

バッタ目昆虫の微胞子虫病の感染動態に関する数理モデル研究

A mathematical model for the dynamics of microsporidiosis transmission in *Orthoptera*

佐藤宏樹*, 瀬野裕美
Hiroki Sato*, Hiromi Seno

東北大学大学院情報科学研究科
Graduate School of Information Sciences, Tohoku University

hiroki.sato.p5@dc.tohoku.ac.jp

昆虫病原微生物であるトノサマバッタ微胞子虫病の病原 *Antonospora locustae* は、宿主域が広く、90 種以上のバッタ類やコオロギ類に感染し、宿主に様々な症状を引き起こす。重症感染した幼虫期の個体においては、行動の緩慢化や、共食い現象の促進が観察される。また、幼虫期の成長が遅延し、脱皮時に死亡することが多い。感染の程度が軽い個体は羽化して成虫となるが、非感染個体と比較して、産卵数が著しく減少する。

A. locustae による微胞子虫病の感染経路には、垂直伝播として、経卵巣伝達と経卵伝達、水平伝播として、共食いを介した感染がある。経卵巣伝達とは、病原微生物が宿主卵巣内で卵母細胞に侵入することにより親から子へ感染する経路、経卵伝達とは、病原微生物が卵表面に付着することにより親から子へ感染する経路のことである。他に、感染個体の糞とともに土中に残存した胞子による経口感染もある。

野外では、季節により *A. locustae* の宿主となるバッタの種類が入れ替わりながら、微胞子虫病感染が継続維持されていることが知られている。北アメリカでの野外のバッタ個体群における *A. locustae* による微胞子虫病の有病率は、通常では1%以下であるが、感染の流行時には、約5%程度の有病率になっているという。さらに、バッタ個体群における *A. locustae* による微胞子虫病の有病率のピーク時期は、バッタ個体群密度のピークから2年遅れて観察されるという。

本研究の目的は、感染経路の特性を組み込んだ数理モデリングによる数理モデルを構築し、特に、バッタ個体群密度の時間変動と微胞子虫病の有病率の相関に注目しながら、バッタ個体群における微胞子虫病感染動態の特性について考察することである。

