岩手県のシロサケに寄生する*Anisakis simplex* sensu strictoの分子系統解析

〇神　さくら1）、尾針　由真 1）、塚越　英晴2）、板垣　匡1）1）岩手大・獣医寄生虫、２）岩手大・三陸水産研究センター） Molecular analysis of *Anisakis* *simplex* sensu stricto in chum salmons in Iwate, Japan. Jin, S., Ohari, Y., Tsukagoshi, H. and Itagaki, T.

アニサキス症は日本では主に*Anisakis*属と*Pseudoterranova*属の幼虫が原因となり、様々な地域や魚種でその寄生状況が明らかにされている。一方、岩手県は本州一の鮭の漁獲量を誇るが、そのアニサキス幼虫寄生状況についての情報はほとんどない。そこで本研究では、岩手県の河川に遡上するシロサケのアニサキス寄生状況を調査するとともに、その分子学的種同定および系統関係の解析を行った。2016年～2018年の10～12月に岩手県の3河川より捕獲したシロサケを解剖し、内臓、背側筋、腹側筋に分けた後、内臓表面は肉眼により、筋肉は圧平法によりアニサキス幼虫を検査した。最大10虫体/サケをランダムに選び、343虫体について頭部と尾部を切除して形態を確認した後、残りの虫体中央部より全DNAを抽出した。ITS1-5.8S-ITS2領域のDNAをPCR-RFLP法により解析し、種同定を行った。またミトコンドリアの*cox2*領域の塩基配列をPCR-ダイレクトシーケンス法により決定し、分子系統学的解析を行った。シロサケ47頭全てでアニサキス幼虫の寄生が確認され（1～184虫体/サケ、平均寄生数25.3）、その大部分は筋肉内から検出された。解析された虫体は形態学的に全て*Anisakis* Ⅰ型幼虫と同定され、PCR-RFLP法で全て*Anisakis simplex* sensu strictoと同定された。*A. simplex* s. s.の*cox2*領域では212のハプロタイプが識別されたが、分子系統学的解析によって明瞭な遺伝学的構造は確認されなかった。岩手県のシロサケが回遊すると考えられている海域においては、中間宿主である魚介類や終宿主であるクジラ類の移動により、*A. simplex* s.s.の遺伝的多様性は極めて高いと考えられた。