

内 容

- ・特集：動物インフルエンザ
- ・研究：研究グループ紹介
- ・研究：研究者の素顔
- ・報告：令和4年病性鑑定実施状況
- ・Hot Topics

特集 動物インフルエンザ

人獣共通感染症研究領域 研究領域長 ^{MASE Masaji} 真瀬 昌司

高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）は、2004年に国内で79年ぶりにH5N1亜型のウイルスによる発生が認められて以降、断続的に発生し、近年はその規模が増大し、また複数の亜型による発生が起こっている。2020年シーズンは11月にH5N8亜型によるHPAIが香川県で発生以降、同じ型のHPAIにより発生が18県52事例、殺処分された鶏の総数は987万羽となった。2021年シーズンは2道県、25事例確認されており（うち3例はエミューでの発生）、約189万羽が殺処分された。2021年シーズンはH5N8亜型だけでなく、H5N1亜型も分離されている。2022年シーズンは10月28日の岡山県の採卵鶏農場で発生以降、26道県84事例（岡山、北海道、香川、茨城、和歌山、兵庫、鹿児島、新潟、青森、宮城、千葉、福島、鳥取、愛知、佐賀、山形、広島、沖縄、埼玉、福岡、宮崎、長崎、群馬、大分、滋賀、岩手）が発生し、殺処分羽数は約1,771万羽（2023年5月6日時点）に上り、発生事例ならびに殺処分羽数とも2020年を超える過去最大の発生となっている。鶏農場でのHPAIの亜型は多くはH5N1亜型であるが、H5N2亜型の発生（60例目大分）も確認されている。動物衛生研究部門（以下「動衛研」という。）は確定診断、病原性解析、疫学解析などを通じて防疫に貢献するとともに、現地へ職員を派遣し疫学調査の支援を行っている。得られた成果については適宜プレスリリースなどを通して情報提供・注意喚起に努めている。

一方、かつて大きな社会的混乱をもたらしたH1N1亜型パンデミックインフルエンザウイルスは豚に由来するとされており、豚インフルエンザは公衆衛生上も重要な課題であることからその制御に向けた研究も実施している。

本特集では現在動衛研で実施している動物インフルエンザの研究課題から、2022シーズンのH5亜型鳥インフルエンザの特徴、国内における豚インフルエンザの疫学的な現状、遺伝子組換え技術を応用した新たなベクターワクチンの開発状況、についてそれぞれ担当者が執筆した。本特集が動物インフルエンザについての理解を深め、またその対策を考える参考になれば幸いである。



動物衛生高度研究施設

2022年シーズンのH5亜型高病原性鳥インフルエンザ

UCHIDA Yuko
人獣共通感染症研究領域新興ウイルスグループ グループ長 内田 裕子

2022年シーズンのH5亜型高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の家きんでの発生は、過去最速の10月28日から4月7日まで、過去最大の件数の84例が26道県で確認され、約1,771万羽が殺処分の対象となった。野鳥も家きんと同じく過去最速の9月25日にはHPAIウイルス（HPAIV）が検出され、4月19日までに27道県242例が報告された。

我々は、シーズン最初の検出例である9月25日に神奈川県伊勢原市にて回収されたハヤブサ由来のH5N1亜型HPAIVについて遺伝子解析を実施した。ハヤブサ検体から分離したウイルス（神奈川株）の全ゲノム解析（PB2、PB1、PA、HA、NP、NA、MP及びNS遺伝子分節）を実施した。8つの遺伝子分節の組み合わせの違いによる遺伝子型を決める方法によると、神奈川株の遺伝子型は、2021年シーズンに日本の家きん及び野鳥から検出された複数の遺伝子型のうちの1つである20E型であることが明らかになった。一方、2021年シーズンに東北及び北海道のハシブトガラス等の野鳥や家きんから検出された21E型とは遺伝的背景が異なっていた。ハヤブサのような猛きん類でHPAIVが分離された要因として、感染動物の捕食によるウイルスの伝播と推測され、他にも感染した動物の存在が示唆された。前シーズンと同じ遺伝子型の検出は、日本での前シーズンのウイルス残存の可能性も否定はできないが、渡り鳥などの感受性動物が夏季は少なくなること、夏季に環境中でウイルスが活性を保つことは難しいこと、9月から渡り鳥の飛来が始まっていることを考慮すると、ウイルスに感染した渡り鳥等の捕食による可能性が考えられた。

家きんからは2022年10月28日から2023年4月7日まで、83例のH5N1亜型及び1例のH5N2亜型HPAIの発生が報告された。全例の分離ウイルスのHA遺伝子分節について系統樹解析を行った結果、2021年シーズンH5N1亜型HPAIのHA遺伝子分節で分類された20Eグループまたは21Eグループに近縁なものが、それぞれ17例または10例検出された。20Eグループは前述した神奈川県のハヤブサからも検出されていた。また、60例目のH5N2亜型HPAIVのHAは21Eグループに分類されたが、2022年10月28日に北海道のハシブトガラスから検出されたH5N2亜型HPAIVと全ての遺伝子分節が同一の起源であったことから、両ウイルスは近縁であることが示された。その他57例は、「2021年西シベリア及び中国分

離HPAIV（21RC）」と近縁であり、21RCグループは2022年シーズンに国内で初めて検出された。各グループのウイルスが最初に検出された時期は、20E及び21Eは10月28日、21RCは11月1日であったことから、3つのグループのウイルスが、2022年シーズン初期から国内に侵入していたことが明らかになった。複数件の発生が確認された一部の県では、複数のグループのウイルスが家きんでの発生に関与していることも明らかになった（図）。2022年シーズンに一部の野鳥または環境検体から検出されたH5亜型HPAIVの解析検体によると、家きんと同じく20E、21E及び21RCグループのH5亜型HPAIVが検出されていた。21Eグループは、2022年シーズンに検出されているロシアの家きん由来及びカナダの野鳥由来ウイルス、21RCグループは、同シーズンに検出されている韓国の野鳥由来ウイルスと近縁であることも示された。2021年シーズン及び2022年シーズンとも、前シーズンの発生の際に検出された同じグループのウイルスが翌シーズンにも検出されているが、前シーズンに見られたグループが複数検出されたのは2022年シーズンが初めてであった。これら3つのグループのウイルスは、渡り鳥の飛来シーズンと同時期に検出し始めていることから、2021年シーズン終わりにそれぞれのグループのウイルスが渡り鳥によってシベリアの繁殖地やユーラシア大陸の中継地に運ばれ、野鳥の間で循環・維持された後、再び渡り鳥の越冬のための飛来によって2022年シーズンに国内に侵入した可能性が考えられた。

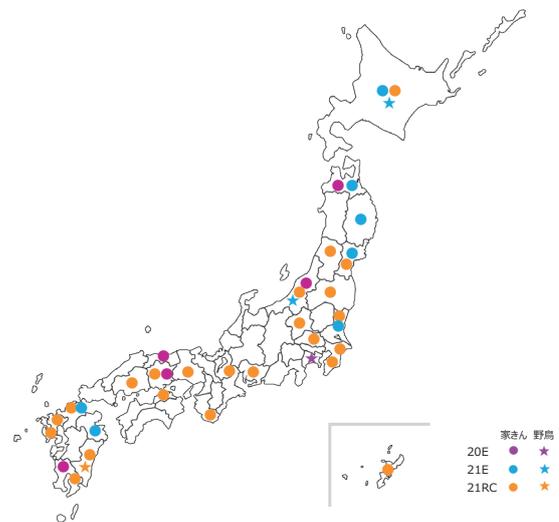
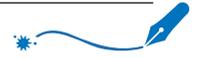


図 家きん及び一部の野鳥から検出されたウイルスのHA遺伝子解析分類による道県別分布



ベクターワクチンによる新たな鳥インフルエンザ制御

TSUNEKUNI Ryota
 人獣共通感染症研究領域新興ウイルスグループ 主任研究員 **常國 良太**

1. 背景・目的

高病原性鳥インフルエンザ (HPAI) の緊急ワクチンを使用する状況では、防疫措置に多くの人員が必要なため、より省力的に多頭羽に投与可能なワクチンが求められる。国内では緊急ワクチンとして不活化ワクチンが備蓄されているが、現行のワクチンは鶏に1羽ずつ筋肉内に接種する必要があるため、短期間に多頭羽に接種することが困難である。一方で、弱毒化させた生ワクチンは、飲水等の投与が可能であるが、ワクチン自体が強毒化し、新たな HPAI が発生する危険性がある。ベクターワクチンは、インフルエンザウイルス以外の病原性の無いウイルスに、HPAI ウイルスの抗原を組み込むことが可能なため、強毒化の危険性が無く、省力的な投与が可能な新しいワクチンとして期待できる。そこで、ベクターワクチンの技術を使用して新たな HPAI ワクチンの開発を行った。

2. ベクターワクチンの作出

省力的な投与が可能なウイルスベクターの候補として、インフルエンザウイルスと同様に呼吸器に感染する鳥パラミクソウイルス (APMV) に注目した。APMV はこれまで 20 種以上の血清型が報告されており、血清型 1 にニューカッスル病 (ND) ウイルスが含まれる。国内の家さんには ND ワクチンが使用されているため、ベクターワクチンを緊急ワクチンとして使用する場合には、ND ウイルスに対する免疫を回避する必要がある。そこで、ND ウイルスに対する抗体との交差性を調べ、交差性の低い APMV 血清型 10 (APMV-10) をベクターに選別した [1]。

APMV-10 のリバーシジェネティクス法を確立し、抗原遺伝子として HPAI ウイルスの HA タンパク質 (H5) を発現する組換え APMV-10 (rAPMV-10/HA) を作製した [2]。さらに、ベクターに挿入する抗原遺伝子を改変することにより、rAPMV-10/HA の抗原発現量を増強し、ワクチン効果を向上させることに成功した [3]。

3. 改変 rAPMV-10/HA ベクターワクチンの効果

この改変 rAPMV-10/HA を 2 週齢の鶏に飲水投与し、3 週間後に HPAI ウイルスで攻撃した。ワクチン抗原と同じ抗原性または抗原性の近いウイルス株で攻

撃した場合、攻撃後も鶏は 100% 生存した (表)。攻撃後の鶏からは、ウイルスの排泄が認められる個体もいたが、排泄量は抑制されていた。また、抗原性の異なるウイルス株に対しても一定の防御効果があることが確認された。

緊急ワクチンとしての利用ではないが、この改変 rAPMV-10/HA は、卵内投与でもワクチン効果があり、18 日齢の発育鶏卵に接種し、孵化後 3 週齢時に HPAI ウイルスで攻撃した場合、攻撃後も鶏は 100% 生存した (図)。

4. 実用に向けての課題

今回紹介したベクターワクチンは、鶏に対して省力的に免疫を付与することが可能である。しかし、完全な感染防御を付与するものではないため、HPAI ウイルスに感染した鶏は無症状のまま一定量のウイルスを排泄する可能性がある。そのため、実用化に向けては HPAI ウイルスに感染したワクチン鶏からのウイルス拡散リスクについて評価を積み重ねる必要がある。

表 ベクターワクチンの飲水投与によるワクチン効果

ワクチン抗原	攻撃株	ワクチンと攻撃株の抗原交差性	攻撃後の生存率
TG株	TG株	同じ抗原	100%
	山口株	有 (4倍)	100%
熊本株	熊本株	同じ抗原	100%
	山口株	低 (128倍以上)	60%

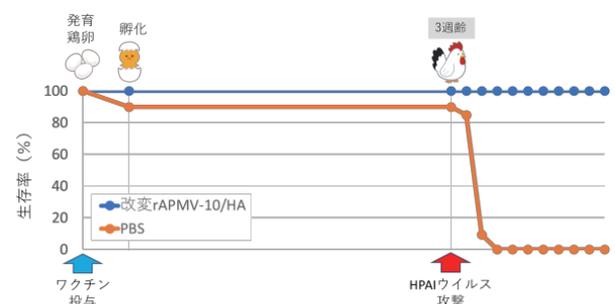


図 ベクターワクチンの卵内投与によるワクチン効果

参考文献

1. Tsunekuni, R. et al. Vet Immunol Immunopathol, 160(3-4):184-91, 2014
2. Tsunekuni, R. et al. Avian Dis, 61(3):296-306, 2017
3. Tsunekuni, R. et al. Vaccine, 38(4):822-829, 2020

研究グループ紹介

越境性家畜感染症研究領域海外病グループの紹介

越境性家畜感染症研究領域海外病グループ グループ長補佐 MORIOKA Kazuki 森岡 一樹

海外病グループは東京都小平市の小平海外病研究拠点（以下、小平拠点）において、中課題「国際連携による越境性家畜感染症のまん延防止」を遂行するため、越境性感染症病原体の性状解析に基づく新規診断法や防除技術の開発、海外悪性伝染病の診断業務等に取り組んでいます。小平拠点の特殊実験棟（BSL3e）は家畜伝染病予防法に掲げられる重点家畜感染症病原体である牛痘ウイルス（PRV）、口蹄疫ウイルス（FMDV）、アフリカ豚熱ウイルス（ASFV）の取り扱いが認められている国内で唯一の施設です。現在、当グループには研究職員8名、契約研究員等7名が所属しています。またこれらの職員に加えて、疾病対策部所属の検査技術専門職員、管理本部所属の職員技術系支援チーム員ならびに小平管理チーム員が駐在し、これらの職員のサポートを受けてウイルス実験や動物感染試験等を行っています。現在の主な研究対象は、2018年以降国内で発生の続く豚熱（CSF）やアジア周辺で流行の見られる口蹄疫（FMD）、アフリカ豚熱（ASF）です。

2018年に26年ぶりとなるCSFが国内で確認されて以来、当グループでは感染試験によるCSFウイルス（CSFV）野外分離株の病態解明、経口ワクチンの有効性の検証や新規検査法の開発等に取り組んできました。そして、現在野外で流行する病原性株は、感染豚を単独で死に至らしめることは多くはありませんが、長期間環境中にウイルスを排泄し得ること、移行抗体のみによって、現在の流行株による感染を防御することは困難であることなどを明らかにするなど、得られた知見の公表に努めてきました。また、CSFの検査について、全国の家畜保健衛生所等が実施するCSFV検査用の陽性コントロールの改良・配布、CSFVとASFVを同時に検出可能なリアルタイムPCR法、CSFVの野外株とワクチン株の識別が可能なリアルタイムPCRを開発し、民間企業と連携しそれらの市販化を達成しています。

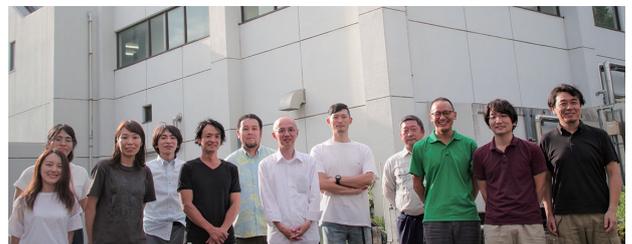
現時点でASFの国内での発生はありませんが、近隣諸国まで流行が拡大し、発生が続いています。近年、水際検疫で摘発された違法持ち込みの豚肉製品からASFVの遺伝子が検出されるケースが相次ぎ、当グループではそれらの取去品からのASFVの分離にも成

功しています。また、従来ASFV野外株の分離や増殖には世界的に豚由来のマクロファージ初代細胞が用いられてきましたが、農研機構で作出された豚腎マクロファージ株化細胞（IPKM細胞）がASFVの増殖に有効であることを見出し、ASFVの取扱いの飛躍的な効率化に成功しました。現在この株化細胞はASFのワクチン開発に活用されています。

FMDは92年ぶりの国内発生となった2000年およびそれに次ぐ2010年の発生以後は国内での発生は見られていませんが、アジアの近隣国では流行が続いています。当グループでは海外で流行するFMDVの分離株を導入し、それらを解析することで遺伝子や抗原性の変化を監視し続けるとともに、既存の診断法の検証や改良、緊急時用の国内備蓄ワクチンの有効性評価等を実施しています。また、口蹄疫ワクチンを補完するため、即効性があり、血清型に依存することなく感染を防御できる抗ウイルス剤の開発や感染力の強い口蹄疫の早期の防疫に資する、臨床現場で利用できる迅速な一次検査法の実用化に取り組んでいます。さらには、CSFやASFでも課題とされる野生イノシシにおけるFMDVの感染動態も明らかにしています。

さらに当グループでは海外機関との連携にも積極的に取り組んでおり、ASFに関してはベトナムとの、またFMDに関してはタイやモンゴルとの共同研究等を通じて、知見や人材の交流を行っています。

近年、様々な越境性家畜感染症が世界中で猛威を振るい、これまで以上に越境性疾病の研究に対するニーズが高まっています。先に述べた病原体を用いる研究業務はすべて小平拠点の特殊実験棟内で実施されているわけですが、社会的要請のさらなる高まりを踏まえて、老朽化やキャパシティー不足等の課題に柔軟に対処しつつ、今後も小平拠点職員が丸となって課題の遂行と成果の還元を努めていきたいと考えています。



研究者の素顔

大腸菌と私

KOBAYASHI Hideki

バイオセーフティ管理役 小林 秀樹

平成元年に農水省家畜衛生試験場に配属となり、以来、豚と牛のマイコプラズマ肺炎と大腸菌症を主軸研究にしてきました。とりわけ大腸菌症では（旧名称）腸管接着微絨毛消滅性大腸菌（AEEC）の腸管粘膜上皮への接着に関する研究に惹かれました。O157を代表とする腸管出血性大腸菌（EHEC）株の多くはAEECの接着機能を有しています。AEECはEHECのように志賀毒素を産生せず、粘膜上皮に接着機能のみ有するわけですが、この機能に関与するのが「インチミン」という菌体外膜蛋白です。インチミンのサブタイプはここ20年で数多く発見され、現在までに数十種類知られています。私が1999年に在外研究先のフィンランドで見つけたのは6番目のものでした。マイナータイプも多くありますが、動物種や地理的条件でメジャータイプにも偏りがあります。インチミンによる細胞接着の特徴は、一般的な大腸菌が大腸（結腸）や盲腸に宿主特異性の高い通常線毛で定着するのに対し、温血動物なら宿主バリアなく小腸（回腸）にも接着できることです。また、サブタイプ間の病原性の差異や交差免疫はほとんどありません。AEECに罹患すると腸管からの水分吸収が阻害され水様下痢をおこします。

私は学生時代から海外放浪、JICAやJIRCASのプロジェクト等で開発途上国に幾度となく渡航していました。初めて行く地域では必ずといってよいほど着地1週間程で水様下痢に悩まされました。発熱も腹痛も無かったので、原因は暑さと異文化ストレスくらいにしか思っていませんでした。ただ、日に数回、突然もよおしがきて、大量の淡黄色半透明の水様下痢が1週間くらい続くのです。宿に居るならよいのですが、仕事などだとも必死です。談笑もくしゃみもできません。お尻の摩擦係数が下がったらもう終わりですから。まさにこれがAEECによる旅行者下痢で、自分に免疫の無いサブタイプにやられたのです。接着された上皮が生え替わり、粘膜免疫が出来上がるまでの1週間は我慢です。この下痢の洗礼を受けることでこの地域に何年かの免罪符がもらえます。公衆衛生に気を配るにしても短期間ならともかく、月単位の赴任では洗礼は避けられません。故に私は現地に着いたら健康なうちに現地人と同じ衛生観念で行動するようにしています。AEECによる下痢の危険度は低いですが水分や栄養の補給は大切です。水分は吸収され難いとはい

え、経口補液は絶えず行う必要があります。私はスイカをよく食べました。下痢が続くと脱力し、食欲が減退します。そんな時はブドウが良いです。西アジア地域では瓜（哈密瓜）と干しぶどうをよく食べました。

水様下痢で注意を要するのは毒素原性大腸菌（ETEC）によるものです。この下痢の主体はミネラルを多く含む水分で体液が粘膜上皮細胞を経て腸管腔内に放出されたものです。内循環水分と無機塩類を喪失するため、状況により点滴が必要になります。下痢便の様態はAEECのそれとよく似ていますが、腹痛や発熱を伴うので簡単に区別つきます。東南アジアではメジャーな旅行者下痢原因のひとつです。

JIRCASのカントー大学プロジェクトでベトナム駐在中、動衛研の仲間が休暇を利用して陣中見舞いに来てくれたのですが、道中運悪く一人がETECに罹患してしまいました。病状が回復しないので公立の大きな病院で診断してもらい、その場で飲み薬、補液パックと針付カテーテルを手渡され、上階に行けと指示を受けました。指示された場所は屋根こそあれ、吹きさらしの外廊下で、ゴザを敷いた木製簡易ベッドが10台くらい並んでいるだけでした。まさに映画に出てくる野戦病院です。ベッドの片隅には先端に釘を打ち付けた角材が固定されており、そこに補液パックを引っかけるようになっていました。看護婦さんが来て、使用するベッドを指示してきたので補液セットを渡そうとすると、「そんなのあなたがやるのよ」と言われ、困惑していると、しょうがねーな、という感じでササッと処置してくれました。多めにチップ渡そうとしたら、目もくれずに去って行きました。苦難の歴史を歩んできたベトナムの底知れぬ逞しさを垣間見ました。

良くも悪しくも様々な経験が未知の路選択にどう生かされるのか、よいカンは様々な努力の証なのだと思えます。



バンコク郊外にて

報告

令和4年 病性鑑定実施状況

(1) 口蹄疫の病性鑑定

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			疑わしい事例	陰性例数
令和4年1月1日～12月31日	0	0	0	0

「口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和2年7月1日、一部変更：令和3年10月1日）

(2) 口蹄疫疑い事例の写真判定

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			陽性頭数	陰性頭数
令和4年1月1日～12月31日	1	1	0	1

「口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和2年7月1日、一部変更：令和3年10月1日）

(3) 高病原性鳥インフルエンザの病性鑑定

	検査件数	検査例数	検査結果（件数）	
			高病原性鳥インフルエンザ	陰性
令和4年1月1日～12月31日	93 (64)	1656 (1326)	92 (64)	1 (0)

※（ ）は緊急病鑑対応数

「高病原性鳥インフルエンザ及び低病原性鳥インフルエンザに関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和2年7月1日、一部変更：令和3年10月1日）

(4) 豚熱の病性鑑定

	検査対象	検査件数	検査例数	検査結果（件数）	
				陽性件数	陰性件数
令和4年1月1日～12月31日	豚	8 (8)	319 (319)	8 (8)	0 (0)
	イノシシ	10 (9)	46 (44)	9 (8)	1 (1)

※（ ）は緊急病鑑対応数

「豚熱に関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和2年7月1日、一部変更：令和4年12月23日）

(5) アフリカ豚熱の病性鑑定

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			陽性頭数	陰性頭数
令和4年1月1日～12月31日	0	0	0	0

「アフリカ豚熱に関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和2年7月1日、一部変更：令和3年10月1日）

(6) 経口ワクチン散布地域における野生イノシシの豚熱サーベイランス

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			陽性頭数	陰性頭数
令和4年1月1日～12月31日	11	24	23	1

豚熱経口ワクチンの野外散布実施に係る指針（平成31年3月6日、改訂：令和4年3月31日）

(7) 伝達性海綿状脳症（TSE）サーベイランス

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			陽性頭数	陰性頭数
令和4年1月1日～12月31日	406	657	0	657

「伝達性海綿状脳症（TSE）検査対応マニュアル」（令和4年4月1日最終改正）

(8) 野鳥における高病原性鳥インフルエンザに係るサーベイランス

	検査対象	検査件数	検査例数	検査結果	
				陽性例数	陰性例数
令和4年1月1日～12月31日	野鳥	26	99	25*	1

*：高病原性鳥インフルエンザ（H5N1 亜型）、低病原性鳥インフルエンザ（H5N3 亜型）、鳥インフルエンザ（H2N3 亜型、H3N8 亜型、H6N1 亜型、H10N7 亜型、H11N9 亜型、H12N5 亜型）

・「野鳥における高病原性鳥インフルエンザに係る対応技術マニュアル」（環境省自然環境局、令和4年10月）

・自治体による独自サーベイランス

(9) 一般病性鑑定集計表

ア. つくば・研究拠点別病性鑑定実施状況

単位:例数(件数)

区分	つくば	小平海外病研究拠点	札幌研究拠点	鹿児島研究拠点	合計
牛	849 (58)	0 (0)	44 (4)	49 (6)	942 (68)
豚・イノシシ	412 (21)	0 (0)	0 (0)	4 (1)	416 (22)
馬	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
めん羊・山羊	29 (6)	0 (0)	0 (0)	17 (2)	46 (8)
鹿	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
家きん	111 (21)	0 (0)	0 (0)	8 (1)	119 (22)
その他	6 (2)	4 (2)	0 (0)	8 (1)	18 (5)
計	1,407 (108)	4 (2)	44 (4)	86 (11)	1,541 (125)

イ. 過去5年間の一般病性鑑定の推移

単位:例数(件数)

区分	平成30年	令和元年	令和2年	令和3年	令和4年	対前年比(%)
牛	1,280 (127)	1,068 (104)	1,192 (102)	833 (82)	942 (68)	113 (83)
豚・イノシシ	1,111 (65)	687 (56)	1,567 (66)	938 (35)	416 (22)	44 (63)
馬	7 (2)	20 (1)	51 (1)	12 (2)	0 (0)	— —
めん羊・山羊	166 (18)	92 (7)	52 (6)	31 (9)	46 (8)	148 (89)
鹿	0 (0)	0 (0)	0 (0)	39 (2)	0 (0)	— —
家きん	107 (13)	94 (11)	45 (12)	104 (12)	119 (22)	114 (183)
その他	70 (9)	100 (16)	60 (16)	45 (10)	18 (5)	40 (50)
計	2,741 (201)	2,061 (195)	2,967 (203)	2,002 (152)	1,541 (125)	77 (82)

令和 4 年病性鑑定実施状況（細目）

単位：例数

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
牛							
牛							
牛伝染性リンパ腫	フローサイトメトリー	PBMC を除く全ての検体において B 細胞特異抗原である CD79 α 及び IgM を発現している細胞が多数を占めることが確認された。	12				12
牛伝染性リンパ腫	インバース PCR、シークエンス	血液を含む全ての検体で 2 ~ 3Kbp 付近に共通のバンドが認められ、同一の感染細胞クローンが各組織に存在する事が示唆された。シークエンスにより 4 検体全て同一の配列であった。	10				10
BVDV 感染症	遺伝子検査、抗体検査、抗原検出免疫染色	抗体検査の結果、過去に BVDV1 の流行があった可能性が示唆された。毛根の免疫染色において、PI 牛の毛根で BVDV 抗原が検出された。	31				31
牛ヘルペスウイルス感染症	中和試験、静置培養	354 検体中、BHV1 のみ抗体陽性は 220 検体、BHV4 のみ抗体陽性は 6 検体、両方抗体陽性は 8 検体、いずれも抗体陰性は 120 検体であった。	354				354
牛ヘルペスウイルス感染症	PCR、シークエンス	遺伝子解析を行ったウイルス分離株 7 検体は、経鼻生ワクチン株 (RLB106 株) ではないと考えられた。	13				13
牛 RS ウイルス感染症	牛 RS ウイルスの遺伝子解析	今回得られた塩基配列と既報の国内検出株の塩基配列を用いて系統樹解析を実施した結果、当該株は全て遺伝子型 X に分類されることが明らかとなった。			34		34
牛アデノウイルス感染症	シークエンス、分子系統樹解析	罹患牛の各組織から得られた PCR 産物は全て同一の塩基配列 (601 塩基) であり、BLASTN 解析で牛アデノウイルス 5 型に近縁であった。	12				12
牛アデノウイルス感染症	ウイルス分離、PCR	分離、PCR 共に陰性。	3				3
牛ロタウイルス感染症	RT-PCR 法、シークエンス	用いた 4 検体全てから VP7 及び VP8 遺伝子増幅産物の存在を確認した。			4		4
牛コロナウイルス感染症	RT-PCR、MEGAX による分子系統樹解析	いずれの分離株も 3 型に分類された。			4		4
ブルータング	シークエンス、分子系統樹解析	BTV ゲノム分節 3 の配列 (326 塩基対) を決定し、牛血球由来の No.14 以外は全て同一の配列であり、かつ 2020 年栃木、2021 年群馬のウイルスと同一となった。				13	13
チュウザンウイルス感染症	R-PCR、ダイレクトシークエンス、分子系統解析	チュウザンウイルス国内分離株とは、94.6 ~ 97.7% の類似性を示し、2012 ~ 17 年に中国本土で分離もしくは検出された株と 98.7 ~ 99.2% の高い類似性が認められた。				4	4
アルボウイルス感染症	ウイルス分離、RT-PCR、分子系統樹解析	ウイルス分離では Guangxi orbivirus (GXOV) 1 株のみが分離され、EHDV 及び BTV は分離されなかった。 分子系統樹解析では 13 検体中 10 検体で BTV-21 特異的遺伝子が検出された。				13	13
牛乳頭炎ウイルス	PCR、ウイルス分離	本検査材料から BHV-2 遺伝子は検出されず、感染性のウイルスも検出されなかった。	3				3
パピローマウイルス感染症	PCR、ダイレクトシークエンス、BLAST 検索	本ウイルスの遺伝子型は 1 型であることが確定した。			2		2
パピローマウイルス感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	本症例の腫瘤は牛パピローマウイルスによるウイルス性乳頭腫であると考えられる。	1				1
アストロウイルス感染症	RT-PCR	RT-PCR 法でアストロウイルスの 6 か所の領域はいずれも増幅されなかった。非化膿性脳炎を診断された本症例牛には、神経指向性アストロウイルスが関与していないと考えられる。	1				1
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	PFGE では XbaI 消化後の PFGE 像は全て同一であったが、SNP 遺伝子型別では全て型別不能となった。	12				12
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	16 菌株から 7 本以上のバンドの相違を認め 2 種類の PFGE 像が得られた。また SNP 遺伝子型別の結果では、岩手 ST 1 ~ 5 は SNP1 型、岩手 ST6 ~ 16 は SNP8 型に型別された。	16				16
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	2 株とも O 抗原 28、H 抗原 1 相 z ₁₀ 、2 相が e,n,x、血清型が Umbilo となった。	2				2
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	供試した <i>Salmonella</i> Typhimurium (ST) 24 株は 4 つのクラスター (PFGE I 型 ~ IV 型) に区分された。 <i>Salmonella</i> Choleraesuis (SC) において 4 種類の PFGE 像が得られ、バンドの相違は 3 本以内であった。	30				30
サルモネラ症	PFGE	供試菌 5 株から 3 種類の PFGE 像が得られ、3 株は同一の PFGE 像を示した。	5				5
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、MLST	1 株は血清型 Cubana、1 株は型別不能であった。	2				2

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
サルモネラ症	シーケンス解析、試験管凝集反応	被験菌 <i>Salmonella</i> Typhimurium (5株) と LT2 株の <i>tjA</i> 、 <i>hin</i> の塩基配列はそれぞれ一致した。依頼 No.1、2 と LT2 株の <i>tjB</i> は一塩基異なるが、アミノ酸が変化しないサイレント変異であった。	5				5
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O 抗原 3,10、血清型 London であった。	3				3
大腸菌症	O-genotyping PCR 制限酵素 XbaI 消化後の PFGE	牛 1 由来株では由来臓器ごとに異なる Og 及び PFGE 型が検出されたことから、複数種類の大腸菌が全身に分布していたことが明らかとなった。牛 2 の腎臓及び臍帯由来株は、牛 1 由来株と同一株であった。	18				18
大腸菌症	凝集反応	O15 が 8 株、O11、O2 株がそれぞれ 2 株、O51、O76、O174 がそれぞれ 1 株、OSB18 が 2 株、2 株は型別不能であった。	19				19
大腸菌症	PFGE	6 種類の異なる PFGE パターンが検出され、うち 3 株は同一の PFGE パターンを示し、同一由来株であることが示唆された。	8				8
大腸菌症	凝集反応	O15、O54、O88、O111、O147 がそれぞれ 1 株、O181 が 3 株、2 株は型別不能であった。	10				10
<i>Proteus mirabilis</i> 感染症	免疫組織化学検査	本症例の腎病変には <i>P. mirabilis</i> の関与が示唆される。	1				1
<i>Pasteurella multocida</i> 感染症	PFGE	病性鑑定株 5 株は、農場ごとに異なるバンドパターンを示したことから、遺伝的に異なる菌株が流行している様子が明らかになった。	5				5
<i>Mannheimia haemolytica</i> 感染症	免疫組織化学的検査	肺炎の主要な原因は <i>M. haemolytica</i> -1 感染であると考えられる。	2				2
<i>Mannheimia haemolytica</i> 感染症	PFGE	病性鑑定株 17 株は全て同一のバンドパターンを示したことから、同一由来株が牛舎内に浸潤していたと考えられる。	17				17
<i>Mannheimia haemolytica</i> 感染症	PFGE	鑑定材料株 8 株は同一由来である可能性が高い。	8				8
<i>Mannheimia haemolytica</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PFGE	<i>Mannheimia</i> 属菌被験菌株 27 株全てを <i>M. pernigra</i> と同定した。 <i>Pasteurella</i> 属菌被験菌株 51 株は 7 つのグループに分かれた。	78				78
<i>Pasteurella multocida</i> 感染症	免疫組織化学的検査	脳では病変に一致して、 <i>H. somni</i> 抗原が多数認められた。	3				3
<i>Histophilus somni</i> 感染症	免疫組織化学的検査	1 頭は抗原陽性反応は確認されなかったが、1 頭の症例の腹膜炎は <i>H. somni</i> によると考えられる。	2				2
<i>Trueperella pyogenes</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子解析	全菌種の基準株の 16S rRNA 配列と比較した結果、 <i>Trueperella pyogenes</i> と 100%一致し、他の菌種で配列が 98.65%以上一致する菌種は認められなかった。				1	1
胸膜肺炎	免疫組織化学的検査	本症例は境界明瞭な壊死巣と燕麦様細胞の浸潤を伴う壊死性線維素性の胸膜肺炎であり、病変の形成には、 <i>H. somni</i> 及び <i>M. bovis</i> の関与が疑われる。	4				4
<i>Moraxella</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子解析	5 株は <i>M. bovoculi</i> 、4 株は <i>M. bovis</i> 、2 株は <i>Acinetobacter indicus</i> と同定した。	11				11
リステリア症	免疫組織化学的検査	病変の分布、所見及び免疫組織化学的検査結果から本症例の脳病変に <i>L. monocytogenes</i> の関与が示唆される。	1				1
<i>Streptococcus parasuis</i> 感染症	PCR、凝集反応試験	<i>S. parasuis</i> は検出されなかった。				13	13
<i>Streptococcus ruminantium</i> 感染症	莢膜型別 PCR	<i>S. ruminantium</i> は 7 つの莢膜合成関連遺伝子領域が同定され、I A-D、II A、III 型と型別した。				5	5
<i>Streptococcus ruminantium</i> 感染症	PCR	7 つの莢膜合成関連遺伝子領域が同定され、I A-D、II A、II B 及び III 型と型別した。				5	5
心筋炎	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	本症例は <i>Streptococcus</i> Group C に属する細菌による菌血症になっていたと考えられる。	4				4
クロストリジウム感染症	PCR、シーケンス	提供 PCR 産物の由来となった株は、テトラサイクリン耐性遺伝子 <i>tetB</i> を所持していた。	1				1
クロストリジウム感染症	6 つの毒素遺伝子領域を対象とした PCR	既報の <i>C. perfringens</i> の毒素型判定法では、どれにも当てはまらず、判定不能であった。	1				1
ヨーネ病	ELISA	3 頭とも基準とする ConA 刺激により検出される IFN- γ 量と比べ低い数値を示し陰性と判定した。	3				3
ヨーネ病	MATR-VNTR 法	病性鑑定株 38 株中 35 株が MAP-2 型に型別され、同遺伝子型の菌株が県内に広く浸潤している状況が明らかとなった。	38				38
牛結核感染症	牛結核本検査 (IFN- γ アッセイ)	2 頭とも陰性と判定された。No.2 は、検体中 IFN- γ 濃度が高く、強反応により判定不能となったため、血漿を 1:2 及び 1:4 に希釈した結果、陰性と判定された。	2				2
牛結核感染症	牛結核本検査 (IFN- γ アッセイ)	No.1 は再検査の結果陽性、No.2 及び No.3 は陰性。	5				5
牛結核感染症	牛結核本検査 (IFN- γ アッセイ)	陰性と判定された。	5				5
牛結核感染症	牛結核本検査 (IFN- γ アッセイ)	陽性と判定された。	5				5

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計	
牛結核感染症	牛結核本検査 (IFN-γアッセイ)	2頭とも陰性と判定された。	10				10	
牛結核感染症	牛結核本検査 (IFN-γアッセイ)	陰性と判定された。	5				5	
<i>Bibersteinia trehalosi</i> 感染症	免疫組織化学的検査	<i>B. trehalosi</i> , <i>F. necrophorum</i> を含む複数の菌の関与による肺炎と考えられた。	1				1	
<i>Pichia cecembensis</i> 感染症	PCR、ITS 領域の塩基配列解析	BLAST による相同性検索の結果、 <i>Pichia cecembensis</i> (CBS10445, KY104517.1) 及び <i>P. kudriavzevii</i> (CBS5147, KY104577.1) の基準株と、それぞれ 100 及び 99.8% の類似度であった。	1				1	
ノルカデア感染症	PCR、シークエンス	本検査株は <i>Norcardia cyriacigeorgica</i> と同定した。	1				1	
マイコプラズマ感染症	シークエンス、BLAST 解析	3 株ともに <i>rrs</i> 及び <i>rrl</i> の塩基配列は <i>Mycoplasma arginini</i> str. NCTC10129 の <i>rrs</i> 及び <i>rrl</i> と高い類似性 (99%) を示した。	3				3	
真菌症	PCR、ダイレクトシークエンス	<i>Yamadazyma mexicana</i> と判断することが妥当である。	1				1	
真菌性肺炎	培養性状、分子生物学的解析	既知の真菌株の塩基配列と 97% 以上の類似性を示す際に同一真菌種であると判断することから、これらの株は <i>L. ramosa</i> と判断することが妥当である。	4				4	
トキソプラズマ症	免疫組織化学的検査	肺では多数の原虫シスト及びタキゾイトが観察され、それらは抗 <i>T.gongii</i> 家兔血清と特異的に反応した。	1				1	
疾病名未確定 (子牛死亡症例) 原子吸光法	原子吸光法	死亡子牛の肝臓中铁濃度は 16 µg/g、銅濃度は 75 µg/g、亜鉛濃度は 87 µg/g であり、腎臓中铁濃度は 13 µg/g、銅濃度は 3 µg/g、亜鉛濃度は 23 µg/g を認めた。2 週齢黒毛子牛の報告は少なく、成牛と比較し、肝臓中での鉄濃度は低め、銅、亜鉛濃度はやや高めとなった。	18				18	
疾病名未確定 (子牛死亡症例) 原子吸光法	原子吸光法	測定した 5 頭中 3 頭はやや高値の銅濃度を血清中に認めた。また供与している配合飼料中の銅濃度も適正要求量よりもやや高値を示した。	6				6	
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	全血チアミン濃度は全頭正常範囲内であった。	16				16	
鉛及び亜鉛中毒	原子吸光法	死亡した当該牛の亜鉛と鉛濃度は、概ね正常範囲内にあった。当該牛の死亡原因は亜鉛中毒あるいは鉛中毒とは考えにくく、他の原因についても検討が必要である。	12				12	
銅中毒	原子吸光法	死亡した当該牛の臓器中銅濃度は肝臓で 369 µg/g、腎臓で 32 µg/g と高値を示した。臨床症状 (全身の黄疸) 等を合わせると、当該牛の死亡原因は銅中毒であると考えられる。	2				2	
マイコトキシンの検出	液体クロマトグラフ・タンデム質量分析法	2 検体の乾燥粉末中かび毒 (NIV、DON、T2、ZEA、FMB1、FMB2、FMB3) 濃度は、いずれも定量下限値未満であった。	2				2	
			牛一般病性鑑定小計 件数		58	4	6	68
			例数		849	44	49	942
豚・イノシシ								
豚熱 豚								
豚熱 (緊急病性鑑定)	シークエンス	豚熱と判定した。		293			293	
豚熱 (緊急病性鑑定)	RT-PCR、シークエンス	豚熱と判定した。		26			26	
			豚熱小計		319		319	
豚熱 イノシシ								
豚熱 (緊急病性鑑定)	シークエンス	豚熱と判定した。		11			11	
豚熱 (緊急病性鑑定)	RT-PCR、シークエンス	豚熱と判定した。		23			23	
豚熱 (緊急病性鑑定)	RT-PCR、シークエンス	陰性と判定した。		10			10	
豚熱	シークエンス	豚熱と判定した。		2			2	
			イノシシ豚熱小計		46		46	
豚熱経口ワクチンサーベイランス イノシシ								
豚熱	シークエンス	豚熱と判定した。		72			72	
			サーベイランス小計		72		72	
			豚熱小計		72	365	437	
一般病性鑑定 豚								
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シークエンス	RT-PCR より全 5 検体で PCR 産物が得られた。各検体間の PCR 産物の塩基配列は 99.8 ~ 100% の類似性であった。	5				5	
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シークエンス	PCR 産物の塩基配列が最も高い類似性を示した塩基配列は、2008 年に米国において検出された LS384 株 (GenBank accession number: KU503394) であり、それぞれ 95.8 ~ 96.1% の類似性であった。	110				110	

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
豚繁殖・呼吸障害症候群	PRRS ウイルスのシーケンス解析	各検体間の PCR 産物の塩基配列は 97.8 ~ 100% の類似性であった。系統樹解析により、22-P280-1 ~ 6 の塩基配列はクラスター III に分類された。	6				6
豚繁殖・呼吸障害症候群	PRRS ウイルスの遺伝子解析	各検体間の PCR 産物の塩基配列は 81.2 ~ 99.8% の類似性であった。	20				20
豚繁殖・呼吸障害症候群 豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス	RT-PCR 及び PCR により全 16 検体で PCR 産物が得られた。各検体間の PCR 産物の塩基配列は 84.2 ~ 100% の類似性であった。	23				23
豚繁殖・呼吸障害症候群 豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス	平成 29 年度に D 農場にて検出されたウイルス遺伝子と高い類似性を示したことから疫学的に何らかの関係があると推察された。	26				26
豚繁殖・呼吸障害症候群 豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス	PRRSV の遺伝子解析では、RT-PCR より全 23 検体中 19 検体で PCR 産物が得られた。各検体間の PCR 産物の塩基配列は 83.0 ~ 100% の類似性であった。 PCV の遺伝子解析では、11 検体中 10 検体から PCR 産物が得られ、PCV2 d -2 及び PCV3-a1 に属する野外株であると推察された。	34				34
非定型豚ベステチウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス	APPV の NS3 を標的にした RT-PCR により 124 bp, 117 bp の PCR 産物に最も高い類似性を示したのは Annaka/2020 であり、また同ウイルスの NS5B を標的にした RT-PCR の 578 bp の PCR 産物では APPV/Fukushima/25-2-3serum であった。さらに分子系統樹解析により Genotype 3 に属することを認めた。	63				63
サルモネラ症	PFGE	4 : i : - (非定型 ST) からは 2 種類の PFGE 像が得られ、両者間に 2 本のバンドの相違が認められた。SC の PFGE 像は全て一致した。	9				9
サルモネラ症	PFGE、MLST	被験菌計 12 株から 6 種類の PFGE 像が得られ、5 株での一致と 3 株での一致も認めた。MLST により ST145 と型別された。	12				12
サルモネラ症	PFGE、MLST	被験菌計 21 株から 4 種類の PFGE 像が得られ、それぞれ PFGE I ~ IV 型とした。MLST の結果、全ての被験菌は ST68 に型別された。	21				21
サルモネラ症	スライド凝集反応、MLST、PFGE、薬剤感受性試験	抗原構造及び MLST の結果から、被験菌は全て SC と判断した。PFGE Ia 型は被験菌の中で最も多く、複数の農場から分離されているため、本県における主要な PFGE 型であると考えられる。	16				16
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、MLST、生化学性状試験、薬剤感受性試験	今回依頼株の 23 株中 19 株が血清型 Choleraesuis (O7:c:1,5)、3 株は o7:c:-、1 株は非サルモネラであった。22 株中 5 株が ST66、17 株が ST68 と判定され、2 薬剤以上に耐性を示し、最大 9 薬剤に耐性を示す株が存在した。	23				23
<i>Escherichia fergusonii</i> 感染症	凝集反応	4 株とも O 群血清型 172 であった。	4				4
<i>Escherichia fergusonii</i> 感染症	薬剤感受性試験	多剤耐性が認められた (アンピシリン、ゲンタマイシン、テトラサイクリン、クロラムフェニコール、スルファメトキサゾール/トリメトピロム)。	1				1
<i>Manheimia verigena</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子解析	鑑定材料菌株 4 株の 16S rRNA 遺伝子領域の塩基配列 (1462 bp) は同一であった。全菌種の基準株の配列と照合した結果、最も類似性が高かったのは <i>Mannheimia verigena</i> 177 株であり、一致率は 98.7% (1443 bp/1462 bp) であった。その他の菌種との一致率はいずれも 98.5% 未満であった。以上の結果から、本病性鑑定株 4 株を <i>M. verigena</i> と判定した。	4				4
<i>Glaesserella (Haemophilus) parasuis</i> 感染症	寒天ゲル内沈降反応による血清型別	寒天ゲル内沈降反応による血清型別において、4 型および 13 型がそれぞれ 5 株、5 型および 15 型がそれぞれ 2 株であった。残り 6 株は型別不能であった。	20				20
<i>Lactobacillus equicursoris</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子のシーケンス解析	心臓由来株、肺由来株、胎盤由来株の 16S rRNA 遺伝子解析により、 <i>Lactobacillus equicursoris</i> 感染症が関与する異常産が疑われた。	3				3
アクチノバシラス感染症	16S rRNA 遺伝子のシーケンス解析、PTX 毒素遺伝子の PCR、ITS 及び 23S rRNA 遺伝子のシーケンス解析	先の 3 種の検査結果及び県の生化学的性状検査及び分離宿主が豚であることから、2 株を <i>A. equuli</i> subsp. <i>equuli</i> と同定した。	2				2
ストレプトコッカス感染症	PCR、シーケンス	No.401 は <i>Streptococcus suis</i> と同定し、No.402 ~ 404 の 3 株は同一の基準以上の一致率を示す菌種がなく、 <i>Streptococcus</i> 属菌とした。	4				4
<i>Streptococcus suis</i> 感染症	共凝集反応試験、血清型別 PCR	4 株とも 1 型及び 2 型の両方の型の抗血清に凝集が認められた。 本検査株は全て血清型 1/2 型と型別された。				4	4

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
一般病性鑑定 サルモネラ症	豚・イノシン PFGE、MLST	菌株 No.2 を除く 6 株は同一の PFGE 像であり、その No.2 では 1 本のバンドに相違を認めた。MLST では 7 株全て ST66 であった。	7				7
		豚・イノシシー一般病性鑑定小計 件数	21			1	22
		例数	413			4	417
めん羊・山羊							
めん羊 ブルータング	RT-PCR、シークエンス、分子系統樹解析	今回検出されたウイルスは 2012 年に中国、2020 年に栃木で検出されたブルータングウイルスと近縁であった。				6	6
ブルータング	シークエンス、分子系統樹解析	BTV ゲノム分節 3 の配列 (326 bp) を決定し、全て同一の配列であり、かつ 2020 年栃木、2021 年群馬のウイルスと同一となった。				11	11
山羊 ヨーネ病	SNS 解析、培養検査	IS1311 遺伝子の 223 番目の塩基の SNP 解析を行った結果、C 及び T の多型であることが確認された。液体培地においても接種後 5 週目に蛍光が検出された。	1				1
ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	ヨーネ菌を検出・定量するリアルタイム PCR を実施した結果、腎臓は陽性、腸管回盲部は陰性であった。腎臓由来の DNA については、さらに IS1311 遺伝子の SNP 解析を行ったが、判定不能となり、菌分離もされなかった。培養検査においてもヨーネ菌は分離されず、型別不能であった。	2				2
ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	腸管乳剤から抽出された DNA を用いて、IS1311 遺伝子の 223 番目の塩基の SNP 解析を行った結果、C 及び T の多型であることが確認された。	1				1
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	No.9244 の全血チアミン濃度は 12.7 ng/ml を示し、血清チアミン濃度はチアミン投与前後においても検出限界以下を認めた。	13				13
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	全血チアミン濃度は 27.7 ng/ml であり、チアミン欠乏症ではないと判断された。	1				1
めん羊・山羊 ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	検体 No. 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11 の 7 検体は、ウシ型と考えられた。検体 No. 1, 2, 3, 9 の 4 検体は菌分離されず型別不能であった。	11				11
		めん羊・山羊一般病性鑑定小計 件数	6			2	8
		例数	29			17	46
家きん							
鳥インフルエンザ 鳥インフルエンザ (緊急病性鑑定)	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	1,274				1,274
鳥インフルエンザ (緊急病性鑑定)	HA 遺伝子及び M 遺伝子の検出、HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	26				26
鳥インフルエンザ (緊急病性鑑定)	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定、静脈内接種試験	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	26				26
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定 (次世代シーケンサー)	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	329				329
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定 (次世代シーケンサー)	陰性と判定した。	1				1
		鳥インフルエンザ小計	1,656				1,656
一般病性鑑定 鶏伝染性気管支炎	シークエンス、分子系統樹解析	全ての検体から増幅産物を得られ、各株間の類似性は 99.8%以上一致した。分子系統樹解析では JP-1 に分類される S95 ワクチンに近く、2015 年茨城県分離株と最も近縁であった。	6				6
鶏伝染性気管支炎	シークエンス、分子系統樹解析	各検体間のスパイク 1 遺伝子で 99.2%以上、スパイク 2 で 99.7%以上一致し、スパイク 1 遺伝子では JP-1 型、スパイク 2 遺伝子では V I 型に分類される S95 ワクチン株に最も近縁であった。	13				13

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シークエンス、分子系統樹解析	農場 A 及び B に由来する 9 検体は、スパイク 1 及びスパイク 2 遺伝子いずれにおいても相互に 99%以上の塩基配列類似性を示したことから、同一あるいは極めて近縁のものと同推察される。	9				9
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シークエンス、分子系統樹解析	4 検体から得られたウイルス遺伝子は、スパイク 1 及びスパイク 2 遺伝子いずれにおいても 99.8%以上の塩基配列類似性を示したことから、同一あるいは極めて近縁のものと同推察される。	4				4
鶏伝染性気管支炎	免疫組織化学的検査	免疫組織学的検査により肺や気管で ILT ウイルス抗原が検出されたことから、本検体の呼吸器病変において同ウイルスが関与した可能性が示唆された。	2				2
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、ダイレクトシークエンス、分子系統樹解析	被検体から分離されたウイルスは JP- I に分類され、同一あるいは極めて近縁のものと同推察される。	5				5
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、ダイレクトシークエンス	発育鶏卵から回収された全ての尿腔液から RT-PCR の増副産物が得られたが、IBV-S1 プライマー内で 6 塩基が異なっており、増幅効率が低下していたと推測された。	6				6
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、ダイレクトシークエンス、分子系統樹解析	被検体から分離されたウイルスは 2 株が Mass、2 株が 4/91、4 株が JP- I、1 株が JP- II 遺伝子型に分類され、それぞれの遺伝子型に分類されたウイルス同士は同一あるいは極めて近縁のものと同推察された。	11				11
鶏アデノウイルス感染症	ウイルス分離、系統樹解析	CK 細胞を用いたウイルス分離では、1 代目から明瞭な細胞変性効果が観察された。PCR では 4 検体ともに明瞭な増幅産物が得られ、PCR 産物の塩基配列の類似性は 100%一致し、既報の株と比較したところ、遺伝子型 Fowl adenovirus D、血清型 FAdV-2 の標準株である AR48 株に近縁であった。	4				4
鶏アデノウイルス感染症	免疫組織化学的解析	免疫組織学的検査により鶏アデノウイルス感染は否定され、本例は鶏封入体肝炎（鶏アデノウイルス感染症）に罹患していないことが示唆された。	2				2
鶏アデノウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシークエンス、分子系統樹解析	遺伝子型 Fowl adenovirus D、血清型 FAdV-2 の標準株である SR48 株に近縁であった。	4				4
鶏アデノウイルス感染症	PCR、シークエンス、分子系統樹解析	遺伝子型 Fowl adenovirus D、血清型 FAdV-2 の標準株である SR48 株に近縁であり、かつ徳島県で分離の封入体肝炎ウイルス分離株と最も近縁であった。	2				2
伝染性ファブリキウス嚢病 (IBD)	免疫組織化学的検査	検査した 3 羽全ての鶏から IBD ウイルス抗原が検出された。	6				6
伝染性ファブリキウス嚢病 (IBD)	ウイルス分離、PCR、ダイレクトシークエンス	検体 No.1 ~ 4 は、相互に 99.7 ~ 100%の遺伝子相同性を示したことから、同一あるいは極めて近縁のものと同推察される。また、分子系統樹解析の結果から、分離株は TY2 株と極めて近縁であった。	4				4
鶏貧血ウイルス (CAV) 病	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	免疫組織学的検査により 2 羽の骨髄で CAV 抗原が検出したことから、検体における骨髄低形成に CAV が関与した可能性が示唆されたが、3 羽からは CAV 抗原は検出されなかった。	5				5
Riemerella anatipestifer 感染症	16s rRNA 遺伝子のシークエンス解析	被検菌株 5 株を <i>R. anatipestifer</i> と同定した。	5				5
バストレラ感染症	ハウスキーピング遺伝子のシークエンス	被検 3 株のアレル番号は同じであり、ST273 と判断した。	3				3
バストレラ感染症	PFGE	病性鑑定株 7 株は同一の PFGE バンドパターンを示したことから、遺伝的に極めて近縁な株であり、同一由来の菌株が農場内で伝播した可能性が高い。	7				7
バストレラ感染症	PFGE	病性鑑定株 4 株は同一の PFGE バンドパターンを示したことから、遺伝的に極めて近縁な株であり、同一由来の菌株が農場内で伝播した可能性が高い。	4				4
バストレラ感染症	16S rRNA 遺伝子の塩基配列解析	最も類似性が高かったのは <i>Pasteurella multocida</i> であり、一致率は 99.86% (1462bp/1464bp) であった。	8				8
Enterococcus 属菌感染症	PCR, PFGE	全株で <i>Enterococcus</i> 属菌と <i>E. cecorum</i> 検出 PCR で陽性を示し、それ以外の PCR は全て陰性だった。				8	8
B 細胞性リンパ腫	免疫組織化学的検査	脾臓の腫瘍を構成するリンパ球様の腫瘍細胞は BAFF-R 陽性、CD3 陰性であった。	1				1
		家きん一般病性鑑定小計 件数	21			1	22
		例数	111			8	119

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
その他							
カエル							
真菌症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肺と肝臓の真菌は黒色分芽菌と考えられ、本真菌が肺と肝臓の病変変性の原因と考えられた。	2				2
ヌカカ							
Balagodu ウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、BLAST 検索、RACE 法、相同性解析、分子系統樹解析	全ての送付ウイルスは Balagodu ウイルスと同等された。				8	8
豚肉製品							
ASF(アフリカ豚熱)	PCR、シーケンス、ウイルス分離	PCR にて ASFV 遺伝子が検出され、欧州や中国で分離された ASFV、また過去に動検で摘発された PCR 陽性検体の ASFV の塩基配列と 100%一致した。ウイルス分離は陰性となった。		2			2
ASF(アフリカ豚熱)	PCR、シーケンス、ウイルス分離	PCR にて ASFV 遺伝子が検出され、欧州や中国で分離された ASFV、また過去に動検で摘発された PCR 陽性検体の ASFV の塩基配列と 100%一致した。ウイルス分離は陰性となった。		2			2
飼料							
ヨーネ病	液体培地、寒天培地による培養検査	ヨーネ菌は分離されず、ヨーネ菌特異遺伝子は検出されなかった。	4				4
その他一般病性鑑定小計 件数			2	2		1	5
例数			6	4		8	18
TSE サーベイランス							
めん羊							
TSE(伝達性海綿状脳症)	ウエスタンブロット法 (WB)、免疫組織化学的検査 (IHC)	陰性	212				212
山羊							
TSE(伝達性海綿状脳症)	ウエスタンブロット法 (WB)、免疫組織化学的検査 (IHC)	陰性	436				436
鹿							
CWD(慢性消耗病)	ウエスタンブロット法 (WB)、免疫組織化学的検査 (IHC)	陰性	9				9
TSE サーベイランス小計			657				657
鳥インフルエンザサーベイランス (環境省等)							
野鳥							
鳥インフルエンザ	発育鶏卵接種法によるウイルス分離、次世代シーケンスによる HA、NA 亜型の同定	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	8				8
鳥インフルエンザ	発育鶏卵接種法によるウイルス分離、次世代シーケンスによる HA、NA 亜型の同定	H12N5 亜型鳥インフルエンザと判定した。	1				1
鳥インフルエンザ	発育鶏卵接種法によるウイルス分離、次世代シーケンスによる HA、NA 亜型の同定	H10N7 亜型鳥インフルエンザと判定した。	2				2
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	56				56
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	判定不能。	2				2
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。また、1羽は陰性と判定した。	4				4
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定 (次世代シーケンサー)	H2N3、H3N8 亜型鳥インフルエンザと判定した。	4				4
鳥インフルエンザ	HA 亜型・NA 亜型の特定、病原性の確認 (HA 亜型が H5 又は H7 の場合に限る) (次世代シーケンサー)	H5N3 低病原性鳥インフルエンザ、H6N1 亜型鳥インフルエンザと判定した。	2				2
鳥インフルエンザ	HA 亜型・NA 亜型の特定、病原性の確認 (HA 亜型が H5 又は H7 の場合に限る) (次世代シーケンサー)	H6N1、H11N9 亜型鳥インフルエンザと判定した。	4				4
鳥インフルエンザ	PCR 産物の遺伝子配列の決定	H2 亜型鳥インフルエンザと判定した。	16				16
鳥フルサーベイランス小計			99				99
総数 (例数)			3,892	369	44	86	4,391

Hot Topics

プレスリリース：2022年シーズン高病原性鳥インフルエンザウイルスの遺伝的特徴 - 3つの遺伝子グループが早期から同時期・広範囲に国内侵入 -

農研機構は、2022年10月28日から2023年1月17日まで国内家きん飼養施設で発生した高病原性鳥インフルエンザ60例についてウイルスの遺伝子解析を行いました。その結果、2022年シーズンには、これまでで最も早い時期から、赤血球凝集素遺伝子の特徴から分類される3つのグループが同時期・広範囲に国内に侵入したことを明らかにしました。そのうち2グループは昨シーズンに国内で検出されたグループと近縁であり、新たに検出された1グループは2021年に西シベリア及び中国中部で分離されたウイルスと近縁でした。2022年シーズンは過去最多の発生になっていることから、今後もウイルスの農場への侵入に警戒が必要です。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/157024.html

プレスリリース：豚熱ウイルス野外株とワクチン株を識別できる新たな遺伝子検査法の開発 - 野外株の拡がりや散布ワクチンの有効性の正確な把握に貢献 -

農研機構とタカラバイオ株式会社は共同で、豚熱ウイルス野外株とワクチン株とをリアルタイムPCR法で識別する手法を新たに開発しました。本法は、現在豚熱の検査に利用されている「豚熱ウイルス・アフリカ豚熱ウイルス識別検査法」により「豚熱陽性」と判定されたイノシシが野外株に感染したのか、経口ワクチンを摂取したのかを短時間で識別できます。豚熱が流行する我が国にあって、野外株の浸潤状況や散布ワクチンの摂取状況を把握する上で役立つものと期待されます。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/157752.html

プレスリリース：血液中のウイルス遺伝子の検出に適した核酸試料の簡易な前処理法の開発 - 多様な試料を用いた迅速で効率的な遺伝子検査を可能に -

農研機構とタカラバイオ株式会社は、リアルタイムPCR法でのウイルス遺伝子検出において、短時間の熱処理および遠心操作のみで血液中のウイルスから核酸

を迅速に抽出するとともに、PCR反応を阻害する成分の影響を簡単に除去することができる、血液試料の簡易な前処理法を新たに開発しました。本手法は、都道府県の病性鑑定施設で利用されている「豚熱ウイルス・アフリカ豚熱ウイルス識別検査法」や野生イノシシを対象とした「豚熱ウイルス野外株・ワクチン株識別検査法」に適用でき、血液や組織乳剤など多様な検体を用いた豚熱・アフリカ豚熱の迅速な検出を可能にすることで、本病の早期摘発や緊急的な防疫措置の発動に貢献することが期待されます。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/158895.html

長期講習生受け入れ

2023年5月10日から、家畜衛生講習会（病性鑑定特殊講習会）が行われています（10月30日まで）。つくば並びに札幌、小平海外病、鹿児島島の各研究拠点で、講習生32名がウイルス、細菌、病理、生化学の各分野に分かれ、監視伝染病を含めた家畜疾病の診断技術等の学理及び技術実習を目的とする講習を受けています。

JICA 研修生受け入れ

独立行政法人国際協力機構（JICA）の依頼により、途上国における家畜疾病の診断にかかる基礎技術の向上を目的とする「2023家畜疾病診断基礎技術向上研修」も行われています。研修生5名（ナミビア、パラグアイ、フィリピン、ウズベキスタン、ザンビア）を2023年6月27日から10月25日まで受け入れています。



【編集後記】 2022年シーズンに大発生となった高病原性鳥インフルエンザは、我が国では4月7日の発生を最後に5月13日付けで清浄化復帰となりましたが、欧米諸国では2021年以降、夏も途切れることなく発生が継続し、南米地域においてもまともな発生が確認され、世界的なまん延状況となっています。私ども動衛研では、迅速かつ正確な家畜疾病の診断を通して、行政・都道府県の皆様の防疫活動を支えていければと思います。