

内 容

- ・特集：牛用ウェアラブルセンサの開発と人工知能 (AI) によるセンシングデータの解析
- ・研究：口蹄疫抗原検出イムノクロマトキット
- ・研究：研究者の素顔
- ・報告：令和元年病性鑑定実施状況
- ・Hot Topics

特集 牛用ウェアラブルセンサの開発と人工知能 (AI) によるセンシングデータの解析

病態研究領域 繁殖障害ユニット 主任研究員 ^{HIGAKI Shogo} 檜垣 彰吾、病態研究領域 研究領域長 ^{YOSHIOKA Koji} 吉岡 耕治

はじめに

平成 29 年度から令和元年度にかけて、農研機構・動物衛生研究部門（動衛研）が主体となり、生研支援センター「革新的技術開発・緊急展開事業（うち人工知能未来農業創造プロジェクト）」の研究テーマの一つとして「AI を活用した呼吸器病・消化器病・周産期疾病の早期発見技術の開発」（AI プロ 家畜疾病早期発見）が実施されました。

本プロジェクトでは、産業技術総合研究所や広島市立大学などから成る精密工学グループによる各種センサ（ルーメンセンサ、体表温センサ、脈波センサ、音声センサ）の開発、動衛研や畜産研究部門などから成る獣医畜産学グループによるセンサ利用技術の開発、ならびに株式会社ファームノートや株式会社リバネスなどから成る情報工学グループによるデータ統合システムの構築と人工知能（AI）を活用した疾病の早期発見技術の開発に取り組みました。

近年、本プロジェクトだけでなく、世界的に牛用ウェアラブルセンサに関する研究・開発が進められており、国内外で数多くのセンサが市販されるまでに至っています。また、ウェアラブルセンサから得られるデータに対し、従来の統計学的手法ではなく機械学習と呼ばれる AI の一手法が使われ始めています。そこで本稿では、牛を対象としたウェアラブルセンサと AI を巡る現状について紹介するとともに、AI プロを通じて得られた成果の一部について紹介します。

牛用ウェアラブルセンサを巡る状況

国内では乳牛・肉牛を問わず多頭飼育化が急速に進みつつあり、一農場当たりの平均飼養頭数はこの 20 年間でほぼ倍増し、乳牛では 90 頭程度、肉牛では 55 頭程度となっています。その一方で、畜産従事者の高齢化と後継者不足が深刻な問題となっており、畜産従事者が牛 1 頭当たり割ける時間は急激に減りつつあると考えられます。このような牛群の大型化や畜産分野における労働力の不足といった問題は、日本だけで

なく多くの先進国でも顕在化しており、牛を少人数で効率よく管理可能な技術の開発が世界的に喫緊の課題となっています。

特に、昼夜を問わず観察を必要とする発情発見や分娩監視は畜産農家にとって重労働であるだけでなく、畜産経営の安定化と発展には高い発情発見率と分娩事故の低減が重要となるため、目視観察に代わるウェアラブルセンサによる繁殖管理技術に関する研究が急ピッチで進められています。そこで、ここでは市販されているウェアラブルセンサによる発情検知と分娩予測に焦点を絞って紹介します。

発情検知に利用できるウェアラブルセンサ

放飼下（フリーストールや放牧）における牛を対象とし、乗駕許容や乗駕、顎乗せ、匂い嗅ぎなどの行動および外陰部からの粘液の漏出など、発情に伴う外観の変化に基づいて発情検知を試みた研究では、1 日 2～6 回、各 10～20 分間観察することで、発情を感度（真陽性率）50～65%、精度（陽性的中率）75～100% で検知可能であったと報告されています。しかしながら、過去数十年間に、乳牛では乗駕許容を示す個体の割合が 80% から 50% へ減少するとともに、乗駕許容の時間も 15 時間から 5 時間へと短縮したとの報告もあります。さらに牛群の大型化も相まって、従来から行われてきた目視観察によって効率よく発情を発見することが難しくなっています。

そこで、ウェアラブルセンサを用い、発情に伴う行動学的変化や生理学的変化を精密に計測することで、目視観察による発情発見の代替となる手法の研究・開発が盛んに行われています。例えば、発情特異的な行動である乗駕許容を検知するセンサとして、腰背部装着型の圧力センサ（HeatWatch：DDx 社、アメリカ）が市販されており、その発情検知性能は感度 37～94%、精度 77～100% であったとされています。また、発情に伴う歩数や活動量の増加を捉えようとする歩数計や頸部および四肢装着型の加速度センサも多数市販

特集 牛用ウェアラブルセンサの開発と人工知能 (AI) によるセンシングデータの解析

されており、概ね感度 55～80%、精度 75～95% という結果が報告されています。

しかし、上記のような行動学的変化を捉えるウェアラブルセンサでは、高泌乳牛やボディコンディションスコアの低い牛などでは発情検知性能が低くなるようです。そこで、行動学的変化だけでなく生理学的変化も合わせて計測しようとするウェアラブルセンサとして、加速度センサと温度センサを内蔵したルーメン留置型センサ (SmaXtec Bolus : SmaXtec 社、オーストリアなど) や腔内留置型センサ (Anemon system : Anemon 社、スイス) などが市販されており、SmaXtec Bolus を用いた研究では、感度 92%、精度 89% で発情検知可能であったと報告されています。

以上のように、ウェアラブルセンサを用いることで、目視観察による発情発見に匹敵する結果が得られつつあります。しかしながら、その多くは行動の制限されない放飼下の乳牛を対象としたものであるだけでなく、同一のウェアラブルセンサを用いた場合においても、牛の状態 (肉牛・乳牛や経産・未経産など) や飼養環境 (繋ぎ・放飼や床材など) によって発情検知性能が大きく変わるとの報告もあります。国内では酪農家の約 70%、肉用繁殖牛を飼育している農家の約 35% が繋ぎ飼育を行っていると言われており、ウェアラブルセンサの国内での普及を促進するためには、既存センサシステムの繋ぎ飼育への至適化や繋ぎ飼育においても利用可能な汎用性の高いウェアラブルセンサの開発などが必要になると考えられます。

分娩予測に利用できるウェアラブルセンサ

分娩に伴う広仙結節靭帯の弛緩や乳房・乳頭の腫脹、外陰部の浮腫といった外観の変化に基づき分娩予測を行った研究では、12 時間以内の分娩を感度 74～89%、精度 15～22% で予測可能であったと報告されています。この結果は、観察時から 12 時間以内に分娩した牛の約 8 割で上記外観の変化が認められたものの、外観の変化を呈した全個体のうち約 2 割しか 12 時間以内に分娩しなかったことを示しており、目視観察では正確な分娩時期の予測が困難であることを示しています。

分娩予測においても行動学的変化と生理学的変化を対象としたウェアラブルセンサが市販されています。行動学的な変化を捉えようとするセンサとしては、加速度センサや傾斜計を内蔵した尾装着型センサ (Alert' Vel : ALB Innovation 社、フランスなど)、陣痛に伴う子宮収縮や腹圧の上昇を捉えようとする腹部

装着型圧力センサ (Agrimonitor : Detabel Technics 社、フランス) などが市販されています。また、加速度センサを内蔵し健康管理や発情検知を主目的とした頸部装着型センサ (Cowheat : Anicall、日本など) や四肢装着型センサ (AfiTag II : Afimilk 社、イスラエル) の中には、分娩予測が可能とするものが市販されていますが、これまでに市販のシステムによる分娩予測性能を評価した報告は見当たりません。

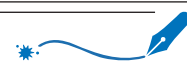
一方、生理学的な変化を捉えるウェアラブルセンサとしては、温度センサを内蔵した腔内留置型センサ (牛温恵 : リモート社、大分、Vel' Phone : Medria 社、フランス) や温度センサと照度センサを内蔵した腔内留置型センサ (iVET birth-monitoring : Unitronic 社、ドイツ) などが市販されています。これらは、分娩前の体温低下に基づき分娩予測を行うとともに、センサが腔外へ排出された際の急激な温度低下や照度変化によって分娩検知を行うものです。牛温恵では分娩前の体温の低下に基づいた「段取り通報」と、一次破水に伴うセンサの脱出に基づいた「駆け付け通報」を行っており、分娩前 24 時間以内の「段取り通報」の感度は 88%、「駆け付け通報」の感度は 99% であったと報告されています。

以上のように、市販の腔内留置型センサを用いることで目視観察による予測よりも高感度・高精度に分娩時期を予測可能となっています。しかしながら、腔内留置型センサの取り付けには厳密な衛生管理が必要であるだけでなく、当然ながら分娩時に脱出することから、疾病の多発する分娩前後に渡る生体モニタリングには使用できません。そのため、今後は装着が容易かつ低侵襲であり、分娩前後に渡って装着可能なウェアラブルセンサに対するニーズが高まると考えられます。

獣医畜産分野における人工知能を巡る状況

現在、獣医畜産分野で使用されている AI 技術は機械学習と呼ばれる手法が主体となっています。機械学習とは、大雑把には「経験 (与えられたデータ) に基づき性能が良くなるアルゴリズム」であり、「教師あり学習」と「教師なし学習」とに大別されます。獣医畜産分野で多用されている教師あり学習は、既知の入出力データ (教師データ) を用いてモデル (入力データから出力データに変換する関数や入出力データ間の関係図など) を作成し、未知の入力データ (テストデータ) から出力を予測しようとするものとなります。

獣医畜産分野における機械学習を用いた研究は、解



析対象を基準にすると、飼養環境情報・個体情報と施設型センシングデータ、ウェアラブルセンサによる生体センシングデータ、画像・音声データを扱ったものの3つに大別できます。ここでは、ウェアラブルセンサから得られる生体センシングデータを解析対象とした研究について紹介するとともに、獣医畜産分野の専門家が機械学習を用いる意義について述べます。

機械学習によるセンシングデータの解析

ウェアラブルセンサを介して得られた生体センシングデータを対象として、機械学習による解析を行った報告には繁殖関連のものが多く、特に発情検知と分娩予測が主体となっています。発情検知に関する研究の一つでは、放飼下における牛に5つの市販のセンサ（耳標型、ルーメン内留置型、頸装着型、前肢装着型、後肢装着型）を装着し、得られた活動量や臥位時間・起臥回数、反芻時間、ルーメン内や耳介表面温度といった複数の指標を機械学習で解析することで、いずれのセンサを用いた場合においても最高で感度100%（精度は不明）で発情を検知することに成功したと報告されています。また、筆者らの研究グループでは生理学的変化に着目した多機能腔内留置型センサ（腔内温度と腔内電気伝導度を測定）を開発し、腔内温度のみ（感度 $\leq 94\%$ 、精度 $\leq 86\%$ ）あるいは腔内電気伝導度のみ（感度 $\leq 41\%$ 、精度 $\leq 47\%$ ）に比べ、腔内温度と腔内電気伝導度を組み合わせることで、繋ぎ飼育下においても高感度・高精度（ともに94%）に発情を検知可能であることを明らかにしました。

分娩の予測に関する研究では、2つの市販のセンサ（頸装着型、後肢装着型）から得られた頸部の活動量や反芻、歩数や起臥回数などのデータに基づき、独自の機械学習モデルを用いて24時間以内の分娩を予測した結果、個々のセンサを用いた場合では最大で感度75%・精度43%であったものが、2つのセンサを組み合わせることで、感度100%・精度50%へ改善したと報告されています。また、別の研究では、市販の頸絡装着型圧力センサ（反芻時間、反芻毎の咀嚼数、反芻回数）と後肢装着型加速度センサ（横臥回数）を組み合わせることで、3時間以内の分娩を感度 $\leq 85\%$ （精度は不明）で予測可能であったとされています。

上記の様に、機械学習を用いることで単一のセンサデータから算出される複数の指標（加速度センサから得られる起立時間と起臥回数など）や、複数のセンサから得られる性質の異なる複数の指標（体温と活動量など）を統合的に解析することが容易となるだけで

なく、従来の統計的手法を用いた場合に比べて同程度～高い発情検知・分娩予測性能が得られると期待されます。さらに最近では、生体センシングデータだけではなく施設型センシングデータを組み合わせることで、より普遍的な発情検知モデルを構築しようとする試みも行われており、すでに歩数計のデータと自動搾乳機から得られたデータ（乳中プロゲステロン濃度など）を用いた研究などが行われつつあります。今後、このようなウェアラブルセンサデータと飼養環境情報や個体情報、施設型センシングデータを組み合わせた研究が進むことで、どのような飼養環境下においても安定して発情検知・分娩予測が可能なシステムが構築されると期待されます。

獣医畜産分野の専門家が機械学習を用いる意義

上記のように、機械学習（教師あり学習）は既知の入出力データ（教師データ）に基づきモデルを作成し、未知の入力データ（テストデータ）から出力を予測しようとするものです。そのため、機械学習を用いた研究・開発を行う場合、機械学習で何がしたいのか（出力の設定）、何を学習させるべきか（教師データの準備）、モデルをどのように評価すべきか（出力の評価基準）を明確にする必要があります。

教師データは出力データ（乳房炎の有無など）と入力データとして特徴量（統計解析での説明変数に相当。体細胞数や電気伝導度など）がセットになっています。当然のことながら、機械学習では与えられたデータ（教師データ）のみからモデルが作成されるため、正確な出力データと入力データの紐づけが必要となります。そのため、ある疾病の検知モデルを作成しようとする場合、グレーゾーンをどのように評価すべきか、また、手元にあるデータのうちのどの指標を特徴量として採用すべきか（特徴量抽出と特徴量選択）など、獣医畜産分野における知見が必要となります。

機械学習モデルの性能を表す基準として、感度や精度および感度と精度の調和平均であるF1スコア（ $2 \times \text{感度} \times \text{精度} / (\text{感度} + \text{精度})$ ）が多用されます。一般的にF1スコアが最も高いモデル、つまり偽陽性と偽陰性のいずれも多くもなく少なくともないものが最も良いモデルとされます。しかし、実際には偽陽性と偽陰性の「重み」は同じではなく、例えば発情検知の場合であれば、「（偽陽性に基づき）余分に発情確認を行う」のは短時間のロスで済みますが、「（偽陰性に基づき）発情を見逃す」のは一発情周期である約21日間をロスすることになり、この場合では「偽陽性を増や

特集 牛用ウェアラブルセンサの開発と人工知能 (AI) によるセンシングデータの解析

してでも、偽陰性を減らしたい」となります。そのため、実際に役立つモデルを作成するためには、ケースバイケースで偽陽性や偽陰性のバランスを取る必要があります。やはり獣医畜産分野の知識や経験が必要となります。

最近では機械学習を実行可能な有償・無償のソフトウェアやクラウドシステムが開発されており、これまで一部の専門家しか利用できなかった機械学習を解析ツールの一つとして気軽に利用できるようになっています。また、畜産農家にはウェアラブルセンサだけでなく、自動搾乳機に付随したセンサなど様々なセンサの導入が進みつつあり、機械学習に必要な大量のデータが蓄積しつつあります。これらのことから今後、獣医畜産分野の専門家が積極的に機械学習を用いることで、これらのデータが有効に活用され、実利用に耐える様々な機械学習モデルが開発されると考えられます。

AI プロ（家畜疾病早期発見）での成果

著者らは AI プロ内において、主として体表温センサおよびその装着法（図1）の開発ならびに体表温センサと機械学習を活用した周産期疾病の早期発見技術の開発に取り組みました。体表温センサは非侵襲的に尾根部へ装着でき、難産や乳熱、胎盤停滞、乳房炎などの異常・疾病が多発する周産期（分娩の前徴が現れ

てから産褥期までの期間）に渡って体表温をモニタリングすることができます。そこで、周産期疾病の早期発見や分娩事故の防止を目的とし、体表温センサを用いた機械学習による分娩予測モデルの構築を行いました。

試験は正常な妊娠を維持している乳用牛を対象とし、飼養環境・飼養形態の大きく異なる2農場（A農場とB農場、図2）で実施しました。A農場では105頭、B農場では33頭について、分娩予定日の約2週間前～分娩1週間後まで体表温センサを装着し、2分間隔あるいは10分間隔で体表温を計測しました。体表温データは無線通信により、牛舎内に設置したゲートウェイを介してクラウド上に収集し、計測値から1時間ごとの最高温を抽出後、日内変動の影響を軽減するため前3日間の同時刻平均値との差（体表温残差）を算出して解析に用いました。また、試験期間を通して、ゲートウェイに設置した温度計により牛舎内の気温データの採取も行いました。

解析の結果、図3に示すように、両農場の牛において、体表温は分娩前36時間～16時間にかけて緩やかに低下した後、一度横ばいとなり、分娩前6時間～分

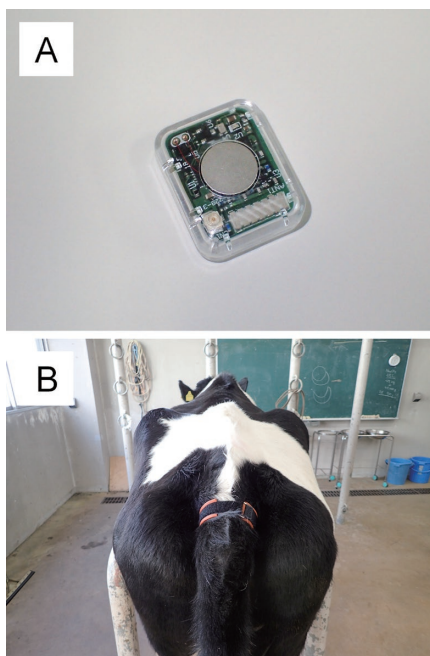
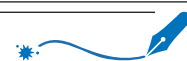


図1. 牛用尾装着型体表温センサの形状と装着法
A. 体表温センサ（20mm × 26mm × 10mm、重さ 5.4g）
B. 専用装着器具により尾根部腹側へ装着



図2. 試験実施農場
A. A農場 大分県、フリーバーン
B. B農場 北海道、タイストール



娩にかけて再び急激に低下する二相性の変化を示すことが明らかとなりました。また、舎内温度との関係を見ると、一度目の体表温低下は舎内温度の影響を受けない一方、二度目の低下は影響を強く受けることが示唆されました。

これらのことから、単純な閾値の設定では正確な分娩予測は困難であると考え、機械学習による分娩予測モデルの構築に取り組みました（図4）。機械学習モデルの構築にあたり、二相性の体表温低下を説明可能な変数（特徴量）として、過去6、12、24時間における体表温残差の最大値や最小値と現在の体表温残差との差など15個の値を算出し、分娩予定日までの日数と合わせて計16個の特徴量を準備しました。また、分娩前における体表温の低下は、舎内温度によって影響を受けると考えられたことから、日平均舎内温度が < 15℃、≥ 15℃ ~ < 25℃、≥ 25℃ において得られたデータから無作為に各10頭ずつ（計30頭分）抽出し、分娩前12時間を正例としてラベル付けすることで教

師データとして使用しました。

作成した分娩予測モデルを用いて、教師データとして使用しなかったA農場の75頭、B農場の33頭について分娩予測を行った結果、A農場では感度85%・精度72%、B農場では感度82%・精度68%、全体では感度84%・精度71%で分娩前24時間以内を予測することに成功しました。これらのことから、開発した体表温センサを用い、機械学習によりセンシングデータを解析することで、飼養環境・飼養形態によらず、高感度・高精度かつ非侵襲的に分娩予測が可能であることが示唆されました。今後、更なるデータの蓄積を行うことで、分娩予測モデルの性能改善を図るとともに、難産予測や周産期疾病への罹患予測技術の開発に取り組みたいと考えています。

おわりに

ウェアラブルセンサなどのIoT技術と機械学習を始めとするAI技術は、これまでの家畜管理の方法を大きく変えると考えています。しかしながら、ウェアラブルセンサから得られるデータの意味を正しく理解し、機械学習の性能を十分に引き出すためには、獣医畜産分野における専門家の知識や経験が必要となります。農研機構では、農業情報研究センターが開設されるとともに農業データ連携基盤（WAGRI）の本格運用が始まったことから、今後、畜産の現場で実際に役立つ様々な技術の開発が進むと期待されます。

発表論文等：

- 1) Higaki S. et al. (2019) Theriogenology 123:90-99
- 2) Higaki S. et al. (2020) J. Dairy Sci. DOI:10.3168/jds.2019-17689
- 3) 檜垣、吉岡 (2018) 家畜診療、65:427-442
- 4) 檜垣、吉岡 (2020) Dairy PROFESSIONAL、16:12-24
- 5) 檜垣、吉岡 (2020) Dairy PROFESSIONAL、16:26-39

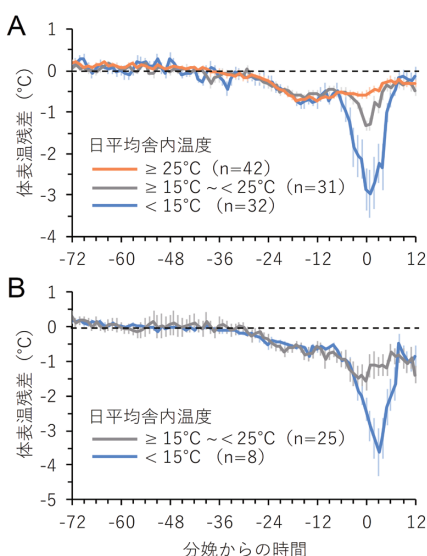


図3. 分娩前後における体表温の推移

- A. A農場での結果
- B. B農場での結果

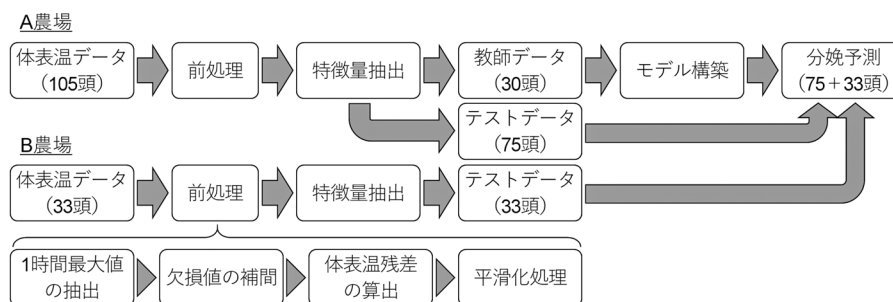


図4. 機械学習による分娩予測モデルの構築と評価の手順

研究情報

口蹄疫抗原検出イムノクロマトキット

MORIOKA Kazuki

越境性感染症研究領域 口蹄疫ユニット 上級研究員 森岡 一樹

口蹄疫は口蹄疫ウイルスの感染に起因する感染症であり、我が国においても最も重要な越境性家畜疾病の一つである。感受性動物は主に牛、豚、山羊、綿羊、水牛等の偶蹄動物で、野生動物を含む多くの動物種で感染の報告がある。伝染性が極めて強いため、防疫および清浄化には甚大な労力を要し、特に清浄国で発生した場合、防疫の遅延は流行拡大を招き甚大な経済被害につながる。

口蹄疫に罹患した家畜は口、鼻、蹄および乳頭の粘膜に水疱、糜爛、潰瘍を形成し、それに起因する摂食障害や運動器障害による罹患家畜に対する直接的な被害と、発生に伴う家畜および畜産物の移動制限や輸出入停止による畜産業、さらに観光業を含めた周辺産業に甚大な経済的被害をもたらす。2010年の国内発生では292農場に疾病が広がり、発生地域である宮崎の被害総額は2350億円にも及んだ。現在も中東、アフリカ、我が国の周辺の東アジア、東南アジア諸国およびロシアにおいては、口蹄疫の発生が続いており、我が国への再侵入については予断を許さない状況が続いている

口蹄疫の診断法にはウイルス遺伝子断片の検出を行うRT-PCRとreal-time RT-PCR、培養細胞を用いたウイルスの分離、ウイルス抗原の検出(ELISA、イムノクロマト法)、感染によってできる抗体の検出(ELISA、ウイルス中和試験)などがある。口蹄疫の確定診断は、農研機構動物衛生研究部門の海外病研究施設の封じ込め施設(バイオセーフティーレベル3ag)において実施され、都道府県から検体の搬入があった場合には、感染ステージに応じた方法(抗原検査(ウイルス分離検査、RT-PCR等の遺伝子検査等)及び血清抗体検査)により検査を行う。実験室での遺伝子検査の結果が出るまでには、概ね4.5時間を要す。

これまでの「口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針」では、感染が疑われる場合は、緊急に検体が持ち込まれて検査が行われ、続発例では、病変部の写真および疫学関連の情報より、疑似患者と判断可能となっていた。病変部の写真による疑似患者の判定は、2010年の国内発生の途中から行われたが、不確実な症例については、動衛研における遺伝子検査の結果に基づいて判定が行われた。

このような状況を鑑み、高いバイオセキュリティを必要とされる口蹄疫の発現場でも検査可能な、特別な機器を必要としない簡易・迅速に検査可能な口蹄疫抗原検出キットの開発に取り組んだ。本研究開発は農研機構、富士フイルム株式会社(以下、富士フイルム)、日本ハム株式会社(以下、日本ハム)の三者により実施され、農研機構が口蹄疫ウイルスと特異的に反応する抗体の作出、抗体の提供およびキットの実証試験を、富士フイルムが写真現像プロセスで用いる銀塩増幅技術を応用した高感度イムノクロマト法の技術応用およびデバイスの提供を、日本ハムがキットの作製および製品化をそれぞれ担当した。従来の抗血清を用いた実験室内抗原検出診断法(間接ELISA)では7血清型それぞれに対して検出を試みる必要があったが、本法では農研機構で作出した口蹄疫ウイルス7血清型に共通する構造蛋白質領域(VP2のN末端)を認識する抗口蹄疫ウイルスモノクローナル抗体を用いることで、これら7血清型全てを検出可能とした。

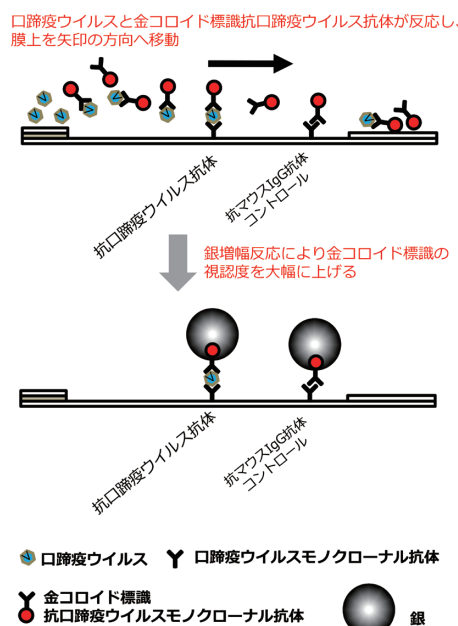
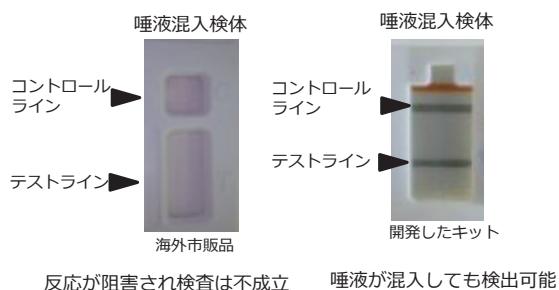


図1 銀増幅イムノクロマト法のイメージ



また、イムノクロマト法とは金コロイド標識抗体と抗原が反応した抗原抗体の複合物が、毛細管現象で移動し、膜上に固相化した抗体に補足され、金コロイドの色（ライン）可視化される方法であるが、富士フィルムの有する銀増幅技術を応用（図1）することにより、簡易診断法の問題点であった検出感度の向上に成功した。次に、口蹄疫罹患動物は口腔および舌の粘膜に水疱病変を形成することが多く、検体中への唾液の混入が予想されるが、海外で市販されている口蹄疫イムノクロマトキットでは、牛の唾液の混入による反応阻害が生じることが明らかになったので、本キットの検体調整液を改良することにより、唾液が検体に混入した場合に見られる反応阻害を取り除くことに成功した（図2）。



* 開発キットは検体に混入した唾液によって反応が阻害されない

図2 唾液混入による反応阻害を解消

さらに、口蹄疫の発生が続くモンゴル国において口蹄疫罹患動物の病変部の上皮乳剤を用いた実証試験をおこなった結果、口蹄疫の遺伝子診断法（real-time RT-PCR）陽性の検体に対して、85.4%の高い一致率を示した（表1）。

本キットは動物用体外診断用医薬品として製造販売承認され（図3）、口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針（以下、防疫指針）の中で口蹄疫防疫への活用について明記された。



図3 NH イムノスティック 口蹄疫

新たに改定された防疫指針では、必要に応じて、動物衛生課の指示のもと、抗原検出キットを用いた一次検査が可能となり、続発例における抗原検出キットの結果が疑似患畜の判定の項目の一つに加えられた。国内防疫に有効活用され、被害の低減および食肉の安定供給に寄与することを期待する。

一方、口蹄疫の常在する東南アジア諸国等では、診断施設や診断機器の寄付などのサポートを受け、上手く機能している例もあるが、施設や機器の維持や保守が困難な例もある。国全体の社会的インフラの底上げが追いつかなければ、これらの施設や機器が理想的に機能しないことも考えられる。さらに、国土が広大な国や交通インフラの不十分な国では摘発の遅れや診断施設への検体搬入に時間を要する。今回開発したキットがこれらの口蹄疫発生国における口蹄疫検査法の一つの選択肢として非常に有用であると考えられ、発生国での疾病コントロールが我が国への口蹄疫侵入リスクの低減につながるものと期待される。

表1 モンゴル国の野外発生例の検体に対するイムノクロマトキットの検出成績

検体	イムノクロマト キット陽性	核酸検出 陽性	核酸検出 陰性	感度 (%)	特異度 (%)
水疱上皮 (92検体)	76	89	3	85.4	100

研究者の素顔

未来の科学は私たちを驚愕させることができるか？

YOSHIHARA Kazuhiro
九州研究調整監 吉原 一浩

私は2003年12月から2006年3月にケニアのナイロビにある International Livestock Research Institute (ILRI) でトリパノソーマに関する研究に従事しました。トリパノソーマは牛の血液中に住み着く原虫で、貧血により牛の経済性を損ないます。ケニアには体格が大きく経済性には優れていますがトリパノソーマに感受性のボランと、小型ですがトリパノソーマに抵抗性を持つダマの2種類の牛がいます。ダマはアフリカに元々いた牛で、ボランは2000年くらい前にヨーロッパから導入したとのこと。つまりダマは、長い年月を経てトリパノソーマと共存できる免疫システムを構築しましたが、経済効率を求めて導入された新参者のボランは、貧血に苦しむ結果となりました。当時ILRIでは、別の研究グループが、ダマとボランを掛け合わせ、QTL解析等の技術を用いて体格が立派でトリパノソーマに抵抗を示す牛の作出を行い、2012年に成果を公表しています。おそらくボランも長い年月をかければ自然にトリパノソーマに対する抵抗性を獲得すると思いますが、せっかちな人間は科学でなんとかします。そして実際に科学は、私たちの生活を豊かにしてきました。科学の進歩は続きますが、それではタイムマシンで未来に行き、未来の科学技術を目の前にしたとき、私たちは驚愕するでしょうか？

現在の科学技術で過去の人を驚愕させることは簡単です。1000年前の人々の上を低空でボーイング777を飛ばしたら、皆さん驚愕するに違いありません。あるいは1954年に公開されたゴジラの代わりにジュラシック・パークをその当時に上映したら、本当に食いやがった、と驚愕を乗り越えてパニックになったかもしれません。しかし私たちはデジタル技術や映画の進歩の過程を知っているので娯楽映画として楽しむことができます。未来の科学技術を目の前にしたとき、そこで使われている科学については、初歩的なレベルです。すでに知っていたり、SF映画やドラえもんなどでおなじみということで、技術の進歩に感動はしても驚愕レベルまでには達しないかもしれません。例えば、遺伝子操作により自らの体をカスタマイズし、さらに体内に侵入した病原体を瞬殺する細胞を体中に張り巡らせ、感染症を過去のものにしていくとしても、遺伝子操作

の初歩的な技術は細胞レベルです。すでに開発されています。月や火星のコロニーは全くの想定内です。宇宙空間では逆に私たちからワープは？と聞くかもしれません。空を飛ぶカメを見せられても、私たちはカメが火を噴射しながら空を飛ぶことを空想の世界で知っています。

私たちを驚愕させる、言い換えれば、ボーイング777をいきなり見せられた1000年前の人々の驚愕と同じレベルの驚愕を与えるためには、現代社会ではまだ知られていない科学や事象、未だに空想さえもされていない技術や何かを見せる必要があると思います。現代の科学は、様々な事象を解明し、解明には至らなくても推測し仮説を立てています。また、宇宙や生命、地球や深海などの探索はとどまるところを知りません。そこに空想科学が無限に広がっていきます。このような科学と空想科学の中で生きている現代の人々を驚愕させるのは、相当の難問ではないでしょうか。

農研機構で生み出される科学技術は、私たちを驚愕させ生活様式を劇的に変えるというよりは、私たちに寄り添いながら生活を豊かにしてくれるものが中心となっています。過去の研究成果を現在も引き続き活用しているように、私たちが生み出した研究成果がさらに発展して未来で活用されていたら、これほどうれしいことはないかと思います。



桜島は、5月中旬で今年171回目の爆発とのことです。1000年後は蓋がかぶせられているかもしれません。

報告

令和元年 病性鑑定実施状況

(1) 口蹄疫疑い事例（写真判定）

	検査件数	検査例数	検査結果	
			疑わしい事例	陰性例数
平成31年1月1日～令和元年12月31日	1	2	0	2

「口蹄疫に関する特定家畜伝染病防疫指針」（平成27年11月20日）

(2) 口蹄疫緊急病性鑑定（写真判定の疑わしい事例を受けて実施）

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			陽性頭数	陰性頭数
平成31年1月1日～令和元年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」（平成27年11月20日）

(3) 高病原性鳥インフルエンザの緊急病性鑑定

	検査件数	検査頭数	検査結果（例数）	
			高病原性鳥インフルエンザ	低病原性鳥インフルエンザ
平成31年1月1日～令和元年12月31日	0	0	0	0

「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」（令和元年9月11日一部改正）

(4) 豚熱の緊急病性鑑定

	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
平成31年1月1日～令和元年12月31日	豚	16	347	13	3
	イノシシ	7	50	7	0

「豚コレラに関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和元年10月15日一部改正）

(5) 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
平成31年1月1日～令和元年12月31日	463	667	0	667

「伝達性海綿状脳症（TSE）検査対応マニュアル」（平成15年6月17日制定、平成27年4月1日最終改正）

(6) 鳥インフルエンザサーベイランス

	検査対象	検査件数	検査例数	検査結果	
				陽性例数	陰性例数
平成31年1月1日～令和元年12月31日	死亡野鳥	1	2	1 ¹	1
	野鳥の糞	1	1	1 ²	0

* 1:H5N3 亜型の低病原性鳥インフルエンザと同等

* 2:H1N9 亜型鳥インフルエンザと同等

「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、平成30年10月一部改正）

(7) 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	海外病研究拠点	北海道研究拠点	九州研究拠点	合計
牛	943 (86)	0 (0)	63 (7)	62 (11)	1,068 (104)
豚・イノシシ	597 (49)	1,878 (84)	10 (4)	80 (3)	2,565 (140)
馬	20 (1)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	20 (1)
めん羊・山羊	92 (7)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	92 (7)
鹿	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
家きん	75 (9)	0 (0)	0 (0)	19 (2)	94 (11)
その他	52 (7)	48 (9)	0 (0)	0 (0)	100 (16)
計	1,779 (159)	1,926 (93)	73 (11)	161 (16)	3,939 (279)

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27年	平成28年	平成29年	平成30年	令和元年	対前年比（%）
牛	983 (159)	846 (93)	1056 (98)	1280 (127)	1,068 (104)	83 (82)
豚・イノシシ	690 (80)	973 (56)	989 (56)	1111 (65)	2,565 (140)	231 (215)
馬	2 (2)	3 (1)	11 (2)	7 (2)	20 (1)	286 (50)
めん羊・山羊	274 (12)	243 (10)	21 (10)	166 (18)	92 (7)	55 (39)
鹿	0 (0)	3 (1)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	—
家きん	216 (22)	214 (13)	790 (17)	107 (13)	94 (11)	88 (85)
その他	103 (30)	234 (23)	655 (18)	70 (9)	100 (16)	143 (178)
計	2,268 (305)	2,516 (197)	3,522 (201)	2,741 (234)	3,939 (279)	144 (119)

令和元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	海外病	北海道	九州	合計
牛							
牛							
口蹄疫事例への助言	写真判定	陰性		2			2
牛 RS ウイルス感染症	RT-PCR、nested PCR、シーケンス、系統樹解析	検体はすべて subgroup III の近傍に位置し、最も近縁である V41 株との一致率は 92.98%であった。	4				4
牛 RS ウイルス感染症	RT-PCR、nested PCR、シーケンス、系統樹解析	検体はすべて subgroup III の近傍に位置し、最も近縁である IW02 株との一致率は 96.13 ~ 97.56%であった。	10				10
牛アデノウイルス感染症	サンガーシーケンス、BLAST 解析	牛アデノウイルス (BAV)3 型と同定され、中国で分離された HLJ0955 株との一致率は 98.35%であった。	3				3
牛アデノウイルス感染症	PCR、ダイレクトシーケンス、BLAST 解析	3 株の塩基配列は 100%一致し、分子系統樹解析の結果 BAV2 型に分類された。	6				6
牛伝染性リンパ腫	ウエスタンブロット解析	1 月 25 日採材の 4 例中 3 例で陽性となったが、2 月 26 日採材の 4 例は全て陰性となった。	8				8
牛伝染性リンパ腫	ドライケミストリー法、アガロースゲル電気泳動	No.1 の LDH 総活性値は 5.435IU/L で顕著な高値を示し、LDH アイソザイム分画比は LDH2 分画比の上昇が見られ、牛伝染性リンパ腫診断を支持する結果が得られた。	4				4
牛伝染性リンパ腫	CoCoMo-qPCR、ウエスタンブロットによる抗体検査	LTR 遺伝子を標的とした PCR において、依頼元の結果とほぼ一致し、プロウイルス量が著しく低値または検出限界以下であったと考えられた。また抗体検査も ELISA 値と WB 結果は一致し、ELISA 検査の非特異反応である可能性は否定された。	8				8
牛流行熱	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	BEFV G 遺伝子の部分配列において、2012 年に分離された株と最も近縁であった。				1	1
牛パピローマウイルス感染症	PCR、ダイレクトシーケンス、BLAST 解析	乳頭由来検体から得られた PCR 産物を解析した結果、BPV-1 型に分類され、日本、トルコ、中国で分離された BPV-1 型の株の塩基配列と 100%一致した。	4				4
牛パピローマウイルス感染症	PCR、サンガーシーケンス、系統樹解析、BLAST 解析	BPV-10 型に分類され、日本、中国で分離された BPV-10 型の株の塩基配列と 100%一致した。	1				1
牛パラインフルエンザウイルス 3 型感染症	PCR、サンガーシーケンス、系統樹解析	8 検体中 3 検体が遺伝子型 A、5 検体が遺伝子型 C であった。	8				8
D 型インフルエンザウイルス感染症	PCR、シーケンス	解析した 7 検体から D 型インフルエンザウイルスの増幅産物を確認し、これらの株はこれまでに国内で検出されている D 型インフルエンザウイルス株と遺伝学的に近縁であった。	9				9
牛口タウイルス感染症	RT-PCR	家保の検査では C 群口タウイルスの遺伝子の増幅を認めたが、動衛研では特異遺伝子は検出されなかった。	8				8
牛口タウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	国内で広く検出される牛 RVC であり、VP7 は G 遺伝子型、VP 4 は P3 遺伝子型に分類された。	2				2
牛口タウイルス感染症	RT-PCR、系統樹解析	7 検体は国内で流行している株と遺伝子型が一致していた。	8				8
日本脳炎	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	我が国で主流となっている遺伝子型 1 に属し、2016 年に検出された株と最も近縁であった。				4	4
アカバネ病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	今回検出されたウイルスは Genogroupe I に分類された。				6	6
ディアギュラウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	3 株ともゲノム分節 2 の部分配列が完全に一致しており、2018 年に分離された株と最も近縁であった。				3	3
ディアギュラウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	3 株ともゲノム分節 2 の部分配列が完全に一致しており、2017 ~ 18 年に九州・沖縄地域で分離された株と最も近縁であった。				3	3
ディアギュラウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	3 株ともゲノム分節 2 の部分配列が完全に一致しており、2019 年に分離された株と最も近縁であった。				3	3
ディアギュラウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	9 株はほぼ同様の遺伝学的性状を持ち、2017 ~ 18 年に九州・沖縄地域で分離された株と最も近縁であった。				9	9
伝染性血栓塞栓性髄膜炎	16sRNA 遺伝子のシーケンス MOMP 遺伝子塩基配列の系統樹解析	<i>Histophilus somni</i> の基準株と高い一致率 99.63%を示した。また MOMP 遺伝子塩基配列の系統樹解析では、グレード II に分類された。	1				1
伝染性血栓塞栓性髄膜炎	MOMP 遺伝子塩基配列の系統樹解析	MOMP 遺伝子塩基配列の系統樹解析で肺炎由来株 8 株はグレード 1 b に、敗血症由来株 2 株はグレード II にそれぞれ分類された。	10				10
牛アクチノバチルス症、牛バ スツレラ症	塩基配列の決定、相同性解析	相同性検索の結果、特に <i>Actinobacillus</i> や <i>Pasteurella</i> 属類と類似度が高かった。				1	1
牛バツレラ症	PFGE、系統樹解析	遺伝学的に 3 つのグループが認められた。	13				13
牛バツレラ症	PFGE	心内膜炎由来の株を除く 5 株がバンドパターンの差異が 6 本以内で、同一由来と考えられた。	6				6

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	海外病	北海道	九州	合計
牛バツレラ症	PFGE	1株を除く血清型1型株の全株及び血清型6型株の全株がそれぞれ同一のバンドパターンを示した。一方血清型2型株は多様なバンドパターンを示した。	38				38
牛バツレラ症	スライド凝集反応	1株は <i>Mannhemia haemolytica</i> 血清型6型、残り4株は2型に同定された。	5				5
牛バツレラ症	スライド凝集反応	1株は <i>Mannhemia haemolytica</i> 血清型1型、残り1株は6型に同定された。	2				2
トルエペレラ症	塩基配列の決定、相同性解析	相同性検索の結果、特に <i>Trueperella(Arcanobacillus)</i> 属菌と類似度が高かった。			1		1
牛レンサ球菌症	16SrRNA 遺伝子のシーケンス、EzTaxon による相同性解析	<i>Streptococcus parasuis</i> 基準株と100%の類似性を示した。	1				1
牛レンサ球菌症	cps-typingPCR、16srRNA 遺伝子のシーケンス、EzTaxon による相同性解析	<i>Streptococcus parasuis</i> と同定した。	1				1
牛カンピロバクター症	亜種特異的 PCR、MLST	<i>Campylobacter fetus</i> subsp. <i>fetus</i> (Cff) と判定され、MLST では ST3 に判別された。	1				1
牛カンピロバクター症	亜種特異的 PCR、MLST	Cff と判定され、MLST では ST3 に判別された。	14				14
牛カンピロバクター症	PCR、MLST	検体は、 <i>C. fetus</i> subsp. <i>fetus</i> (Cff) の ST3 であると考えられる。			1		1
牛カンピロバクター症	PCR(LPS 遺伝子、S-layer 蛋白遺伝子)	1検体は、 <i>C. fetus</i> subsp. <i>fetus</i> (Cff) であると考えられる。			1		1
牛カンピロバクター症	PCR	<i>C. fetus</i> subsp. <i>fetus</i> であると考えられた。			1		1
クロストリジウム症	16SrRNA 遺伝子のシーケンス、Multiplex PCR	16sRNA 遺伝子は <i>Clostridium</i> 属菌に98%以上の一致率を示し、さらに Multiplex PCR によって <i>Clostridium septicum</i> と同定された。	4				4
クロストリジウム症	6つのハウスキーピング遺伝子の一部のPCR、系統樹解析	6株のうち5株は <i>Paeniclostridium sordellii</i> 、1株は <i>P.sordellii</i> と近縁種である <i>Eubacterium tenue</i> と考えられた。また、特定の系統の株のみが皮下気腫を起こすわけではない事が明らかになった。	6				6
クロストリジウム症	6つのハウスキーピング遺伝子の一部のPCR、系統樹解析	全て <i>P. sordellii</i> であることが示された。また、特定の系統の株のみが皮下気腫を起こすわけではない事が明らかになった。	7				7
クロストリジウム症	6つのハウスキーピング遺伝子の一部のPCR、系統樹解析	<i>P. sordellii</i> であることが示された。	1				1
クロストリジウム症	ε毒素遺伝子特異的プライマーによるPCR、シーケンス、BLAST解析	PCR産物の塩基配列は <i>C.perfringens</i> のε毒素遺伝子の配列と100%一致し、毒素型はD型と考えられた。	8				8
抗酸菌症	PCR、シーケンス、リアルタイムPCR	すべて <i>Mycobacterium avium</i> subsp <i>hominissuis</i> と同定された。	9				9
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、マロン酸利用能試験、ゼラチン液化試験	生化学性状試験によって S.Oranienburg と判別した。	2				2
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、 <i>fljC</i> 遺伝子の相同性解析	供試3株は S.Typhimurium の単独変異株であると考えられた。	3				3
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O抗原は28、H抗原は1相がZ10、2相がe,n,xで、血清型は Umbilo であった。	1				1
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O抗原は45、H抗原は1相がm,t、2相が不明で、血清型は Apapa であった。	1				1
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O抗原は28、H抗原は1相がZ10、2相がe、n、xで、血清型は Umbilo であった。	1				1
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O抗原は45、H抗原は1相がm,t、血清型は Apapa であった。2相は判定不能であった。	1				1
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O抗原45、H抗原1相m、t、血清型 Apapa であった。	1				1
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別	26株のうち14株が SNP8型、2株が6型、2株が9型、8株が判別不能であった。	26				26
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	SNP 遺伝子型別では S.4:i:- の全47株が SNP9型、S.Typhimurium の全3株が SNP1型と型別された。PFGE では S.4:i:- において3種の異なる PFGE プロファイルを確認、S.Typhimurium では2種類の同プロファイルを確認した。	2				2
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	全株が SNP9型に型別され、同一の PFGE プロファイルを示した。	3				3
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	4:i:1,2、7株のうち6株が PFGE では同一のクラスターに分類された。 4:i:-、34株の SNP 型は9型で、PFGE では2つの主要なクラスターに分類された。			41		41
サルモネラ症	PFGE, SNP 遺伝子型別、 <i>gyrA</i> の QRDR における塩基配列解析	PFGE では3種類の異なるプロファイルを示し、No1-14は SNP9型、No15は SNP8型に型別された。また <i>gyrA</i> の QRDR にアミノ酸変化を伴う塩基配列の置換も認められた。	15				15
サルモネラ症	PFGE	PFGE プロファイルとして I、II、III、IV、V の5種類が認められた。	13				13

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	海外病	北海道	九州	合計
サルモネラ症	PFGE	XbaI 消化では全株が同一の PFGE パターンを示した。Bln I 消化では 2 種類の PFGE パターンが検出された。	1				1
サルモネラ症	PFGE	S.Bredeney (牛 3、野生生物 2) は全 5 株が同一の PFGE パターンを示した。S.Newport は 3 株 (牛 2、野生生物 1) の SN1 ~ 3 は同一だが、SN4 (牛 1) のみバンド 7 本以上の差を認めた。	6				6
大腸菌症	β ラクタマーゼ遺伝子のシークエンス解析	基質特異性拡張型 β ラクタマーゼ産生菌であることが疑われた 4 株はいずれも ESBL 遺伝子を保有していた。また、6 株すべてペニシリナーゼ遺伝子を保有していた。	6				6
大腸菌症	O 群血清型別	4 検体は判定不能、1 検体は O28 であった。				5	5
大腸菌症	凝集反応	すべて判定不能であった。				9	9
大腸菌症	凝集反応	肺由来の 3 株のうち 1 株は血清型 O22 で、他の 2 株は判定不能であった。心臓由来の 1 株は血清型 O22 であった。	4				4
大腸菌症	PFGE	菌株 1 と 3、菌株 5 と 6、菌株 7 ~ 9、菌株 10 と 11 はそれぞれ株間で疫学的関連がある PFGE パターンを示した。	11				11
大腸菌症	PFGE	菌株の O-genotype ごとに PFGE パターンは同一であった。	13				13
大腸菌症	PFGE	得られた 15 株の PFGE パターンは多様であった。分離株については、子牛の下痢症発生の原因となったか否かの判断に注意が必要である。			17		17
大腸菌症	O-genotyping PCR、薬剤感受性試験	O-genotype は複数にわたった。全国的な傾向と比較し、感受性薬剤が多かった。				15	15
真菌症	PCR、ダイレクトシークエンス、BLAST 解析	食道、第一胃、第二胃の組織には <i>Candida albicans</i> 、第三胃組織には <i>C. albicans</i> と <i>C. glabrata</i> 、第四胃組織には <i>C. africana</i> が含まれていたと判断した。	5				5
真菌症	培養、形態観察、PCR、ダイレクトシークエンス、BLAST 解析	株 No.1 ~ 9 は <i>Candida albicans</i> 、No.10 は <i>Rhizopus microsporus</i> var. <i>azygosporus</i> 、No.11,12 は <i>Lichtheimia corymbifera</i> であると判断した。	12				12
真菌症	培養、形態観察、分子生物学的解析、病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	病変内の真菌は <i>Rhizomucor pusillus</i> と考えられ、肉芽腫性病変形成の主な原因と考えられた。	17				17
真菌症	培養と形態観察、PCR、ダイレクトシークエンス、BLAST 解析	2 株は 100% 同一であり、 <i>Saccharomyces</i> 属真菌と判断した。	2				2
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、臓器からのヨーネ菌遺伝子検出	IFN- γ 検査は 9 検体すべて陰性であった。臓器からのヨーネ菌遺伝子検査では回腸において陽性と判定された。	10				10
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量、培養検査によるヨーネ菌検出	IFN- γ 検査では 24 頭中 1 頭陽性であった。抗体検査では 6 頭全頭陰性となった。臓器の検査では 3 頭中 2 頭が菌分離並びに菌 DNA 陽性となり、糞便では 1 頭から菌 DNA が検出された。	24				24
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量、培養検査によるヨーネ菌検出	IFN- γ 検査により 16 頭中 1 頭が陽性と判定され、抗体検査では 26 頭中 1 頭が陽性と判定された。また 12 頭の糞便からヨーネ菌遺伝子が検出された。	136				136
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量、培養検査によるヨーネ菌検出	10 頭全て陰性と判定された。	10				10
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量	4 頭中 4 頭が抗体及び IFN- γ 検査陰性となり、また 2 頭中 2 頭で臓器検体からの遺伝子検出も陰性となった。一方糞便検体で 4 頭中 1 頭が定性陽性を示したが他の検査は全て陰性であった。	24				24
ヨーネ病	ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量	抗体検査では 6 頭全て陰性と判定した。ヨーネ菌遺伝子検査で 2 頭の臓器はいずれも陰性となった。	24				24
ヨーネ病	ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量	抗体検査は陰性であった。遺伝子検査では盲腸リンバと回腸が陽性となり、それら以外の臓器及び糞便は陰性となった。	8				8
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出・定量	IFN- γ 検査により 8 頭中 4 頭が陽性で他の 4 頭は陰性であった。抗体検査では全頭で陰性であったが、糞便からは 8 頭中 5 頭から遺伝子が検出された。	47				47
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出、ヨーネスクリーニング・ブルキエによる抗体検査、ヨーネ菌遺伝子検出、定量	IFN- γ 検査は陽性、抗体検査は陰性であった。また糞便からの遺伝子も陰性であったが 2 つのリンパ節で陽性となった。	9				9
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出	10 頭中 1 頭が陽性と判定された。	10				10
ヨーネ病	ELISA による牛 IFN- γ 検出	6 頭中 1 頭が陽性と判定された。	6				6

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	海外病	北海道	九州	合計
ヨーネ病	ELISAによる牛 IFN- γ 検出	14 頭全て陰性と判定された。	14				14
ヨーネ病	ELISAによる牛 IFN- γ 検出	4 頭全て陰性と判定された。	4				4
ヨーネ病	ELISAによる牛 IFN- γ 検出	6 頭中 1 頭が陽性と判定された。	6				6
ヨーネ病	ELISAによる牛 IFN- γ 検出	14 頭全て陰性と判定された。	14				14
ヨーネ病	リアルタイム PCR、PCR、シークエンス、BLAST 解析	それぞれ <i>Mycobacterium avium</i> subsp. <i>Hominissuis</i> 、 <i>M. parascrofulaceum</i> 、 <i>M. intracellulare</i> (2 検体)、 <i>M. terrae</i> complex(2 検体) と同定した。1 検体は同定できなかった。	7				7
リステリア症	<i>L.monocytogenes</i> の 7 遺伝子による MLST	それぞれ ST14 及び ST224 に型別された。	2				2
銅中毒	原子吸光法	1 月採取の血清において、肝機能障害がみられる牛では銅濃度が 100 μ g/dL 以上であった。しかし今回検査した 2 月採取の血清では 20 例中 3 例において減少した。	20				20
LPS 血症	比濁時間分析法	血清 68 検体のうち 22 検体で LPS が検出された。濃度範囲は 1.04 ~ 273.3 pg/ml であった。	68				68
LPS 血症	比濁時間分析法	血清 24 検体のうち 7 検体で LPS が検出された。濃度範囲は 1.07 ~ 39.76 pg/ml であった。	24				24
亜鉛欠乏	原子吸光法	発症子牛の亜鉛欠乏症は否定された。しかし発症牛の母牛には亜鉛欠乏があった事が確認された。	4				4
キョウチクトウ (オレандрリン) 中毒	液体クロマトグラフィータンデム質量分析	死亡牛、発症牛、同居牛の全てから血清より、オレандрリンが検出され、特に死亡牛は 14-59ng/ mL と他の牛より高濃度を示した。	17				17
有機リン系殺鼠剤中毒	HPLC、LC-MS/MS	HPLC では検出されなかったが、LC-MS/MS ではクマテラルルを検出した。	1				1
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	鑑定殺牛は血液中チアミン濃度が 10.1ng/ml を示し、欠乏値であり、また臓器中チアミン濃度も正常範囲より低値であった。	9				9
ノカルジア症	免疫組織化学的検査	菌塊及び病変に一致して、抗 <i>Norcardia asteroides</i> 抗体陽性反応を顕著に認めた。	20				20
日本脳炎	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	脳病変部に日本脳炎ウイルス家兎血清に対する陽性反応を認めたが、その他の臓器に陽性反応は認めなかった。	2				2
牛バツレラ症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	精巢上体の病変に一致して家兎抗 <i>P.multocida</i> -A 抗体陽性反応が多数観察され、これらの精巢上体炎に <i>P.multocida</i> が関与している可能性が示唆された。	7				7
牛バツレラ症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	髄膜炎及び脳室炎に一致して家兎抗 <i>P.multocida</i> -A 抗体陽性反応が観察され、これらの病変の <i>P.multocida</i> の関与が示唆された。	16				16
マイコプラズマ肺炎	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肺組織 1 及び 2 に対して家兎抗 <i>Mycoplasma bovis</i> 抗体による陽性反応が多数観察された。	4				4
マイコプラズマ肺炎	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肺組織及び小脳組織に対して家兎抗 <i>Mycoplasma bovis</i> 抗体による陽性反応が観察された。				4	4
大腸菌症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	病変内の大部分のグラム陰性桿菌は抗 <i>E. coli</i> O22 免ポリクローナル抗体に陽性を示した。	28				28
真菌症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	病変内の真菌は接合菌と考えられ、病変形成の主な原因はこれらの真菌と考えられた。	6				6
トルエペラ ビオゲネス症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	炎症細胞細胞質の陽性反応では抗 <i>T. pyogenes</i> 抗体に対する反応が顕著であった。	2				2
ネオスポラ症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	脳幹部壊死巣にまれに抗 <i>N. caninum</i> 抗体陽性反応を認め、また胎盤のごく一部の壊死巣に一致して陽性反応が認められた。	4				4
豚・イノシシ							
豚							
豚熱 (緊急病性鑑定)	シークエンス	豚熱と判定		317			317
豚熱 (緊急病性鑑定)	シークエンス	扁桃由来 PCR 産物より検出された遺伝子の解析の結果、ワクチン株である GPE-株と 100% 一致		30			30
豚熱	RT-PCR、シークエンス	豚熱と判定		30			30
豚熱	シークエンス	豚熱と判定		1380			1380
豚熱	シークエンス	PCR 産物の塩基配列は岐阜県等で確認されている株の塩基配列と完全に一致した。		26			26
豚熱	シークエンス	血清由来 PCR 産物より検出された遺伝子の解析の結果、BVDV1 型と 100% 一致		3			3
豚熱	中和抗体検査	血清 2 検体から豚熱ウイルスに対する中和抗体が検出された。		2			2
アフリカ豚熱	PCR	陰性		57			57
オーエスキー病	ウイルス中和試験	中和抗体は 2 倍未満であった。	1				1

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	海外病	北海道	九州	合計
オーエスキー病	ウイルス中和試験	中和抗体は2倍未満であった。	1				1
オーエスキー病	ウイルス中和試験	中和抗体は2倍未満であった。	1				1
オーエスキー病	ウイルス中和試験	中和抗体は2倍未満であった。	1				1
オーエスキー病	ウイルス中和試験	中和抗体は2倍未満であった。	1				1
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	2つの農場の分離株はいずれもクラスターⅢに分類され、どちらもそれぞれの農場で過去に検出された株と類似性が高く、農場内にて常在化していると推察された。	8				8
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	8株はクラスターⅣに分類され、それぞれの農場で過去に検出された株と類似性が高く、農場内にて常在化していると推察された。3株はクラスターⅡに分類されると推察された。	11				11
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	被検株はすべてクラスターⅣに分類され、それぞれの農場で過去に検出された株と類似性が高く、農場内にて常在化していると推察された。	12				12
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	被検株はすべてクラスターⅢに分類され、それぞれの農場で過去に検出された株と類似性が高く、農場内にて常在化していると推察された。	5				5
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	7検体中1検体のみPCR産物が確認され、クラスターⅢに分類されると推察された。農場で過去に検出された株と類似性が高く、農場内にて常在化していると推察された。	7				7
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	11検体中9検体からPCR産物が確認され、それぞれクラスターⅡ及びⅣに分類されると推察された。	11				11
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	37検体中27検体から遺伝子が検出され、クラスターⅡ、Ⅲ、Ⅳにそれぞれ分類されると推察された。	37				37
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	分離された11株の各ウイルスはクラスターⅠ、Ⅱ、Ⅳに分類されると推察された。	11				11
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	26検体中22検体のPCR産物を確認し、各ウイルス株はクラスターⅠ、Ⅱ、Ⅳに分類されると推察された。	26				26
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	20検体のPCR産物を確認し、各ウイルス株はクラスターⅠ、Ⅱ、Ⅳに分類されると推察された。	20				20
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析、ウイルス分離	肺、脳、扁桃から得られた遺伝子増幅産物の塩基配列は100%一致し、市販弱毒生ワクチン株と96.3%の類似性であった。また扁桃、脳、心臓、肝臓の乳剤よりウイルスが分離され、PRRSウイルスと確認した。	10				10
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	22検体中21検体からPCR産物が確認され、すべてクラスターⅣに分類された。県内で過去に検出された株と類似性が高く、常在化していると推察された。	22				22
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	36検体中遺伝子増幅を認めた24株はクラスターⅢ、Ⅳ、Ⅴ、Ⅱのクラスターにそれぞれ分類されると推察された。	36				36
豚インフルエンザ	次世代シーケンサーを用いた全遺伝子分節の配列解析	分離ウイルス4株全てH3N2亜型であり、HA遺伝子とNA遺伝子は人由来H3N2亜型インフルエンザと近縁で、内部遺伝子分節はA(H1N1)pdm09ウイルスに由来する事が明らかになった。	4				4
豚インフルエンザ	次世代シーケンサーを用いた全遺伝子分節の配列解析	分離ウイルス2株はH1N2亜型であり、NA遺伝子以外はA(H1N1)pdm09ウイルスと近縁で、NA遺伝子分節は日本で循環している豚インフルエンザウイルスに由来している。	4				4
豚インフルエンザ	次世代シーケンサーを用いた全遺伝子分節の配列解析	分離ウイルス株はH1N2亜型であり、HA及びNA遺伝子以外はA(H1N1)pdm09ウイルスと近縁で、HA及びNA遺伝子分節は日本で循環している豚インフルエンザウイルスに由来している。	2				2
豚インフルエンザ	ウイルス分離、次世代シーケンサーを用いた全遺伝子分節の配列解析	豚由来鼻汁5検体の細胞への接種から、1検体(#4)のみモルモット赤血球凝集性のある細胞培養上清を得た。この分離ウイルス株はH1N1亜型であり、遺伝子分節はA(H1N1)pdm09ウイルスと近縁であった。	15				15
豚パルボウイルス感染症	PCR、系統樹解析	PCRにてVP2遺伝子を増幅させシーケンスを実施した結果、欧州の野外株に近縁であることが推察された。	28				28
豚口タウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	豚RVAはG5P[7]の遺伝子型に分類された。	1				1
豚口タウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	両検体のVP7、VP6及びVP4遺伝子の塩基配列は全て一致した。系統樹解析の結果、国内に浸潤している豚RVC株の一つであることが明らかとなった。	8				8

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	海外病	北海道	九州	合計
豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	分離ウイルス9株中、2株がPCV2a、5株がPCV2b、2株がPCV2d-2に分類された。	14				14
豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	分離ウイルス8株はPCV2d2、2株はPCV2 bに分類された。	20				20
豚サーコウイルス感染症	PCR、シーケンス、系統樹解析	分離ウイルスはPCV3のサブグループa1に分類された。	2				2
豚サーコウイルス感染症	PCR、シーケンス、系統樹解析	分離ウイルスはPCV2のそれぞれのサブグループ 2a、2b、2d-1、2d-2に分類された。	24				24
豚デルタコロナウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	4検体のうち3検体で遺伝子増幅を認め、S遺伝子における解析では、2013年から2014年にかけて国内外で流行していた株と同一グループに分類された。	11				11
豚サベロウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、系統樹解析	分離ウイルス3株の塩基配列が最も高い類似性を示したのは、2011年中国由来株であった。	12				12
アカバネ病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、系統樹解析	今回検出されたウイルスはGenogroupe Iに分類された。				6	6
サルモネラ症	PCR、シーケンス、Easyfig2.2.3.による被検菌2株とS. Choleraesuis strain C500の塩基配列比較	菌株①は3491bp、菌株②は2181bpの配列が得られ、菌株①では <i>fljB</i> 遺伝子がトランスポゾンTn10のtransposase挿入で分断されていることが明らかになった。	2				2
サルモネラ症	制限酵素Xba I消化後のPFGE	2019-1株は2018年にJ農場において分離された3株と同一のPFGEパターンを示した。	1				1
サルモネラ症	SNP遺伝子型別、制限酵素Xba I消化後のPFGE	全株がSNP3型に型別され、同一のPFGEパターンを示した。	4				4
豚丹毒	PCR	血清型1b型と同定された。	1				1
豚丹毒	PCR	血清型2型と同定された。	1				1
豚アクチノバチルス症	ゲル内沈降反応	全て血清型15と型別された。	3				3
豚赤痢	B TSAによる細菌培養、菌種特異的PCR、nox遺伝子のシーケンス	65株中2株は生育を認めず。残り63株中58株で <i>Brachyspira hyodysenteriae</i> (Bh)陽性、5株で <i>B. innocens</i> (Bi)と判定された。	65				65
豚赤痢	寒天平板希釈法による薬剤感受性試験	Bh3株ともタイロイシン、リンコマイシンにおけるMICは128μg/mlより大きく、チアムリン、バルネムリンにおけるMICは32μg/ml以上であった。	3				3
豚赤痢	B TSAによる細菌培養、菌種特異的PCR、nox遺伝子のシーケンス	鑑定材料はBhであると考えられた。			1		1
豚赤痢	薬剤感受性試験、PCR	6検体中5検体は、チアムリン、バルネムリンに耐性傾向であり、 <i>tvaA</i> 遺伝子を保有していた。			6		6
豚赤痢	菌種特異的PCR、nox遺伝子のシーケンス	鑑定材料はBhであると考えられた。			1		1
豚大腸菌症	O群血清型別	豚由来大腸菌60株中57株が14種類のO群血清型に型別され、O149及びO139の分離頻度が高かった。	60				60
豚大腸菌症	O群血清型別、薬剤感受性試験、フィルター法によるプラスミド伝達試験等	血清型別では、O149が最も多かった。同一農場から分離された大腸菌とサルモネラは同様の耐性パターンを示した。				43	43
豚大腸菌症	O-genotyping PCR、薬剤感受性試験、毒素及び付着因子のPCR	O-genotypeは主要Og以外の種類及び割合が多かった。全国的な傾向と比較し、感受性薬剤が多かった。				31	31
豚レンサ球菌症	cps-typing PCR、血清型別、 <i>S. suis</i> 特異的 <i>recN</i> 遺伝子配列を標的としたPCR	豚由来株は4株全てが <i>Streptococcus suis</i> と同定され、血清型2型に型別された。	4				4
豚レンサ球菌症	cps-typing PCR、血清型別、制限酵素Swi Iを用いたPFGEによる解析、Multi-locus sequence Typing解析	血清型2型ST1及びST28、血清型3型ST27及びST117、血清型4型ST94、血清型7型ST373の株が複数農場にて存在することが明らかになった。	35				35
豚レンサ球菌症	16SrRNA遺伝子のシーケンス、EzBioCloudによる菌種間比較	分離2株は100%一致し、いずれも <i>Streptococcus orisratti</i> と同定した。	2				2
クロストリジウム症	16SrRNA遺伝子のシーケンス、α毒素遺伝子のPCR	分離4株は100%一致し、 <i>Clostridium haemolyticum</i> か、α毒素遺伝子を失った <i>C. novy</i> type Bの2通りの可能性が示された。	4				4
抗酸菌症	抗酸菌培養検査、PCR、リアルタイムPCR	16株は全て結核菌群、鳥型結核菌群以外の抗酸菌であった。	16				16
フソバクテリウム	塩基配列の決定、相同性解析、PCR	2検体の塩基配列は同一で、相同性検索の結果、最も類似度が高かったのは <i>Fusobacterium necrophorum</i> の亜種 <i>funduliforme</i> (類似度99.8%)で、次いで亜種 <i>necrophorum</i> (類似度99.7%)であった。			2		2
亜鉛中毒	原子吸光法	肝臓で4頭の平均値787.8μg/g、腎臓で613.4μg/gの亜鉛濃度を示し、高度の蓄積を認めた。	18				18
かび毒中毒	液体クロマトグラフ - タンデム質量分析	ゼアラレノンが肥育中期飼料、肥育後期飼料においてそれぞれ120μg/kg、100μg/kg検出された。またフモニシンは下限値である2μg/kgを上回った。	4				4
豚熱	免疫組織化学的検査	肝臓、脾臓、腎臓、肺、扁桃、リンパ節、空回腸において抗豚熱ウイルス陽性反応を確認した。	7				7

対象疾病等	目的・検査方法等	結果	本所	海外病	北海道	九州	合計
豚赤痢	病理組織学的検査、免疫組織学的検査	2 症例に <i>Brachyspira</i> 属菌の陽性反応を病変変性に認めたがその数は多くなく、豚鞭虫の虫体も多数認められた。	1				1
イノシシ							
豚熱 (緊急病性鑑定)	シーケンス	豚熱と判定		36			36
豚熱 (緊急病性鑑定)	シーケンスデータの解析	豚熱と判定		14			14
豚熱	シーケンス	豚熱と判定		34			34
豚熱	シーケンス	解析の結果、経口ワクチンに使用している C-Strain と 100% 一致		3			3
豚熱 (経口ワクチン散布地域におけるサーベイランス)	シーケンス	111 頭中 101 頭の PCR 産物の塩基配列はこれまでに岐阜県等で確認されている株の塩基配列と完全に一致し、10 頭はワクチン株の塩基配列と一致した。		335			335
豚熱 (経口ワクチン散布地域におけるサーベイランス)	RT-PCR、シーケンス	1 頭において PCR 産物の塩基配列は岐阜県等で確認されている株の塩基配列と完全に一致した。		3			3
豚熱	中和抗体検査	豚熱ウイルスに対する中和抗体が検出された。		1			1
豚熱	ウイルス分離	2 検体より豚熱ウイルス分離		4			4
馬							
馬							
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別	20 株のうち 13 株が SNP8 型、2 株が 9 型、5 株が判別不能であった。	20				20
家さん							
鶏							
トリアデノウイルス感染症	シーケンス、系統樹解析	分離ウイルスは、トリアデノウイルスであり、血清型 8 b の系統に属していた。	1				1
トリアデノウイルス感染症	シーケンス、系統樹解析	分離ウイルス No1,2 は血清型 2、No3,4,5,6 は血清型 8b、No7 は血清型 1 の系統に属していた。	7				7
トリアデノウイルス感染症、 鶏伝染性気管支炎	シーケンス、系統樹解析	分離ウイルス 2 検体は同一の塩基配列を示し、トリアデノウイルス血清型 8 b の系統に属していた。また一方の分離ウイルス 2 検体も同一の塩基配列を示し、鶏伝染性気管支炎ウイルス JP- I 遺伝子型の系統に属していた。	4				4
鶏伝染性気管支炎	シーケンス、系統樹解析	分離ウイルスは、No. 1 は JP-VI、No. 2 は JP- II、No. 3 は JP- I、No. 4 は JP- III の各遺伝子型の系統に属していた。	1				1
鶏伝染性気管支炎	シーケンス、系統樹解析	分離ウイルスは Massachusetts 遺伝子型 (Mass 型) の系統に属していた。	1				1
カンピロバクター感染症	PFGE、薬剤感受性試験	同一農場から同時期に分離された複数株の PFGE パターンは同一になることが多かった。一方分離年が異なると同一農場でも PFGE パターンが異なることが散見された。	49				49
サルモネラ症	Xba I 及び Bln I 消化後の PFGE による型別	全株は同一の PFGE パターンを示した。	8				8
サルモネラ症	スライド及び試験管凝集反応	血清型は Senftenberg あるいは Dessau となった。	1				1
大腸菌症	O 群血清型別	血清型別は、O149 が 1 株、OUT が 2 株であった。				3	3
大腸菌症	O-genotyping PCR、薬剤感受性試験	O-genotype は複数にわたった。全国的な傾向と比較し、感受性薬剤が多かった。				16	16
かび中毒	液体クロマトグラフ - タンデム質量分析	トリコテセンかび毒は検出されず、またフモニシンは検出されたが低値であり影響は考えにくい。	3				3
めん羊・山羊							
めん羊							
ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	検査材料からヨーネ菌遺伝子が検出され、ウシ型 / ヒツジ型ヨーネ菌を鑑別する遺伝子検査では型別不能となった。またヨーネ菌は分離されなかった。	7				7
ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	検査材料からヨーネ菌遺伝子が検出され、ヒツジ型に型別された。またヨーネ菌は分離されなかった。	31				31
ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	患者 No.1 は生菌分離、遺伝子検出ともに陰性だった。患者 No.2 は同じく生菌分離陰性だが、ヨーネ菌遺伝子を検出した。しかし抽出 DNA を用いての型別は不能であった。	10				10
ブルセラ病	16SrRNA 遺伝子のシーケンス	<i>Ochrobacterium intermedium</i> と 99.93% の高い一致率を示した。	1				1
山羊							
パピローマウイルス感染症	PCR、病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	PCR では 3 種の供試プライマーのすべてで陰性となった。免疫組織化学的検査では陽性反応を認めなかった。病理組織学的検査でもパピローマウイルス感染を示唆する核内封入体は認めなかった。	8				8

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	海外病	北海道	九州	合計
山羊関節炎・脳炎	寒天ゲル内沈降反応、nested PCR	31 検体中 9 検体で陽性又は弱陽性であり、農場内に CAEV が浸潤していることが示唆された。	31				31
山羊関節炎・脳炎	寒天ゲル内沈降反応、nested PCR	検体 1 では抗体を確認した。また遺伝子検査では CAEV 遺伝子を検出し、2 検体の遺伝子配列は 100%一致した。	4				4
その他							
ウサギ							
兎出血病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、BLAST 検索	検体から RHDV 遺伝子が検出され、遺伝子解析により RHDV 2 型である事が確認された。	4				4
兎出血病	RT-PCR、シーケンス、透過型電子顕微鏡検査	検体から RHDV 遺伝子が検出され、遺伝子解析により RHDV 2 型である事が確認された。また透過型電子顕微鏡検査によりカリシ様粒子が観察され、RHDV であると推察された。	12				12
バスタツレラ症	MLST	本菌株を ST171 と判断した。	1				1
アライグマ							
サルモネラ症	スライド及び試験管凝集反応	分離菌 14 株は 1 株の判別不能を除き、それぞれ Newport, Thompson, Mikawashima, Saintpaul, Oslo の各血清型に属することが判明した	14				14
アライグマ、タヌキ							
豚丹毒	マルチプレックス PCR 法、ゲル内沈降反応	アライグマ 4 株は 2 型が 3 株、5 型が 1 株であった。タヌキ 3 株は型別不明が 2 株、5 型が 1 株であった。	7				7
ヒト							
サルモネラ症	MLST	S.ParatyphiB の 10 株中、各 3 株が ST307, ST127, ST43 となり、1 株のみ ST42 となった。また S.4:b:- の 5 株は 3 株が ST42, 2 株が ST127 となった。	8				8
野鳥							
鳥インフルエンザ	シーケンスによる HA 亜型・NA 亜型の同定、HA 蛋白質開裂部位の推定アミノ酸配列決定	1 株が H3N8 亜型、2 株が H3N3 亜型の鳥インフルエンザと同定した。	6				6
豚肉製品							
豚熱	RT-PCR、シーケンス、ウイルス分離	RT-PCR にて CSFV 遺伝子が検出され、2015 年～2017 年に中国・モンゴルで、2018 年に我が国で検出された株と最も高い類似性を示した。また 5' UTR 領域の塩基配列の分子系統樹解析により遺伝子型 2.1 に属する事が確認された。ウイルス分離は陰性であった。		4			4
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、中国で分離された ASFV の塩基配列と 100%一致した。さらにウイルスが分離された。		16			16
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、欧州及び中国で分離された ASFV あるいは我が国でこれまで摘発確認された ASFV の塩基配列と 100%一致した。ウイルス分離は陰性であった。		28			28
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	249				249
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	409				409
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
鳥インフルエンザサーベイランス							
野鳥							
鳥インフルエンザ	発育鶏卵によるウイルス分離、シーケンスによる HA 亜型・NA 亜型の同定、HA 蛋白質開裂部位の推定アミノ酸配列決定	検体 1 は H5N3 亜型の低病原性鳥インフルエンザと同定したが、検体 2 はウイルス分離陰性となった。	2				2
野鳥糞便							
鳥インフルエンザ	シーケンスによる HA 亜型・NA 亜型の同定	H1N9 亜型鳥インフルエンザと同定した。	1				1

Hot Topics

令和2年度新規採用職員

今年度から動物衛生研究部門に3名の研究職員が加わりました。

池田圭吾 ウイルス・疫学研究領域感染生態ユニット
 新型コロナの影響で採用早々、自宅待機となつてしまい、ようやく初出勤できて大変嬉しく思っております。家畜の感染症を何とかしたいという思いは人一倍持っているつもりです。精一杯頑張りますのでこれからもよろしくお祈いします。

新井暢夫 細菌・寄生虫研究領域腸管病原菌ユニット
 家畜衛生を向上することで日本の畜産振興に貢献したいという思いから、農研機構・動衛研への入所を希望いたしました。病原微生物と宿主動物との相互作用に関する理解の深化を目指し、研究に邁進してまいります。ご指導ご鞭撻の程よろしくお祈い申し上げます。

後藤伸也 病態研究領域寒地酪農衛生ユニット
 学部、大学院とウシの感染症をテーマに研究してきました。感染症の病態発生機序について、特に免疫学的な観点から興味を持っています。農場に返す研究を心掛け、日本の畜産を支えられるような研究者になりたいと思っています。動衛研ではこの信念を胸に将来を見通した研究を行っていききたいです。今後ともどうぞよろしくお祈いします。

動画：動物を守る薬の製造所

疾病対策部生物学的製剤製造グループで担当している生物学的製剤の製造過程を紹介する動画を作成しました。本動画では、世界で唯一製造されている「牛疫ワクチン」や農家で迅速検査が可能な「ひな白痢急速診断用菌液」を紹介しています。

<https://www.youtube.com/watch?v=rVJ6uYm7vIY>



プレスリリース：ASF ウイルスはニホンイノシシにも感染し 豚と同様の症状と病変を引き起こす

現在東欧やアジアで流行している ASF（アフリカ豚熱）ウイルスが、ニホンイノシシに感染するか否か、また感染した場合の症状や病変について検証し、ASF ウイルスがニホンイノシシにも感染し、豚と同様の症状と病変を引き起こすことを確認しました。

https://www.naro.affrc.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/134041.html

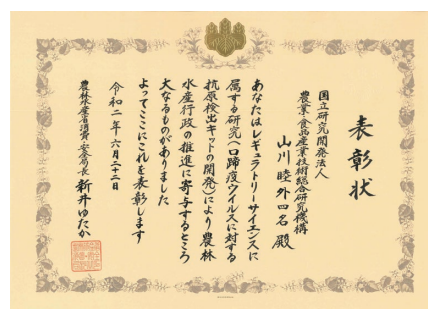
令和2年度消費・安全局レギュラトリーサイエンス部門優良研究者表彰受賞

令和2年6月22日に、山川睦海外病研究統括監ら（以下）が、7種類の血清型が存在する口蹄疫ウイルスの共通抗原に反応するモノクローナル抗体を用いて、全ての血清型を検出できる高感度な簡易抗原検出キットの開発に世界で初めて成功し、口蹄疫の防疫対応の強化に大きく貢献したことにより、令和2年度消費・安全局レギュラトリーサイエンスに属する研究の優良研究者表彰を受賞しました。

（動物衛生研究部門）山川睦、深井克彦、森岡一樹、西達也、山田学

（日本ハム株式会社）松本貴之、北條江里、浦山佳那
 （富士フィルム株式会社）中村健太郎、和田淳彦、牧野快彦

https://www.naro.affrc.go.jp/project/research_activities/laboratory/niah/135712.html



【編集後記】 新型コロナウイルスが話題になり始めた頃、日常生活に対する影響がここまで拡大することを予想できた人はほとんどいないと思います。今年の新人も感染拡大の影響と無縁ではなく、採用から1ヶ月以上にわたって自宅待機を余儀なくされました。アフターコロナ1期生の今後の活躍が期待されます。