

高知県の天然河川のコイから検出されたコイヘルペスウイルスの  
遺伝子型とそのコイの系統の特徴について

藤岡博哉 (高知大学院黒潮圏)・山崎憲一・古澤啓喜・田村一樹・山根仁 (高知大農)・  
大畑雅典 (高知大医)・関伸吾 (高知大農)・大嶋俊一郎 (高知大学院黒潮圏)・今城雅之 (高知大農)

【目的】日本の自然水域に生息するコイ *Cyprinus carpio* には、日本在来の系統 (在来型) と国外移入の系統 (非在来型) が存在することが知られている。天然水域においてコイヘルペスウイルス病による最大の被害を受けたとされる琵琶湖では、2004 年当初 10 万尾以上の野生コイが死亡し、その約 90% は在来型であったことから、種の保全への影響が懸念されている。原因ウイルスの *Cyprinid herpesvirus 3* (CyHV-3) の遺伝子型には欧州型とアジア型があり、アジア型は 2 つの変異型 (A1、A2) に分かれ、日本では A1 変異型が報告されている。高知県では 2005 年にコイヘルペスウイルス病が初めて発生し、2009 年までに 8 つの河川の野生コイで確認されている。本研究では、高知県の 3 つの河川に生息する野生コイを対象として、2 系統間での感染率の違いと CyHV-3 の遺伝子型を明らかにしたので報告する。

【材料と方法】コイの採集を実施した水系は、これまでに発生例のある鏡川と物部川、発生例のない和食川の 3 河川とした。調査期間は、2013 年 5 月から 12 月まで行い、月毎に計 227 個体を採集した。コイの鰓、脳、及び生殖器を摘出して DNA を抽出した。得られた 200ng の DNA をリアルタイム PCR 法に供して、CyHV-3 DNA を検出した。コイの胸鰭から抽出した DNA のミトコンドリア DNA 調節領域を PCR 法で増幅し、塩基配列を基にした系統解析から在来型と非在来型を判別した。CyHV-3 陽性検体の DNA を用いて、CyHV-3 のチミジンキナーゼ (TK) 領域、及び ORF25-26 領域を PCR 法で増幅し、塩基配列と予測アミノ酸配列のアライメントから CyHV-3 の遺伝子型を決定した。

【結果】ミトコンドリア DNA 調節領域の系統解析から、物部川では 12.1%、鏡川では 25.8%、和食川では 4.3% のコイが在来型であった。在来型 27 個体と非在来型 171 個体における CyHV-3 陽性率は 25.9% と 7.7% になり、カイ二乗検定により有意差があったことから、感染コイは在来型の方が多いたことが示された。CyHV-3 陽性 23 検体から全て TK 領域の PCR 産物が得られ、その予測アミノ酸配列はアジア型であったことから、中国や韓国で最近報告された欧州型の侵入は確認されなかった。また、今回の CyHV-3 は TK 領域の塩基配列から全て A1 変異型であり、ORF25-26 領域の塩基配列から米国で報告された変異型は見つからなかったことから、高知県では CyHV-3 の多様化は進んでいないことが示唆された。