using nested-PCR targeting 18SrRNA, and tentatively we could confirm the 118 DNA haplotypes from those samples and reconstruct the phylogenetic tree (Fig. 1).

Among the intra-species genetic diversity of *E. hominis*, it was suggested that zoonotic transmission may play a role in the life cycle since some of the same haplotypes were detected from both human and animal stools. Moreover, the observed network of genetic haplotypes over time indicated the possible rapid evolution of those genetic variations in this parasite. Although the biological significance of such haplotype changes detected at the annual level is still unclear, it is quite interesting from the perspective of protozoan evolution.

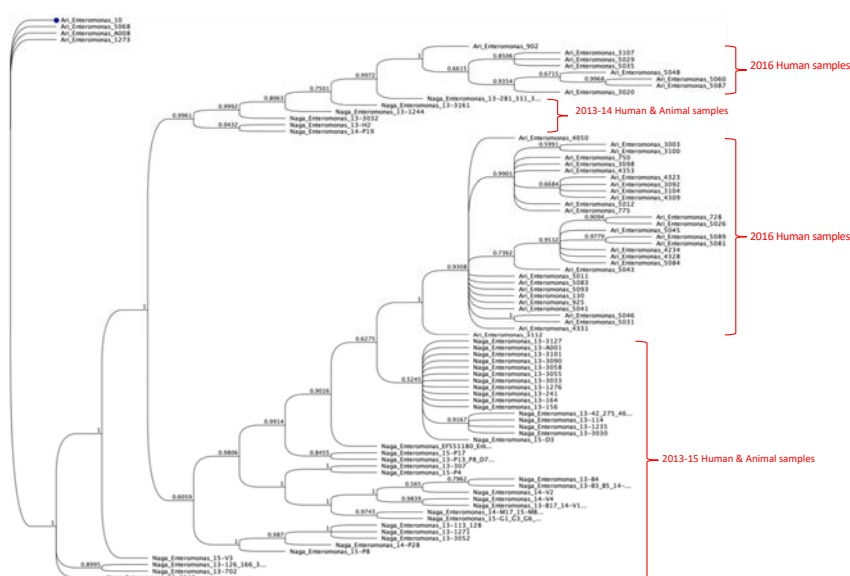


Fig. 1 Bayesian phylogenetic tree of the partial 18S rRNA sequences of *E. hominis* from humans and animals. In total, 1,161 nucleotide positions were used in the final analysis. 2016 Human sample no. 10 was set as an outgroup. The estimated posterior probability value of Bayesian Inference analysis is shown beside each node.

5. 近年、石川県で届出された節足動物媒介感染症について

成相絵里・中澤柁哉・木村恵梨子・小橋奈緒・中村幸子・倉本早苗
石川県保健環境センター

石川県保健環境センター（以下、当センター）では感染症発生動向調査事業の一環として、様々な病原体検査を行っている。近年、当センターにおいて病原体検査を行った節足動物媒介感染症をいくつか紹介する。

【症例1】チクングニア熱（2019年6月）

30歳代の女性（海外渡航歴有：ミャンマー）で発熱、頭痛、関節痛、発疹、全身倦怠感の症状があり、近医を受診した。デング熱、ジカウイルス感染症を疑い、当センターの検査で、血液及び尿からチクングニアウイルス遺伝子を検出した。当センターでは2018年度からデング熱、チクングニア熱、ジカウイルス感染症のいずれかを疑う場合には、同時に3つの検査を行っている。

【症例2】日本紅斑熱（2019年9月）

70歳代の男性で発熱、頭痛、発疹、肝機能障害、DICの症状及び刺し口を認め、ダニ媒介感染症を疑い検査依頼があった。当センターの検査で、痲疲及び血液から日本紅斑熱リケッチア遺伝子を検出した。当該患者は石川県外での滞在歴がなく県内での感染と考えられた。本県における日本紅斑熱の届出は本症例で2例目であったが、感染推定地域が石川県内である初の症例であった。

【症例3】日本紅斑熱（2020年6月）

60歳代の女性で発熱、発疹、肝機能障害、DICの症状があり、日本紅斑熱、つつが虫病を疑い検査依頼があった。当センターの検査で、血液から日本紅斑熱リケッチア遺伝子を検出した。当該患者も県外滞在歴がなく県内での感染と考えられた。

【症例4】日本脳炎（2020年10月）

60歳代の男性で発熱、頭痛、意識障害、脳神経麻痺の症状を認め、ペア血清での中和抗体の検出により日本脳炎と診断され届出された。当センター及び国立感染症研究所において髄液及び血清のPCR検査を行ったが、日本脳炎ウイルス遺伝子は検出されなかった。当センターでペア血清のHI抗体価を測定したところ陽転を確認した。また、国立感染症研究所の検査では、髄液及び血清のIgM抗体検出、ペア血清での中和抗体価の有意な上昇を確認した。当該患者は石川県外での滞在歴がなく県内での感染と考えられた。なお、本県での日本脳炎の届出は、2例の届出があった2007年以来、約13年ぶりであった。

6. ヒトスジシマカの北限拡大による近縁種への影響

碓井瑞菜¹・都野展子¹

¹金沢大学

ヒトスジシマカ (*Aedes albopictus*) は熱帯から温帯まで広くアジアに分布しているヤブカ属の 1 種である。古タイヤの世界的な貿易移動に伴って卵が輸送され、世界中に分布域が拡大した。現在、北米、ヨーロッパ、中南米などに分布が確認されている。世界でのヒトスジシマカは、侵入先の地域で在来近縁種に対して繁殖干渉の影響を与えており、ネッタシマカに取って替わった事例が報告されている。一方、日本でも地球温暖化による年最低気温の上昇に伴い、ヒトスジシマカ生息域の北限が拡大している。現在、青森県以南で分布が確認されている。日本でのヒトスジシマカにおいて、在来近縁種と完全に取って替わったという影響は知られていない。つまり日本では在来近縁種と共存することができている。ヒトスジシマカとその在来近縁種で日本全国に広く分布しているヤマダシマカ (*Ae. flavopictus*) を用いた先行研究において、交尾行動の観察が行われている。ヒトスジシマカオスに対して、沖縄や長崎系統のヤマダシマカメスでは交尾前隔離が生じている一方、金沢系統のヤマダシマカメスは交尾前隔離が生じていないことが示唆されている。そして金沢系統のヤマダシマカメスでは完全ではないものの交尾後隔離が成立していることが示されている。そこでヒトスジシマカの北限拡大の時間軸に沿って、各地の生殖隔離メカニズムが異なっているかを調べ、生殖隔離獲得までの経過や日本で 2 種が共存できる理由を探るため研究を行った。

まず、オスが優先的に同種メスに精子を受け渡すことができているかを確認するための実験 1 を仙台、金沢、長崎の系統で行った。2 種の未交尾メス 10 個体ずつと 1 種の未交尾オス 10 個体、計 30 個体を同じケージ (20×20×30 cm) 中に放虫し、2 日間、7 日間飼育した。その後、すべてのメス個体を回収解剖し、貯精囊中の精子の有無を明視野顕微鏡により確認した。次に、種内や種間での交尾行動の有無や時間を比較するための実験 2 を仙台の系統で行った。1 種の未交尾オス 10 個体が放されているケージ中に未交尾メス 1 個体を放し、メスの交尾行動を記録した。これを 1 ケージに対して 12 個体の試行を繰り返した。実験 1 の結果は、同種個体のみから、またはすべての同種個体と少数の異種個体から、貯精囊中に精子が確認された。実験 2 の結果は、種内交尾と種間交尾における交尾時間には違いがみられた。

これらの結果から、仙台系統のヒトスジシマカとヤマダシマカの間で、交尾前の生殖隔離メカニズムが存在している可能性が示された。

7. 寄生虫および衛生動物関連検査依頼の動向

所 正治

金沢大学医薬保健研究域医学系国際感染症制御学

新型コロナウイルス事態下においても、寄生虫・衛生動物関係の臨床検査依頼には大きな変動は認められず、例年のように春先から夏場にかけては日本海裂頭条虫症の確認依頼などがあり、また、トキソプラズマ脳炎疑いや先天性トキソプラズマ症疑いの症例、帰国者に認められた下痢症の原因となる寄生虫の探索、抗体検査キットの発売中止によって抗体検査が実施できなくなったアメーバ性肝膿瘍の確定診断のための PCR 検査依頼などが当教室に寄せられている。

近年の症例で珍しいものとして、この発表では、3 症例を取り上げる。

1) タバコシバンムシ糞便排出症例

小児の症例で、遺伝子解析によって種を同定できたものである。10 年前に報告した症例はジンサンシバンムシだった。イチジクを食していたとのことだが、果たして果樹にこの甲虫がたかっているものか。医動物の先生方にご意見を賜れば助かります。

2) 自由生活性アメーバ脳炎症例

病理の剖検が契機だったが、皮膚潰瘍を原発巣として脳に播種したことが疑われる自由生活性アメーバ脳炎の 1 例を分子同定により確定した。種はバラムチアと同定された。この種による潰瘍巣からの転移のパターンは文献的に海外から報告されている。自由生活性アメーバ類の偶発感染では、アcantアメーバ角膜炎の症例が圧倒的によく知られているが、皮膚科的に原因不明の潰瘍とされている症例の中に、このような自由生活性アメーバ類の感染が含まれるとすると、本症例のような脳への播種のリスクもあることから、正確な実態把握が望まれる。

3) リーシュマニア感染が疑われたが間違いだった症例など

骨髄穿刺液内のマクロファージに多数の顆粒状形態が認められたためにリーシュマニアが疑われた症例の相談があった。この症例は、画像をみると明らかにリーシュマニアではないのだが、このような顆粒状形態はとても紛らわしいため、発表で提示したい。このほかにも、寄生虫と紛らわしい各種形態などもご紹介したい。

海外渡航が制限されていることから、帰国者症例の激減が予想されているが、寄生虫感染は未だ国内でもまん延しており、的確な診断・治療の提供のための取り組みが不可欠である。また、形態のみでなく分子同定を活用することで、病理組織内に検出された様々な異物を的確に同定することができるようになり、これまで検出されることの無かった上記のような自由生活性の各種生物とともに、本来はヒト以外の生物を宿主とする寄生虫などのヒトへの偶発寄生なども検出・同定が可能となってきた。専門教室へのコンサルトによって活用されたい。

8. うっ滞性皮膚潰瘍に生じたハエ症症例と患者居住地周辺でのハエ発生状況調査結果

村上学¹、及川陽三郎¹、多賀史晃²、望月 隆²

¹金沢医科大学 医動物学、²金沢医科大学 皮膚科

石川県穴水町居住、85歳男性。うっ滞性皮膚炎で通院治療（弾性包帯の着用，痒みに対してはステロイド外用）。その間、潰瘍が生じては上皮化を繰り返していたが2020年8月に疼痛を伴った潰瘍が再燃し、受診した際に潰瘍部に虫体が確認された。

当教室に持ち込まれた虫体（3匹）は、白-黄白色、全長9-11mmで形態的特徴からハエ類の3齢幼虫と考えられた。そこで鑑別のために飼育・羽化させた成虫は形態的特徴からヒロズキンバエと判明した。

さらに、演者らは患者居住地域でのハエ発生状況調査を行い、患者居住地周辺ではクロバエ科の下記3種が採取された。

1. ヒロズキンバエ (*Lucilia sericata*)
2. ヒツジキンバエ (*Lucilia cuprina*)
3. ルリキンバエ (*Protophormia terraenovae*)

これら3種は主に一般家庭生ゴミ、畜舎、ゴミ処理場などで発生し、腐敗物に誘引され産卵する。飛翔侵入しサルモネラ菌、ポリオウイルス、赤痢アメーバ等、多種の病原菌を媒介する衛生上極めて重要な種類である。

衛生環境の整った現在においてもハエ症は生じうる疾患であり、高齢化社会の医療、介護現場では念頭におくべきである。また、昨今の新型コロナウイルス感染症(COVID-19)感染予防対策の一つとして室内換気の重要性があげられるが、終息することなく春季～夏季を迎えた場合、ドアや窓等の開放頻度が増加し、ハエ症の発生頻度が高まることが懸念される。

9. 石川県能登地区のイノシシから検出された寄生虫たち

松村 隆弘

(北陸大学 医療保健学部)

石川県では2010年以降、野生のイノシシによる農作物被害やヒト居住域への侵入が問題となっていた。加えて、野生であるイノシシは様々な感染症の媒介動物であるため、ヒトへの健康被害も危惧されている。そこで本学に着任した2017年より能登地区の食肉解体場に協力してもらいイノシシにおける人獣共通寄生虫感染症の調査を目的とし、多くの検体を収集している。今回は検体収集時にみられた蠕虫類を写真や動画で報告する。

検体は原則屠殺されてから2時間以内のイノシシの体内から糞便及び病変部を採取し、その日のうちに顕微鏡検査を実施した。

イノシシから検出された蠕虫類としては大平肺吸虫 (*Paragonimus oohira*)、肺虫 (*Metastrongylus* sp.)、糞線虫 (*Strongyloides* sp.)、回虫 (*Ascaris* sp.)、鞭虫 (*Trichuris* sp.)、ドロレス顎口虫 (*Gnathostoma doloresi*)、マンソン裂頭条虫 (*Spirometra* sp.) などが挙げられた。中でも人獣共通感染症を引き起こす蠕虫が見つかったことにより、野生動物がいる以上、ヒトへの感染リスクは高くないにしても一定のリスクを維持していくものと考えられた。

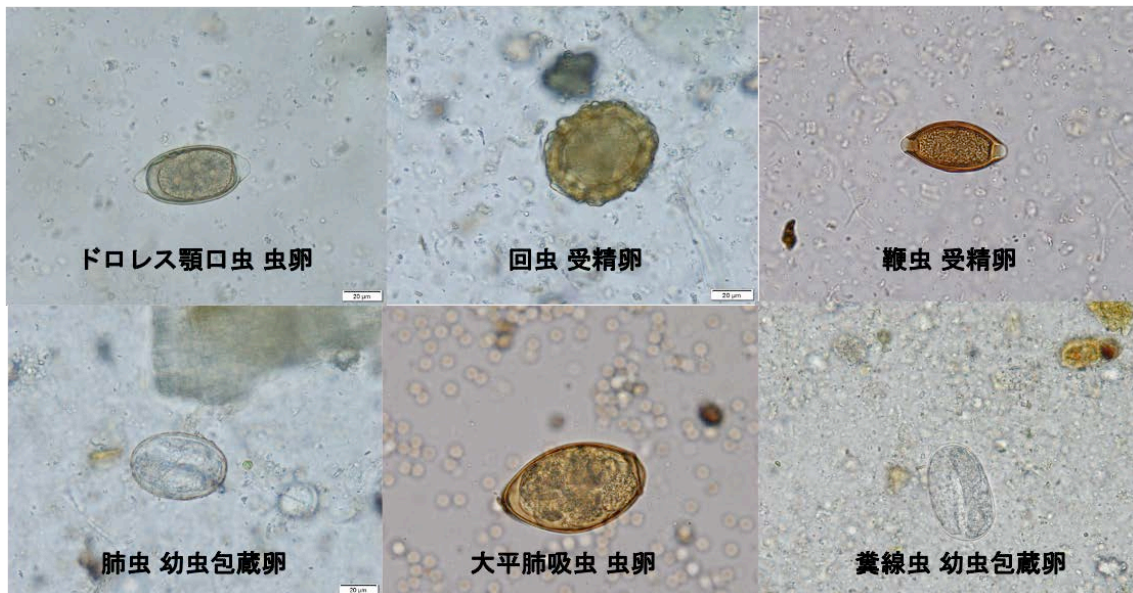


写真 イノシシ糞便から検出された虫卵

10. 金沢市の日本紅斑熱発生推定地におけるマダニ相の調査

及川陽三郎、村上 学（金沢医大・医動物）

金沢市では、2019 および 2020 年に日本紅斑熱（JSF）の発生が 1 例ずつあった。JSF はマダニによって媒介されるリケッチア感染症であることから、演者らは、これらの患者がマダニの刺咬を受けた地域 A・B を推定して 2020 年 8 月よりマダニ相の調査を開始した。

2020 年の調査では、A 地点で、ヤマアラシチマダニ（Hh）など、JSF の流行地で JSF リケッチアの保有率が高いとされるマダニ種が採集されたことをすでに報告した。今回、2021 年には、B 地点に調査地を移したところ、Hh の成虫のほか若虫も多数採集され、JSF の主要なベクターが同地域に定着している可能性が高まった。また同時に、シカに寄生していることが多いヒゲナガチマダニ（Hk）の若虫も採集されたことから、この地域には、JSF リケッチアの主要な保菌動物とされるシカが侵入したものと思われた。

数年前より、石川県では、イノシシの被害が増え、それに伴いタイワンカクマダニやタカサゴキララマダニなどの大型のマダニおよび Hh の成虫が野外で採集されるようになったことを、われわれはこれまで報告してきた。今回、Hk が採集されたことから、シカの行動圏がヒトの生活圏とかなり接近して来ており、Hh の生息とあいまって、JSF 流行の危険性がこの地域で高まっているものと思われた。