

第43回北陸病害動物研究会

プログラム



会期：2026年7月11日（土）

会場：金沢医科大学 医学教育棟 4階 E41号室

第 43 回北陸病害動物研究会

ご挨拶

今年、国内ではマダニが媒介するウイルス感染症「SFTS（重症熱性血小板減少症候群）」の報告数が全国で 83 人に達し（2026 年 7 月 6 日現在）、過去最多ペースだった昨年をさらに上回る異例の増加傾向にあります。また、世界的には齧歯類が媒介するハンタウイルス感染症が大西洋を航行中のクルーズ船で集団発生し、死者が出ています。これらの感染症は野生動物が媒介し、発生や流行状況の把握や予測が少しでも被害を軽減するには常日頃からの調査・研究が大切です。本研究会は寄生虫や衛生動物などを幅広く対象とし、行政、民間企業および教育機関の研究者が幅広く集まり、情報交換や人的交流を図る機会として 1982 年より開催されています。今回も病害動物に関する皆様の研究や対策の一助となることを期待して開催いたします。

2026 年 7 月 11 日

第 43 回北陸病害動物研究会

当番幹事 村上 学

開催要項

日 時：2026 年 7 月 11 日（土曜日） 13：00～

会 場：金沢医科大学 医学教育棟 4 階 E41 号室

お車で来校の方は正面出入り口（守衛室があります）から入校していただき別図（校内 Map）に従い駐車してください。（守衛には研究会参加とお伝えください）

参加費：500 円（学生は無料）

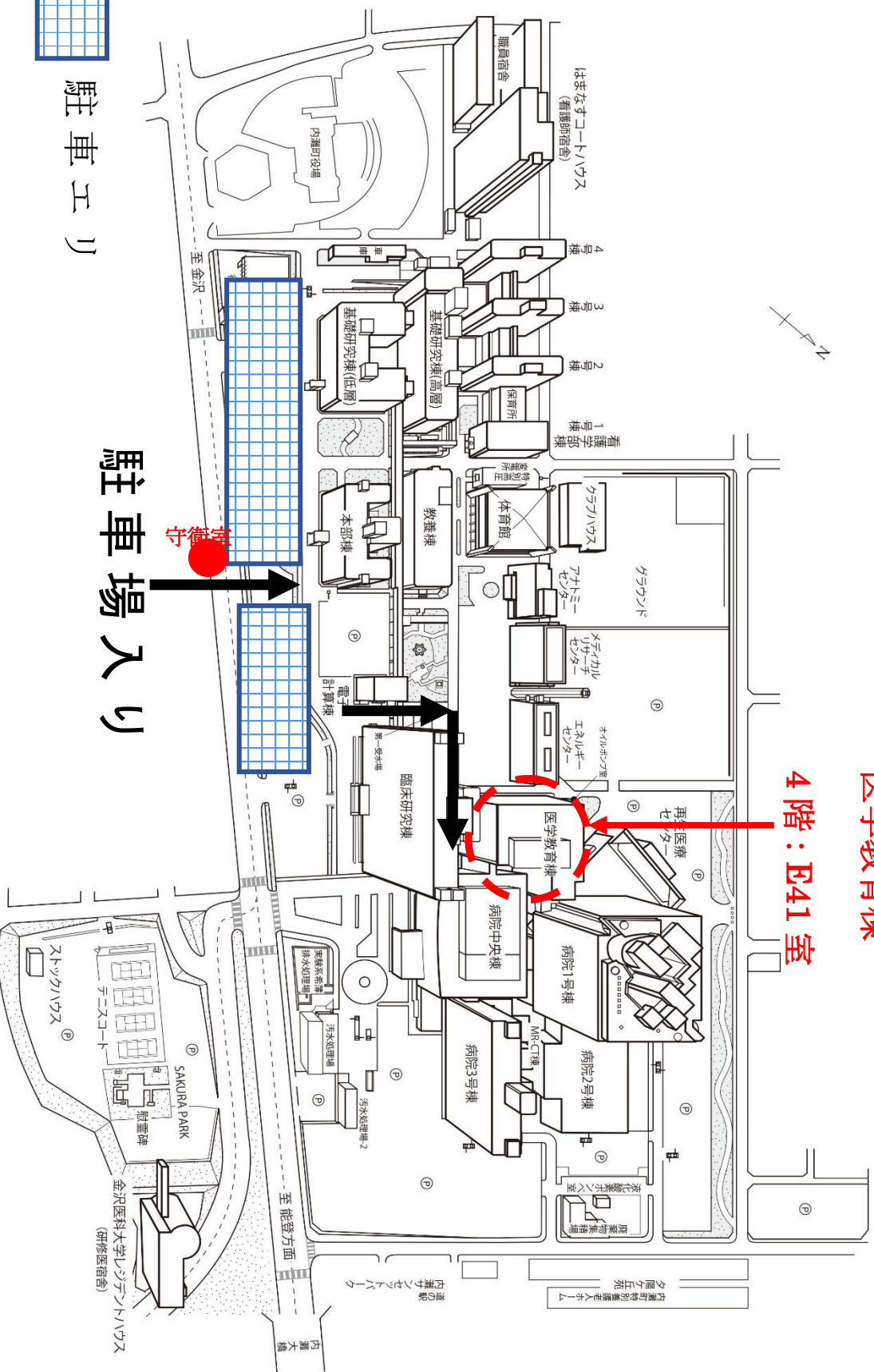
発 表：Windows パソコンを準備しています。Microsoft PowerPoint でプレゼンテーションファイルを作製し USB メモリか CD-R でお持ちください。

Mac を使用希望の場合は PC 本体と HDMI 接続ができるように変換アダプターをお持込ください。口演中の操作はご自身でお願いします。口演時間は質疑を含め 15 分でお願いいたします。（目安として口演 12 分、質疑応答 3 分）



キャンパス案内図 医学教育棟

4階：B41室



プログラム

- 12 : 30～ 受付開始
- 13 : 00～13 : 05 当番幹事挨拶
- 13 : 05～14 : 05 特別講演 座長 及川 陽三郎
- 13 : 05～13 : 35 「白山系を中心としたマダニの分布相および *Rickettsia honei* の伝播経路の考察」
石畝 史 1・坂井伸成 2・高田伸弘 3
1 福井県立看護専門学校, 2 福井県衛生環境研究センター, 3 福井大・医および福井医療大)
- 13 : 35～14 : 05 「近年の調査研究課題と 2, 3 の結果の紹介」
渡辺 護
国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所 昆虫医科学部
- 14 : 05-14 : 15 休憩
- 14 : 15～15 : 15 一般演題 座長 望月 恒太
- 14 : 15～14 : 30 「The Burden of Malaria in Tanzania」
Mbwambo Ruth Boniface
Department of Global Infectious Diseases Graduate School of
Medical Sciences, Kanazawa University, Japan
- 14 : 30～14 : 45 「DNA-based identification of tapeworms for improving laboratory diagnosis」
Hairul afzan
Department of Global Infectious Diseases, Graduate School of
Medical Sciences, Kanazawa University, Japan
- 14 : 45～15 : 00 「次世代シーケンサー解析による寄生虫メタバーコーディングの現状」
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
- 15 : 00～15 : 15 「寄生虫かるた」の販売軌跡と普及要因に関する考察
松村隆弘
北陸大学 医療保健学部 医療技術学科
- 15 : 15～15 : 25 休憩

- 15 : 25～16 : 25 一般演題 座長 村上 学
- 15 : 25～15 : 40 「北陸地方の蚊相について」
上村 清 1, 岩田朋文 2
1. 富山大・医・疫学健康政策学, 2. 富山市科博
- 15 : 40～15 : 55 「マダニ幼若虫が蔓延る中で小さな野鼠が大型種マダニを育んだり」
高田伸弘 1・石畝 史 2・坂井伸成 3・小峰浩隆 4・及川陽三郎 5
1 福井大・医および福井医療大, 2 福井県看護専門学校,
3 福井県衛環研, 4 山形大・農, 5 金沢医大
- 15 : 55～16 : 10 「自然環境下における齧歯類の炎症関連遺伝子発現と腸内細菌叢の相関解析」
望月恒太 1, 簡君宇 2, 水野哲志 3, 所正治 3, 松村隆弘 4, 及川陽三郎 1,
村上学 1
1 金沢医科大学医動物学, 2 長崎大学熱帯医学研究所免疫病態制御分野,
3 金沢大学医薬保健研究域医学系国際感染症制御学,
4 北陸大学医療保健学部医療技術学科
- 16 : 10～16 : 25 「2024 年能登半島地震被災地（石川県河北郡西荒屋地区）の蚊相変化」
村上 学, 及川 陽三郎, 望月 恒太
金沢医科大学 医動物学
- 16 : 25～16 : 40 総合討論と閉会挨拶

特別講演

白山系を中心としたマダニの分布相および *Rickettsia honei* の伝播経路の考察

石畝 史¹・坂井伸成²・高田伸弘³（¹福井県立看護専門学校，²福井県衛生環境研究センター，³福井大・医および福井医療大）

白山系を中心としたライム病媒介種のシュルツェマダニ（Ip）を中心とした 2023～2025 年のマダニの調査成績を、2019～2022 年のそれと比較検討した。

2023～2025 年の 3 年間を通してみると Ip は 10 地点すべての地点で採集できたものの、標高約 1,200～1,300m で採集できなかった時や 1,300m 以上でも採集できなかった時が各 5 地点であった。標高別の成虫と若虫の合計の種構成は 1,200～1,500m は Ip が 13.4%、ヒトツトゲマダニ（Im）が 18.3%、ヤマトマダニ（Io）が 53.0%および *Haemaphysalis* 属が 13.5%などであった。1,500 m 以上では Ip が 50.8%、Im が 0.8% および Io が 47.5%であった。2019～2022 年の成績と比べると 1,200～1,500m では Ip は 10.0%、Im は 3.4%それぞれ減少、Io は 11.3%増加したのに対し、1,500m 以上では逆に Ip は 12.0%増加、Io は 9.6%減少した。

従来は中部山地における Ip の生息域の目安は 1,200m 以上であったが、今回は 1,200～1,300m でも採れぬ地点があり、種構成を 2019～2022 年と比べても 1,500m 以上では Ip の分が 12.0%増加するなど、その生息域がより高標高にシフトする傾向が見て取れた。これも地球温暖化の証左の一つと思える。

2024 年から福井県内のマダニから紅斑熱群リケッチア（SFGR）遺伝子の検索を試みている中、タイなど東南アジアで病原性が確認されている *Rickettsia honei*（Rh）の遺伝子が、2024 年の大野市飯降山のキチマダニ（Hf）から検出された。沖縄本島のミナミネズミマダニ（Ig）から Rh かその近縁種の分離報告（2005、藤田）などがある。そこで、伝播経路等について考察を試みた。

マダニの採集成績は 5 月は Hf、フタトゲチマダニ（H1）、タカサゴキララマダニ（At）およびヤマアラシチマダニ（Hh）など 9 種で合計すると成虫 24、若虫 65、幼虫 10 個体およびクラスター（幼虫塊）1、6 月は 5 種で成虫 10、若虫 9 個体およびクラスター 2、9 月は 3 種で若虫 5 個体、クラスター 21 であった。このうち、5 月と 9 月の個体について、成虫は 1 個体 1 検体、若虫および幼虫は 5 個体程度を 1 検体として遺伝子検査に供した。検体数は成虫 5（H12、Hh1、At2）、若虫 5（H13、At2）、幼虫 2（At2）およびクラスター 21（H113、Hf8）の計 33 検体であった。SFGR 遺伝子が検出されたのは 4 検体で、解析の結果 9 月の Hf のクラスター 1 検体が Rh と同定された。

2023 年および 2024 年 5～6 月の福井県に、東南アジア等からキビタキ、クロツグミなど約 10 種類の夏鳥が飛来しているものの、日本で唯一 Ig 寄生記録があるアカコッコの飛来は確認されていない。また、Ig 個体も日本海側では未確認である。Rh が渡り鳥自身あるいは寄生マダニによって東南アジアそして南西諸島を経由して、福井県に伝播された可能性もあると思われ、これも温暖化と関係あるものか否かを含めて、その病原性や動向に留意すべきと思われた。

近年の調査研究課題と 2, 3 の結果の紹介

渡辺 護

国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所 昆虫医科学部

私の調査研究課題は年の経過に伴い、色々と変化してきたが、この衛生昆虫の世界に入った時(1966 年)から続いているのは①アブ科のアブの分類と生態、②蚊の発生調査、とくにコガタアカイエカと地震被災地など、③1988 年からは家屋侵入性カメムシの生態と駆除、にエネルギーを注いで来ました。

近年は老齢(82 歳)になったのと、感染研の予算の縮小に伴い、調査研究課題は減少した。そのような状況の中で現在も続けている以下の 3 題の調査研究課題について、最近の結果について紹介する。

1. 「2011 年東日本大震災、2016 年熊本地震、2024 年能登半島地震の被災地における蚊の発生状況の相違について」; 東日本大震災被災地ではアカイエカ、熊本地震ではヒトスジシマカ、能登半島地震の輪島ではアカイエカ、珠洲ではコガタアカイエカの発生が多く、被災地によって主発生種と種類構成が異なった。
2. 「富山県におけるクサギカメムシの越冬飛来数の年次変動」; 飛来が多い年と少ない年があり、その解析を行い 2 齢幼虫の分散期に強風に見舞われると飛来数が少なくなることが明らかになった。
3. 「2024 年能登半島地震で隆起した海岸に現れた海蝕甌穴におけるトウゴウヤブカの発生状況」; 全く新しく現われた溜水環境に、素早く反応するトウゴウヤブカの分布拡大を明らかにした。

The Burden of Malaria in Tanzania

Mbwambo Ruth Boniface

Department of Global Infectious Diseases

Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa University, Japan

Tanzania is among the most populous countries in Sub-Saharan Africa, with a population of more than 61 million people according to the 2022 Population and Housing Census. The country is bordered by Kenya and Uganda to the north; Rwanda, Burundi, and the Democratic Republic of the Congo to the west; Zambia, Malawi, and Mozambique to the south; and the Indian Ocean to the east. Tanzania's tropical climate and diverse ecological settings create favorable conditions for the transmission of infectious diseases, particularly vector-borne diseases such as malaria.

Despite substantial progress in strengthening the healthcare system and implementing malaria control interventions, malaria remains one of the leading causes of morbidity and mortality in Tanzania. According to the 2025 World Health Organization (WHO) World Malaria Report, Tanzania accounts for approximately 3.3% of global malaria cases and 4.3% of malaria-related deaths. The burden of malaria varies considerably across different regions due to differences in climate, altitude, rainfall patterns, mosquito vector distribution, and access to healthcare services. These factors provide favorable breeding conditions for malaria vectors, particularly *Anopheles gambiae*, one of the most efficient malaria-transmitting mosquitoes, and support the transmission of *Plasmodium falciparum*, the parasite responsible for the majority of severe malaria cases and deaths.

This presentation provides an overview of the current malaria burden in Tanzania, including its geographical distribution, prevalence, and the factors contributing to disease transmission. It also highlights the Tanzanian government's efforts to control and prevent malaria, while discussing the challenges associated with implementing and sustaining malaria control interventions.

Keywords; Tanzania, Malaria burden, *Plasmodium falciparum*, *Anopheles gambiae*, Malaria control intervention

DNA-based identification of tapeworms for improving laboratory diagnosis

Hairul afzan

Department of Global Infectious Diseases, Graduate School of Medical Sciences, Kanazawa University, Japan

Tapeworm infections remain an important public health concern worldwide, requiring accurate laboratory diagnosis to ensure appropriate clinical management. Conventional microscopic examination provides valuable information on parasite morphology but may not always allow reliable species-level identification because of morphological similarities among tapeworm species. Therefore, DNA-based molecular techniques have become valuable tools for accurate parasite identification.

This report presents the research activities conducted during my research period, focusing on the identification of tapeworms from clinical samples. Laboratory procedures included morphological examination of parasite specimens, DNA extraction, polymerase chain reaction (PCR) amplification, gel electrophoresis, DNA sequencing, and molecular sequence analysis. Morphological observations were used as the initial step to characterize parasite specimens, while molecular analyses were performed to confirm species identification with greater accuracy. Accurate parasite identification provides clinicians with reliable laboratory evidence to support the diagnosis of parasitic diseases and enables the selection of the most appropriate antiparasitic treatment based on the identified species. In addition, these laboratory approaches contribute to improved epidemiological surveillance and a better understanding of the distribution and transmission of tapeworm infections.

This presentation provides an overview of the laboratory methods used for morphological and molecular identification of tapeworms, highlights their importance in clinical diagnosis, and discusses their contribution to improving patient management and public health.

Keywords: Tapeworms, molecular identification, PCR, DNA sequencing

次世代シーケンサー解析による寄生虫メタバーコーディングの現状

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

寄生虫の分子検出は、主として、種特異的プライマーを用いた PCR、リアルタイム PCR スクリーニングとサンガーシーケンスにより実施されてきた。これらの方法は、対象とする寄生虫種が明確である場合には高い検出感度と特異性を示す一方、想定外の感染、あるいは複数種の混合感染を評価するには限界がある。一方、ユニバーサルプライマーを用いた PCR にアンプリコンメタバーコーディングを組み合わせた次世代シーケンサー（NGS）による解析は、腸内細菌叢解析を中心に、委託解析として広く活用され、真核生物を対象としたメタバーコーディング解析サービスも存在するが、寄生虫の多くの種は、一般的に使用される 18S rRNA 遺伝子領域のユニバーサルプライマーでは十分にカバーされておらず、実質、使いものにならない。

この課題を解決するため、当教室では、ヒト寄生性の蠕虫および原虫を幅広くターゲットとした新規ユニバーサルプライマーの設計と、アノテーションパイプラインで用いる独自リファレンスデータベースの構築を進めている。具体的には、病原性および非病原性の原虫、蠕虫を含む真核生物の 18S rRNA 遺伝子および ITS 領域のレファレンス配列を収集し、系統分類学的に整理したデータベースを構築している。これにより、既存の真核生物データベースでは分類情報が不十分であった寄生虫群についても、属、種、さらには遺伝子型レベルでのアノテーション精度を高めることが可能となる。また、これらの参照配列を用いて、原虫および蠕虫の主要分類群を幅広く増幅可能な 18S rRNA 遺伝子領域を探索し、新規プライマー候補を設計している。単一のプライマーセットで十分にカバーできない分類群については、複数のプライマーを組み合わせたマルチプレックス PCR 化も視野に入れ、基本的には既知のすべての属の寄生虫をカバーする解析系を目指している。

本解析系が確立されれば、臨床検査における寄生虫診断では、標準法として活用が可能である。さらに、本法は寄生虫まん延地域における分子疫学調査にも有用である。従来、多数検体を対象とした網羅的寄生虫分子スクリーニングには、膨大な時間、労力、費用を要していた。NGS メタバーコーディング解析では、多数の検体を同時に処理し、検体中に含まれる寄生虫相を包括的に評価できるため、地域内での寄生虫分布、混合感染の状況、宿主間あるいは地域間の差異を効率的に解析することが可能となる。

本発表では、現在、当教室で進行中の本プロジェクトについて、現在の進行状況を紹介し、ディスカッションする。

「寄生虫かるた」の販売軌跡と普及要因に関する考察

松村隆弘

(北陸大学 医療保健学部 医療技術学科)

【はじめに】

2023年8月の「寄生虫かるた」発売から3年が経過した。本かるたは実際の寄生虫の形態（写真）を識別できなければ札を取れない仕様であり、高度な専門知識を要する教育ツールである。しかしながら、これまでに初版および改訂版を合わせ計3,550個が完売し、想定を大きく上回る実績を記録している。世間一般的には忌み嫌われることの多い寄生虫であるが、なぜ本かるたはこれほどの需要を獲得できたのか。本発表では、SNSや各種メディアでの反響と販売数の推移を客観的に関連づけ、購買行動を促進する要因について考察した。

【方法】

各販売チャネル（対面販売、目黒寄生虫館実店舗および同オンラインショップ、メルカリショップ等）における月別の販売数を算出した。また、SNS「X」にて「寄生虫かるた」「寄生虫カルタ」を検索し、投稿数および表示回数を算出して販売数との関連を比較検討した。さらに、SNS以外のメディア露出についても適宜分析に加えた。

【結果・考察】

販売当初のSNS関連投稿は11件、表示回数は45,860回に上り、中でも目黒寄生虫館での購入を示唆する内容が多く見られた。現在、SNSでの投稿数は減少しているものの、長期休暇の時期に増加する傾向が認められる。これは、観光目的での来館者が土産として購入していることを示唆している。また、メディア掲載時にもSNS上での反応の増加が確認された。販売総数は1年目1,583個、2年目1,254個、3年目904個であった。このうち目黒寄生虫館関連の販売数は1年目1,255個、2年目1,050個、3年目777個と、全体の約8割を占めている。近年の一般的な製品のプロダクト・ライフサイクル（導入期・成長期・成熟期・衰退期）が短期化する中、本かるたは一定の販売数を長期にわたり維持している。導入期にはSNSによる口コミが販売を促進したが、投稿数が減少した現在でも販売数が安定していることから、目黒寄生虫館における定番の土産物として定着している可能性が高い。一方で、対面販売においては研修会や学会等での販売機会を通じて、臨床検査技師や医師といった医療従事者が主な購入層となっている。従って、本かるたの需要は「教育ツール」としての購入と、「土産物」としての購入の二極化が生じていると推測される。専門性の高いニッチな教材であっても、ターゲット層の動線を考慮した適切なチャネル設計を行うことで、長期的なプロダクト・ライフサイクルを維持できる可能性が示唆された。

北陸地方の蚊相について

○上村 清（富山大・医・疫学健康政策学）、岩田朋文（富山市科博）

- ・ 上村・岩田（2024）は、1961～2000年に日本各地で採集した蚊類幼虫113種の種別採集記録をまとめたが、今回、それらの北陸地方から記録された34種に、LaCasse and Yamaguti (1950)、玉鉾良三(1951)や渡辺 護ら(2024)などの報告を加え、北陸三県の蚊43種の蚊相を報告する。演者らが記録できなかった希少種は、コガタキンイロヤブカ、セスジヤブカ、イナトミシオカ、セジロイエカ、フトシマフサカ、キンイロヌマカ、アシマダラヌマカ、ハマダラナガスネカ、ヤンバルギンモンカの9種。
- ・ 北方系（日華区系と旧北区系）の蚊17種：チョウセンハマダラカ、オオモリハマダラカ、エセシナハマダラカ、エゾヤブカ、キンイロヤブカ、コバヤシヤブカ、エセチョウセンヤブカ、コガタキンイロヤブカ、セスジヤブカ、ハクサンヤブカ、ブナノキヤブカ、ヤマダシマカ、ミスジシマカ、イナトミシオカ、ハマダライエカ、アカイエカ群、トワダオオカ。
- ・ 南方系（東洋区系）の蚊26種：ヤマトハマダラカ、シナハマダラカ群、ハトリヤブカ、シロカタヤブカ、ヤマトヤブカ、ヒトスジシマカ、トウゴウヤブカ、オオクロヤブカ、ミナミハマダライエカ、シロハシイエカ、コガタイエカ、セジロイエカ、キョウトクシヒゲカ、ヤマトクシヒゲカ、コガタクロウスカ、アカツノフサカ、フトシマツノフサカ、カラツイエカ、ミツホシイエカ、トラフカクイカ、キンイロヌマカ、アシマダラヌマカ、ハマダラナガスネカ、ヤンバルギンモンカ、キンバラナガハシカ、フタクロホシチビカ。
- ・ これら北陸地方の蚊は、間氷期となって、主に8-4千年前の縄文時代に北方や南方から侵入してきたと考えられる。

マダニ幼若虫が蔓延る中で小さな野鼠が大型種マダニを育んだり

高田伸弘¹・石畝 史²・坂井伸成³・小峰浩隆⁴・及川陽三郎⁵

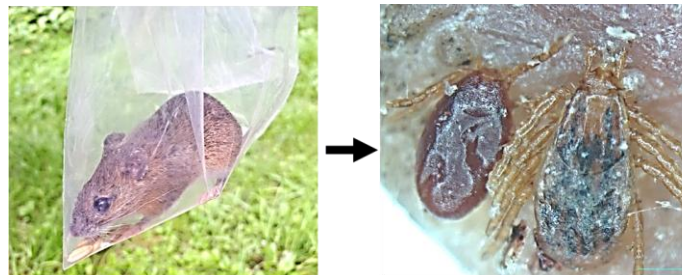
(¹福井大・医および福井医療大, ²福井県看護専門学校, ³福井県衛環研, ⁴山形大・農, ⁵金沢医大)

一般にマダニを採集する場合は、成虫が採れてなんぼ、採れて良かったなどと思うものであるが、一方で幼若虫がごそっと採れると後処理が面倒だと思いがちである。しかし、今回の教育講演にもある通り、予想外の珍奇な病原体を幼虫クラスターから検出できて貴重な成果となることがある。

実際、成虫はパラパラと採れるだけで密度は高いとは見えないことはしばしばであるが、それに対して夏以降に採れ易いクラスターは雌成虫1個体当たり数百～数千で産下される幼虫の塊なので、それらが発育した若虫まで含めると下草には非常に多くの幼若虫が存在しており、眼で見え難いだけである。

他方、そうした幼若虫は種にもよるが地面を徘徊する野鼠類を宿主として寄生吸血する、言い換えると、小さな野鼠こそが供血源となって時に大きなマダニ種、例えばカクマダニ属の幼若虫を育むと言うわけである（付図）。

今回は、そうした幼若虫、とくに幼虫クラスターがどれほど自然界に蔓延っているものか、またそれらが野鼠類に寄生する実際の調査記録を、福井県と石川県を中心に紹介する。



付図 アカネズミ（左）に寄生吸血するベルルスカクマダニ（左が幼虫、右が若虫）

自然環境下における齧歯類の炎症関連遺伝子発現と腸内細菌叢の相関解析

望月恒太¹, 簡君宇², 水野哲志³, 所正治³, 松村隆弘⁴, 及川陽三郎¹, 村上学¹

(¹ 金沢医科大学医動物学,

² 長崎大学熱帯医学研究所免疫病態制御分野,

³ 金沢大学医薬保健研究域医学系国際感染症制御学,

⁴ 北陸大学医療保健学部医療技術学科)

【はじめに】

全身の炎症関連遺伝子の発現は、腸内微生物叢と密接な関連があることが知られている。これまで実験環境下における研究報告は数多くなされてきたものの、自然環境下に生息する野生動物を対象にした報告は限られている。そこで、本研究では、石川県内の異なる環境下で捕獲されたアカネズミを対象に、脾臓の RNA-seq による網羅的遺伝子発現解析を行った。さらに、細菌 16S rRNA 遺伝子を標的とした次世代シーケンス (NGS) 解析により各サンプルの腸内細菌叢を解析し、特定の炎症関連遺伝子との相関解析を評価したので報告する。

【方法】

2025 年に加賀地方 (かほく市、金沢市、小松市) と能登地方 (宝達志水町、穴水町) でシャーマントラップによりアカネズミを捕獲した。捕獲個体の脾臓および大腸から採取した糞便の顕微鏡観察および核酸を抽出し、それぞれ、RNA-seq 解析、16S rRNA アンプリコンシーケンス解析を行った。RNA-seq 解析においては、得られた発現量 (TPM 値) に対して遺伝子アノテーションを行い、各サンプルの ssGSEA スコアを算出した。また、QIIME2 によりプロファイリングした腸内細菌叢のデータと脾臓の炎症シグナル遺伝子発現との関連性について、Spearman 相関検定を行った。

【結果・考察】

炎症関連遺伝子発現と個別菌との相関解析では、NF- κ B 関連遺伝子群との相関パターンは同一分類群内でも一様ではなく、例えば、Lachnospiraceae を含む近縁分類群においても正相関および負相関を示す菌が認められた。また、SCFA 産生菌として知られる菌群において、*Butyribacter* は正相関を示した一方、*Blautia* は負相関を示しており、宿主炎症応答との関連は分類学的近縁性のみでは説明できない可能性が示唆された。さらに、糞便中には、蠕虫卵、腸トリコモナスやジアルジア原虫が認められたことから、これら腸内寄生生物が細菌叢および宿主炎症応答に及ぼす影響についても、今後解析を進める必要がある。

2024年能登半島地震被災地（石川県河北郡西荒屋地区）の蚊相変化

村上 学、及川 陽三郎、望月 恒太
金沢医科大学 医動物学

【はじめに】

令和6年能登半島地震は2024年1月1日16時10分に能登半島地下16kmで発生した内陸地殻内地震でM7.6（輪島市，羽咋郡志賀町で震度7）の地震である．死者・行方不明者は732名（災害関連死504名）となっている（2026年5月1日現在）．建物被害は石川県を中心に全壊、半壊，一部損壊を合わせて20万棟を超える被害が確認されている．演者らの大学周辺（主に西荒屋地区，震度5弱）では大規模な液状化現象により建物やインフラ等に大きな被害が発生した．

演者らは震災前からこの地域周辺で蚊発生状況を調査しており，本発表では震災前後での採集される種類や数の変化を報告する．

【調査地と方法】

石川県かほく市内日角「ふるかわ公園付近」でCDC型トラップ512（電球は取外す）＋ドライアイス1 kgを6月～10月に週1回，夕方5～7時に設置し翌朝8～10時に回収した．

【結果と考察】

本採集地では2010年から蚊発生状況調査を行っており，震災前と震災後の蚊採集数と蚊相の差異を比較したところ，震災前には全く採集されなかったシナハマダラカ（*Anopheles sinensis*），キンイロヌマカ（*Mansonia (Coquillettidia) ochracea*）およびキンパラナガハシカ（*Tripteroides bambusa*）が震災後に採集されるようになった．また，カラツイエカ（*Culex bitaeniorhynchus*）の採集数に顕著な増加が確認された．

これらは，震災により地形，植生等の環境的要因に急激で大規模な変化が起こったことと，農地での地割れや土砂流入等により休耕や作付け断念による営農中断による農薬等の散布状況変化が重なり，該当地域で採取される蚊の種類に変化が起きている可能性が高いと考えられる．2026年度も蚊発生状況調査を継続し，上記に挙げた4種の発生場所等を調査中である．