# 栃木県におけるダニ媒介感染症実態調査

微生物部
若林　勇輝　　関川　麻実　　渡邉　裕子
齋藤　明日美[1]　鈴木　尚子[2]　人見　美子
（[1]現食肉衛生検査所、[2]現医薬・生活衛生課）

要旨
近年、ダニ類が媒介する感染症（以下「ダニ媒介感染症」）は拡大傾向にあることから、栃木県におけるマダニの生息状況及び病原体保有状況を把握するため実態調査を実施した結果、県内数カ所の地域から 546 匹のマダニを採取した。これらについて病原体保有状況を確認したところ、重症熱性血小板減少症候群ウイルス（SFTSV）及び日本紅斑熱原因病原体（*Rickettsia japonica*）は検出されなかった。一方、17 検体から病原性が特定されていない紅斑熱群リケッチアが検出された。今回の調査では、県内におけるダニ媒介感染症の感染リスクを直接的に示す証拠は得られなかったものの、感染地域の拡大が報告されていることから、今後も継続的なサーベイランスの実施と分子疫学的解析による監視体制の強化が重要である。
キーワード：マダニ、紅斑熱群リケッチア、SFTS

## 1 緒言

ダニ媒介感染症には、つつが虫病[1)]、日本紅斑熱[2)3)]、重症熱性血小板減少症候群(SFTS)[4)]などがある。特に、SFTS は発熱、全身倦怠感、消化器症状を主症状とし、重篤化して死亡に至る場合もあり、致死率も 20-30%と高く公衆衛生上重要な感染症である。国内では 2012 年に初めて患者が報告されて以降、西日本を中心に発生していたが、近年は東日本へも拡大している。患者報告数は 133 例（2023 年）、120 例（2024 年）、191 例（2025 年）と推移しており、増加傾向が認められる[5)]。本県では、これまでダニ媒介感染症として主につつが虫病が散発的に報告されていたが、2025 年 8 月に県内初となる SFTS 患者が確認され、さらに同年 9 月には 2 例目の患者が確認された[5)]。また、2025 年は他自治体においても初発事例の報告が相次いでおり、ダニ媒介感染症の発生地域が拡大していることが示唆されている。このような状況を踏まえ、本県におけるダニ媒介感染症のリスク評価を目的として、県内数カ所において、マダニの生息状況及び病原体保有状況の調査を実施した。

## 2 研究方法

### 1-1　実態調査にかかる材料

フランネル布（0.9 m×1 m）を用いた旗ずり法によりマダニを採取し、植生マダニとした。採取場所については、マダニの長距離移動がシカやイノシシ等の野生動物を介して生じる事を考慮し生息地域を参考に県内全域を網羅できるよう選定した。また、ヒトのマダニ対策への一助にするため、ヒトの立ち入りが比較的多い場所を中心に選定した。採取時期は、2016～2018 年及び 2024～2025 年、採取人数は 2～3 名、採取時間は採取面積に応じて 1～2 時間とした。また、県内で保護、捕獲もしくは駆除されたイヌ、ネコ、ニホンジカを吸血していたマダニを採取し、動物吸血マダニとした。

### 2-1　材料からの DNA、RNA 抽出

採取したマダニは採取後数日以内に形態学的同定を実施後、マダニ種ごとに成虫、若ダニは 1 匹ずつ、幼ダニは 10 匹を目安にプールして 1 検体とした。形態学的同定が困難であった場合、Takano らの方法[6)]により遺伝学的にマダニ種を特定した。検体は遺伝子抽出を行うまで-80℃で保存した。マダニを 70%エタノール及び滅菌 PBS で洗浄し、バイオマッシャーⅡ（Nippi, Tokyo, Japan）で粉砕し、Allprep DNA/RNA Mini Kit（QIAGEN, Hilden, German）により RNA、DNA を同時に抽出した。

### 2-2　病原体スクリーニング

SFTS、紅斑熱群リケッチアを対象とした PCR を実施した。反応に用いたプライマーを表 1 に示す。PCR 反応には SuperScript™ III Platinum™ One-Step qRT-PCR Kit（ThemoFisherScientific）及び TaKaRa Ex Taq®（Takara Bio, Shiga, Japan）を用いた。

### 2-3　病原体塩基配列決定及び種同定

2-2 にて検出された DNA は、ダイレクトシークエンス法により増幅産物の塩基配列を解析した。決定した塩基配列は、NCBI の BLAST（https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi）による相同性検索によりウイルスの同定を行い、

表１　反応に用いたプライマー一覧

| 対象 | Target gene | Primer | Sequence(5'-3') | reference |
|---|---|---|---|---|
| マダニ種同定 | 16S ribosomal RNA gene | mt-rrs1 | CTGCTCAATGATTTTTTAAATTGCTGTGG | Takano et al.[6] |
| | | mt-rrs2 | CCGGTCTGAACTCAGATCAAGTA | |
| 紅斑熱群リケッチア | 17-kDa common antigen gene | R1 | TCAATTCACAACTTGCCATT | Noda H et al.[7] |
| | | R2 | TTTACAAAATTCTAAAAACC | |
| | | Rr17.61p | GCTCTTGCAACTTCTATGTT | |
| | | Rr17.492n | CATTGTTCGTCAGGTTGGCG | |
| | citrate synthase gene(gltA) | Cs2d | ATGACCAATGAAAATAATAAT | Mediannikov OY et al.[8] |
| | | CsEndR | CTTATACTCTCTATGTACA | |
| | | RpCS.877p | GGGGGCCTGCTCACGGCGG | |
| | | RpCS.1258n | ATTGCAAAAAGTACAGTGAACA | |
| SFTSV | S segment | SFTSV NP-2F | CATCATTGTCTTTGCCCTGA | Yoshikawa et al.[9] |
| | | SFTSV NP-2R | AGAAGACAGAGTTCACAGCA | |

MEGA7（https://www.megasoftware.net/）を用いて ML 法（Maximum Likelihood 法）により分子系統樹を作成した。

3 研究結果

栃木県内を西地区①、東地区②、南地区③、北地区④、安足地区⑤、中央⑥の 6 地点に区分し、図 1 に示す地点でマダニを採取した。その採取状況を表 2 に示す。採取したマダニは計 546 匹であり、その内訳は植生マダニ 480 匹、動物吸血マダニ66匹であった。種類別ではオオトゲチマダニ（*Haemaphysalis megaspinosa*）27 匹、キチマダニ（*Haemophysalis flava*）317 匹、ヒゲナガチマダニ（*Haemaphysalis kitaokai*）76 匹、フタトゲチマダニ（*Haemaphysalis longicornis*）61 匹、ヤマアラシチマダニ（*Haemaphysalis hystricis*）21 匹、ヤマトチマダニ（*Haemaphysalis japonica*）19 匹、ヤマトマダニ（*Ixodes ovatus*）24 匹、タカサゴキララマダニ（*Amblyomma testudinarium*）1 匹であった。

病原体保有状況を調査したところ、全てのマダニから SFTSV は検出されなかったが、表 3 のとおり紅斑熱群リケッチアが検出され、それぞれ検出 No.を付番した。なお、北地区④で採取されたキチマダニ 1 検体は動物吸血マダニであり、それ以外は植生マダニであった。17kDa 共通蛋白遺伝子（以下「17kDa」）（394nt）領域及びクエン酸合成酵素遺伝子（以下「*gltA*」）（341nt）領域の塩基配列解析を実施し、17kDa 領域の系統樹について図 2 に示した。結果、H.j.1、H.j.2、H.m.1 は、両領域において *Rickettsia* sp.（AB114803、AB114804）の遺伝子配列と 100%一致した[10]。H.m.3 は、*gltA* 領域においては H.j.1、H.j.2、H.m.1 と 100%一致したが、17kDa 領域では 1 塩基の相違を認めた。H.m.2 は、*gltA* 領域遺伝子に増幅は認められなかったが、17kDa 領域においては、*Candidatus Rickettsia amblyommii*（KJ534311）と 97.7%（385/394nt）の相同性を示した[11]。また、H.k.1 及び H.k.2 は、Uncultured *Rickettsia* sp.G9（LC379453）、I.o.1～I.o.3 は *Rickettsia asiatica*（LC379458、AF39490）、H.hyr.1～H.hyr.6 は Uncultured *Rickettsia* sp.（LC379445、JQ697956）、H.f.1 は *Candidatus Rickettsia hongyuanensis*（OM802186、OK625738）と、それぞれ両領域において塩基配列は 100%一致した[12][13]。




図１　マダニ採取地点

表２　採取したマダニ一覧

| 地域 | マダニ種 | チマダニ属 Haemaphysalis属 | | | | | | | | | | | | | | | | マダニ属 Ixodes属 | | | | キララマダニ属 Amblyomma属 | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | オオトゲチマダニ H. megaspinosa | | | | キチマダニ H. flava | | | | ヒゲナガチマダニ H. kitaokai | | | | フタトゲチマダニ H. longicornis | | | | ヤマアラシチマダニ H. hystricis | | | | ヤマトチマダニ H. japonica | | | | ヤマトマダニ I. ovatus | | | | タカサゴキララマダニ A. testudinarium | | | |
| | ステージ | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 | 幼 | 若 | 雄 | 雌 |
| 西地区① | 植生 | | 13 | 3 | 3 | | | 2 | | | 14 | 25 | 35 | | 1 | | | | | | | | 17 | | 2 | | | 4 | 6 | | | | |
| | 動物 | | | 4 | 3 | | | | 5 | | | 1 | | | 20 | | 3 | | | | | | | | | | | | | | | |
| 東地区② | 植生 | | 1 | | | | 35 | 4 | 4 | | 1 | | | | | | | | 7 | 9 | 5 | | | | | | | | 4 | | | | |
| | 動物 | | | | | | | | 1 | | | | | 3 | 2 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 南地区③ | 植生 | | | | | | 7 | 1 | 1 | | | | | | 7 | | 2 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | 動物 | | | | | | | | | | | | | | | | 6 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 北地区④ | 植生 | | | | | 4 | 4 | 9 | 11 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | 4 | | | | | |
| | 動物 | | | | | | 2 | 4 | 5 | | | | | | | | 1 | | | | | | | | | | 1 | 1 | 4 | | | | |
| 安足地区⑤ | 植生 | | | | | 110 | | | | | | | | 1 | 5 | | 10 | | | | | | | | | | | | | 1 | | | |
| | 動物 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 中央⑥ | 植生 | | | | | 54 | 35 | 6 | 13 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| | 動物 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

表３　紅斑熱群リケッチア検出状況一覧

| 地域 | マダニ種 | 検体数 | 陽性数 | 陽性率(%) | 検出No. |
|---|---|---|---|---|---|
| 西地区① | オオトゲチマダニ | 26 | 3 | 11.5 | H.m.1～3 |
| | ヒゲナガチマダニ | 75 | 2 | 2.7 | H.k.1～2 |
| | ヤマトチマダニ | 19 | 2 | 10.5 | H.j.1～2 |
| | ヤマトマダニ | 10 | 2 | 20.0 | I.o.1～2 |
| 東地区② | ヤマアラシチマダニ | 21 | 6 | 28.6 | H.hyr.1～6 |
| | ヤマトマダニ | 4 | 1 | 25.0 | I.o.3 |
| 北地区④ | キチマダニ | 39 | 1 | 2.6 | H.f.1 |

4　考察

県内マダニの生息状況について、SFTSV 及び日本紅斑熱病原体（*R. japonica*）の媒介に関与するマダニ種は多岐にわたる。また、マダニ種によって媒介可能な病原体が異なることから、調査地域におけるマダニ相を把握することは感染リスク評価の上で重要である [14-16]。今回の調査により、栃木県全域に多様なマダニ種が生息していることが明らかとなった。特に西地区①と東地区②では多くの種類のマダニが確認され、シカやイノシシ等の野生動物の生息状況が影響している可能性が考えられた。また、SFTSV をはじめ複数の病原体を媒介するとされるキチマダニは県内全域、フタトゲチマダニは県央地域を除く広範囲に分布していた。一方、オズウイルス（OZV）を媒介するとされるタカサゴキララマダニ（*Amblyomma testudinarium*）は安足地区⑤でのみ採取された [15]。本県足利市では同種による刺症事例も報告されていることから、今回の結果はこれらの報告と一致していた [17]。さらに、ヤマアラシチマダニは県東地区、ヤマトチマダニは県西地区のみで確認された。ヤマアラシチマダニは日本紅斑熱の媒介種として報告されており、その分布はこれまで千葉県以西に偏在する傾向が報告されているが、今回、県東地区で採取されたことから、本種の生息域が北方へ拡大している可能性が示唆された [16]。一方、ヤマトチマダニは中・大型哺乳類を宿主とすることから本県西地域におけるシカ等の野生動物の生息状況との関連が示唆された。

続いて病原体保有状況について、採取したマダニからは SFTSV、*R. japonica* の遺伝子は検出されなかったが、複数種の紅斑熱群リケッチアが検出され、本県のマダニ相において多様な紅斑熱群リケッチアが存在することが明らかとなった。遺伝子解析の結果、*R. asiatica* についてリケッチアの種を特定することができた。*R. asiatica* に関しては、1993 年に Fujita らが福島県で *I. ovatus* から分離した株でその後も国内各地で同様の株が分離され，ニホンジカの血液からも検出されている [18]。今回、種レベルまで同定できなかった *Rickettsia* sp.についても、検出されたマダニ種が文献等の報告と一致していたことから、リケッチアの種と宿主マダニの種に相関があることが示唆された。また、これら *Rickettsia* sp.については、同様の株が国内で広く検出が報告されていることから、病原性は明らかでないものの、多様な紅斑熱群リケッチアが国内に広く分布しているものと考えられた [14]。西地区①で採取されたオオトゲチマダニから検出された *Rickettsia* sp.については、17kDa 領域で一致する塩基配列が確認できず、さらに *gltA* 領域の増幅もみられなかった。このことから、既報株との遺伝的差異を有する可能性が考えられた。プライマーのミスマッチにより十分な遺伝子増幅が得られなかった可能性も否定できず、他の遺伝子領域での解析が必要と考えられた。併せて、国内で当該リケッチアを保有するマダニが少ないことが推察された。また、リケッチアを保有するマダニ種をみると、ヤマアラシチマダニ及びヤマトマダニでは、紅斑熱群リケッチアの陽性率が高かった。一方、ヒゲナガチマダニ及びキチマダニは陽性率が低い傾向にあった。ヒゲナガチマダニに関しては、紅斑熱群リケッチアの媒介能が低いと報告されている。これに対し、キチマダニは複数の病原体を媒介するとされているものの、今回の調査では県内に広範囲に分布し、採取数も多く、さらに幼ダニが多数を占めていたにもかかわらずリケッチア陽性率は低かった。このことから、ダニ媒介感染症の経卵感染率が低い可能性、あるいは病原体保有する雌の個体の割合が少なかったことが要因と考えられた。感染症法で届出対象の紅斑熱群リケッチア症は主に日本紅斑熱であるが、その他、*R. heilongjiangensis* [19][20]、*R. tamurae* [21]、*R. helvetica* [22]、*R. monacensis* [23]など病原性が報告されている紅斑熱群リケッチアについても、国内のマダニが保有することが知られている。このことから、リケッチア症疑いの患者に対して、広範に検出可能な遺伝学的手法を用いて検査する必要があると考えられた [24]。さらに、病原性の把握や新種の特定などへの発展のため他遺伝子領域を用いた詳細な解析や分離培養等による性状解析が今後の課題である。

今回の調査の結果、既知の病原体を保有するマダニは採取されなかったことから、栃木県内で、ヒトに対する既知のダニ媒介感染症の感染リスクを直接的に示す証拠は得られなかった。一方で、2025 年度は、北海道、神奈川県、茨城県など複数の自治体において、SFTS 患者の初発事例が報告され、日本紅斑熱の届出数も増加している。こうした背

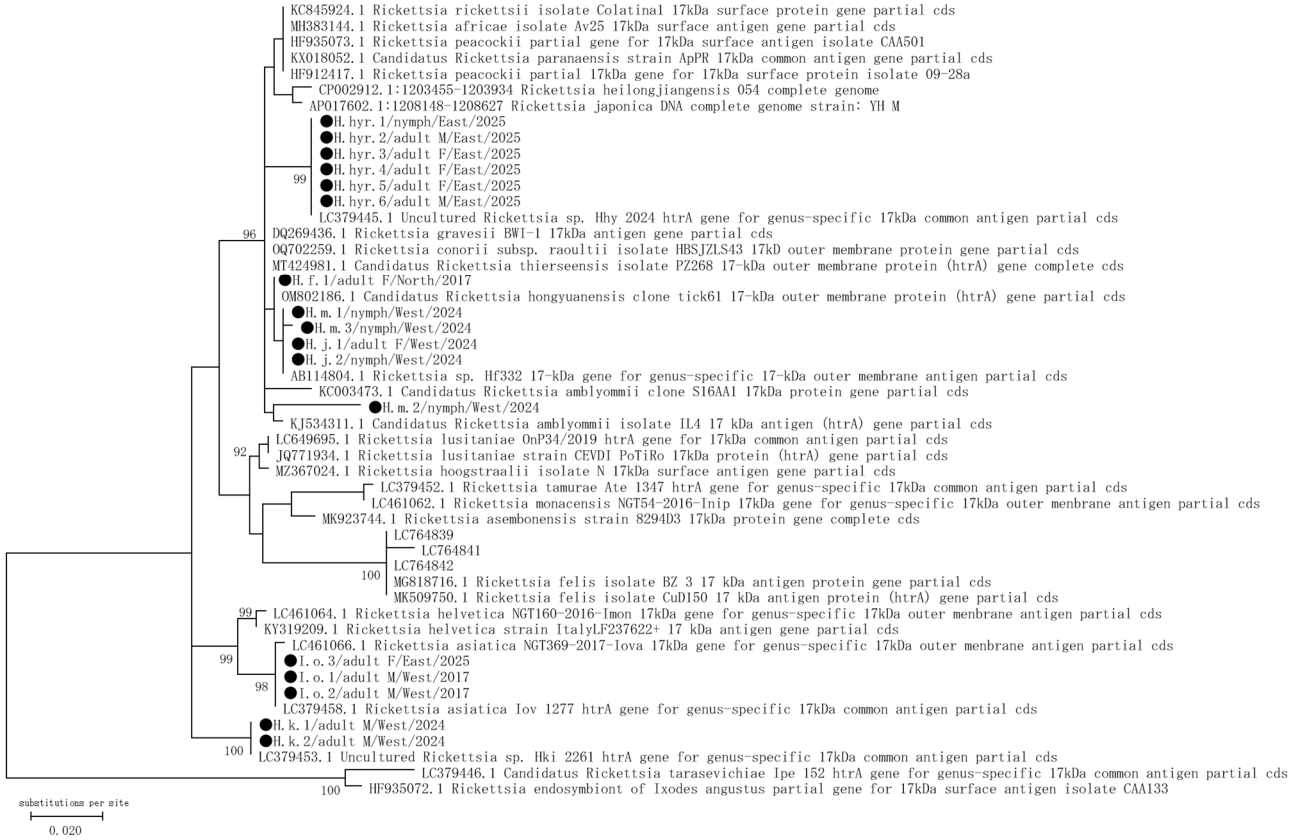



図 2　系統樹解析結果（ML 法、リケッチア 17kDa 共通蛋白遺伝子領域 394 nt、Kimura 2-parameter＋G、Bootstrap 解析（1,000 回））

景には、気候変動による媒介動物の分布域の変化、野生動物の生息域の拡大、渡り鳥によるマダニの移動、検査体制の整備など様々な要因が考えられるが、詳細については明らかになっていない。本県でも、県内初の SFTS 患者が確認されるとともに、病原性未確認の紅斑熱群リケッチアが検出されたことから、今後も、マダニの生息調査及び病原体保有調査を継続し、全国的な発生動向との比較検討やデータの蓄積を進めることで、県内におけるダニ媒介感染症の発生リスクをより適切に評価できるものと考えられる。これらの知見は、県内におけるダニ媒介感染症の発生動向監視に資するだけでなく、関係機関との連携によるマダニ刺咬予防の普及啓発及び早期診断・早期治療体制の強化に有用であると考えられた。

## 5　謝辞

本研究の実施に際し、検体収集に御協力いただいた栃木県林業センター、県東環境森林事務所、県南環境森林事務所関係各位に深謝いたします。

## 6　文献

1) Chung MH, Kang JS, Lee JS, Historical Overview of Tsutsugamushi Disease in Japan before World War II, Infect Chemother, 56(4), 440-452, 2024.
2) Mahara F, Japanese spotted fever: Report of 31 cases and review of the literature, Emerging Infectious Diseases, 3(2), 105–111, 1997.
3) Fournier PE, Fujita H, Takada N, Raoult D, Genetic Identification of Rickettsiae Isolated from Ticks in Japan, JOURNAL OF CLINICAL MICROBIOLOGY, 40(6), 2176–2181, 2002.
4) Takahashi T, Maeda K, Suzuki T, Ishido A,Shigeoka T, et al., The First Identification and Retrospective Study of Severe Fever With Thrombocytopenia Syndrome in Japan, J Infect Dis, 209, 816-827, 2014.
5) Japan Institute for Health Security, IDWR Surveillance Data Table 2025 week 52, Tokyo, Japan Institute for Health Security, 2026 [cited 2026 Aug 17], Available from, https://id-info.jihs.go.jp/en/surveillance/idwr/rapid/2025/52/index.html
6) Takano A, Fujita H, Kadosaka T, Takahashi M, Yamauchi T, et al., Construction of a DNA database for

ticks collected in Japan: application of molecular identication based on the mitochondrial 16S rDNA gene, Medical Entomology and Zoology, 65(1), 13-21, 2014.
7) Noda H, Munderloh UG, Kurtti TJ, Endosymbionts of Ticks and Their Relationship to Wolbachia spp.and Tick-Borne Pathogens of Humans and Animals, APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY, 63(10), 3926–3932, 1997.
8) Mediannikov OY, Sidelnikov Y, Ivanov L, Mokretsova E, Fournier PE, et al., Acute Tick-borne Rickettsiosis Caused by Rickettsia heilongjiangensis in Russian Far East, Emerging Infectious Diseases, 10(5), 810-817, 2004.
9) Yoshikawa T, Fukushi S, Tani H, Fukuma A, Taniguchi S, et al., Sensitive and Specific PCR Systems for Detection of Both Chinese and Japanese Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome Virus Strains and Prediction of Patient Survival Based on Viral Load, Journal of Clinical Microbiology, 52(9), 3325-3333, 2014.
10) Ishikura M, Ando S, Shinagawa Y, Matsuura K, Hasegawa S, et al. Phylogenetic Analysis of Spotted Fever Group Rickettsiae Based on gltA, 17-kDa, and rOmpAGenes Amplified by Nested PCR from Ticks in Japan. Microbiol.Immunol. 2003;47(11):823-832.
11) McIntosh D, Bezerra RA, Luz HR, Faccini JLH, Gaiotto FA, et al., Detection of Rickettsia bellii and Rickettsia amblyommii in Amblyomma longirostre (Acari: Ixodidae) from Bahia state, Northeast Brazil, Brazilian Journal of Microbiology, 46(3), 879-883, 2015.
12) Thu MJ, Qiu Y, Matsuno K, Kajihara M, Mori-Kajihara A, et al., Diversity of spotted fever group rickettsiae and their association with host ticks in Japan, Scientific Reports, 9, 1500, 1-10, 2019.
13) Lu M, Tian J, Zhao H, Jiang H, Qin X, et al., Molecular Survey of Vector-Borne Pathogens in Ticks, Sheep Keds, and Domestic Animals from Ngawa, Southwest China, Pathogens, 11(5), 606, 2022.
14) Gaowa, Ohashi N, Aochi M, Wuritu, Wu D, et al., Rickettsiae in ticks, Japan, 2007-2011, Emerging Infectious Diseases, 19(2), 338-340, 2013.
15) Ejiri H, Lim CK, Isawa H, Fujita R, Murota K, et al., Characterization of a Novel Thogotovirus Isolated from Amblyomma Testudinarium Ticks in Ehime, Japan：A Significant Phylogenetic Relationship to Bourbon Virus, Virus Research, 249, 57–65, 2018.
16) Japan Institute for Health Security, Infectious Agents Surveillance Report, 41, 138-139, 2020.
17) Shimada M, Doi K, Kawabata H, Yamauchi T, Ando S, et al., A review of 49 tick bite cases that occurred from 2020–2022 at Japanese Red Cross Ashikaga Hospital in Tochigi Prefecture - Trends in 40 cases of Amblyomma testudinarium bites - , Medical Entomology and Zoology, 74(2), 53–56, 2023.
18) Fujita H, Fournier PE, Takada N, Saito T, Raoult D, Rickettsia asiatica sp. nov., isolated in Japan, International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 56, 2365–2368, 2006.
19) Fournier PE, Dumler JS, Greub G, Zhang J, Wu Y, et al., Gene Sequence-Based Criteria for Identification of New Rickettsia Isolates and Description of Rickettsia heilongjiangensis sp. Nov, JOURNAL OF CLINICAL MICROBIOLOGY, 41(12), 5456–5465, 2003.
20) Ando S, Kurosawa M, Sakata A, Fujita H, Sakai K, et al., Human Rickettsia heilongjiangensis infection, Japan, Emerging Infectious Diseases, 16(8), 1306-1308, 2010.
21) Imaoka K, Kaneko S, Tabara K, Kusatake K, Morita E, The First Human Case of Rickettsia tamurae Infection in Japan, Case Reports in Dermatology, 3, 68-73, 2011.
22) Yano Y, Fujita H, Takada N, Ultrastructure of a Japanese Rickettsial Strain Genetically Identified as Rickettsia helvetica Which Was Originally Found in Europe, Microbiol.Immunol, 48(7), 535-539, 2004.
23) Kim YS, Choi YJ, Lee KM, Ahn KJ, Kim HC, et al., First isolation of Rickettsia monacensis from a patient inSouth Korea, Microbiol Immunol, 61, 258-263, 2017.
24) Kawamori F, Shimazu Y, Sato H, Monma N, Ikegaya A,et al., Evaluation of Diagnostic Assay for Rickettsioses Using Duplex Real-Time PCR in Multiple Laboratories in Japan, Japanese Journal of Infectious Diseases, 71, 267-273, 2018.