No.73 2022.7.29

NIAH ニュース

農研機構 動物衛生研究部門

ISSN 2432-4191

2022.7.29

No.73

内　容

・動物衛生研究部門所長就任挨拶
・特集：薬剤耐性菌
・研究：研究者の素顔
・研究：研究グループ紹介
・報告：令和３年病性鑑定実施状況
・Hot Topics

就任挨拶

動物衛生研究部門 所長　勝田（KATSUDA）　賢（Ken）

この度、筒井前所長の後を受け４月１日付けで国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構動物衛生研究部門の所長を拝命しました。国立研究開発法人として、様々な改革が求められている中、多くの先達が築き上げた輝かしい歴史と伝統を受け継ぐ動物衛生研究部門の所長を仰せつかり、その責務の重大さを痛感しております。

農研機構動物衛生研究部門は、明治 24 年（1891 年）に農商務省仮農事試験場に設置された獣疫研究室を前身として、獣疫調査所、農林水産省家畜衛試験場、動物衛生研究所、動物衛生研究部門と組織、名称は変遷しておりますが、いうまでもなく、国内唯一の動物衛生の研究機関として、明治の時代からわが国の動物衛生を技術面で支え、動物の衛生問題の改善を通じて畜産の持続的な発展に寄与するため動物疾病の予防、診断および治療に関する基礎研究から応用研究・社会実装と幅広い研究を行っています。農研機構は、第５期中期計画で、我が国の農業・食品産業分野の中核的な研究機関として、「食料の自給力向上」、「農業・食品産業の競争力強化と輸出の拡大」、「生産性の向上と環境保全の両立」を我が国の農業・食品産業が実現を目指すべき姿として、科学技術イノベーションの創出と研究開発成果の最大化に取り組んでいます。私ども動物衛生研究部門も新たな組織体制の下、「家畜疾病・人獣共通感染症の診断・防除技術の開発・実用化」という大課題のもとに、４つの中課題を設定して、より一層の農業・食品産業への貢献を目指して、動物衛生分野の研究開発に取り組んでいます。第５期においては、これまでに開発してきた診断や予防に関する技術をさらに深化させ、機構内外、また、国内外の研究機関並びに民間企業などと協力しながら、動物疾病の制御を通じた農業・食品産業の安定的発展と競争力強化に寄与する成果を創出することが求められています。これらの研究課題は、迅速な社会実装が必要とされるものから、数年あるいは数十年の中・長期的な単位で先を見据えた研究まで、様々ですが、いずれにおいても限られた人員・資源で最大限の努力を払う必要があります。

動物衛生研究部門は、動物疾病の専門研究分野として、動物疾病の確定検査や病性鑑定を行うほか、牛疫ワクチンや診断薬などの動物用生物学的製剤の製造と配布や、各県の家畜衛生担当者を対象とした講習会・研修会の開催も実施しています。さらに OIE コラボレーティングセンターやレファレンスラボとしての活動や海外の研究機関との共同研究や開発途上国への技術協力などの国際貢献活動も進めて行く必要があります。

国内外の動物衛生をめぐる情勢は大きく変化し、以前にも増して厳しいものとなっており、高病原性鳥インフルエンザの流行や豚熱が継続的に発生し、海外、特にアジアではアフリカ豚熱の発生が継続するなど重要家畜伝染病が依然、猛威を振るっています。また、国内では畜産経営に悪影響を与えているヨーネ病などの慢性感染症や生産病などへの対応も重要な課題です。加えて、動物由来感染症や食中毒菌・薬剤耐性菌など動物が保有する病原体や微生物が人へのリスクとして顕在化してきており、ワンヘルスに基づく動物サイドからのアプローチも強く求められています。動物衛生研究部門は歴史と伝統を受け継ぎながら、全国の動物衛生関係者並びに諸先輩の皆様のご支援、ご協力をいただきながら、あらゆる状況に対応できるように、職員一丸となって効率的で活力のある組織を目指していきますので、どうぞよろしくお願い申し上げます。

特 集　薬剤耐性菌

薬剤耐性菌問題に対応した近年の研究・開発状況と将来展望

人獣共通感染症研究領域腸管病原菌グループ グループ長補佐　小林 創太（KOBAYASHI Sota）

抗菌剤の不適切な使用によって出現する薬剤耐性菌は、2014 年に公表された「オニールレポート」[1] – 要旨として、薬剤耐性（以下、「AMR」という。）に起因する世界の死亡者数は今後適切な対策を取らない場合、2050 年には 1,000 万人に到達する、とするもの–を契機として、特に近年解決すべき国際的課題となっている。2015 年には WHO 総会において「薬剤耐性問題に関するグローバル・アクションプラン」[2] が採択され、さらに 2019 年に WHO が公表した「Ten threats to global health in 2019」の中にも、薬剤耐性が含められた。

我が国においても、2016 年にグローバル・アクションプランに対応する形で「薬剤耐性（AMR）アクションプラン」[3] が策定され、「人・動物・環境」のそれぞれの領域が連携したワンヘルスアプローチで、様々な取組みが推進されてきた。

ここで、図に示すように抗菌剤は人と並んで畜産においても多く使用されており、飼料添加物も含めれば我が国の総販売量のおよそ半分が畜産業に仕向けられている [4]。そのため、畜産分野で用いられる抗菌剤やその使用の結果出現した薬剤耐性菌、あるいは耐性遺伝子が公衆衛生あるいは環境へのリスクになる可能性が指摘されてきた。このことから、我が国の AMR 問題に取り組む上で、畜産分野における技術開発を推進することは、畜産振興上も家畜／公衆／環境衛生におけるリスク管理上も極めて重要な課題である。

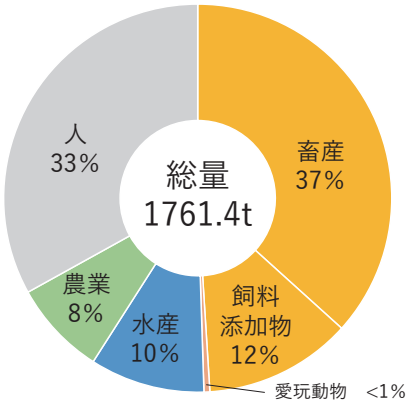


図　我が国の抗菌剤販売総量と仕向け先の内訳（2018 年実績）

そこで、当部門では農林水産省の研究事業を受託し、国内諸機関と連携して家畜由来薬剤耐性菌制御に資するための研究プロジェクト「薬剤耐性問題に対応した家畜疾病防除技術の開発」（JPJ008617. 17935699 / 17935709）を、平成 29 年度から令和 3 年度まで実施してきた（以下、「AMR プロ」という。）。本特集では AMR プロで得られた成果のうち、4 点の概要を紹介する。なお、これらは本プロジェクトで得られたその他の成果と合わせ、農林水産省のレギュラトリーサイエンスに関する Web サイト上でも公表していく予定である。

昨年 5 月に農林水産省が公表した「みどりの食料システム戦略」では、イノベーション等による持続的生産体制の構築のため、迅速かつ的確な診断手法の開発等に基づく畜産技術やワクチン開発・普及の加速化の推進等が示された。その一方、本年 1 月には薬剤耐性菌を原因とする 2019 年の死亡者数が 127 万人（関連死も含めると 495 万人）に達したという推定値も報告されている [4]。本特集で紹介する成果を進展させ、また現在実施中のその他の AMR 対策の向上に資するための研究課題の更なる推進により、この問題への改善に引き続き取組んでいく必要がある。

最後に、AMR プロの研究総括として、プロジェクト推進へご支援を賜った農林水産省、また野外検体や各種情報の収集等にご協力いただいた関係各位に感謝申し上げる。

参考文献

1. O'Neill J: 2014
https://amr-review.org/Publications.html
2. World Health Organization: 2015
https://www.who.int/publications/i/item/9789241509763
3. 厚生労働省ホームページ：薬剤耐性（AMR）対策について
https://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/0000120172.html
4. Antimicrobial Resistance Collaborators. The Lancet: 399, 629-655, 2022

薬剤耐性対策への遺伝子検査の活用

人獣共通感染症研究領域 腸管病原菌グループ長　KUSUMOTO Masahiro 楠本 正博

1．はじめに

国内において流通する抗菌剤の約６割が動物に使用され、中でも使用量が最も多い豚は薬剤耐性菌の発生や拡散に関して重要な家畜と考えられている。また、病原性大腸菌は豚の疾病（下痢、浮腫病、敗血症など）の重要な原因菌であるが、近年の研究により、本菌は健康豚由来大腸菌（非病原性大腸菌）に比べて多剤耐性傾向にあることが知られている。本稿では、1991 年から 2019 年にかけて国内で豚から分離された病原性大腸菌 1,708 株の薬剤耐性を解析した結果と、多剤耐性大腸菌に有効な抗菌剤の情報を示し、遺伝子検査を活用した薬剤耐性対策について提案したい。

2．病原性大腸菌の薬剤耐性獲得状況

国内の豚由来病原性大腸菌の主要 O 群血清型は、多い順に O139、O149、O116、OSB9 であり、これら４種類で全体の約７割を占めていた。O116 と OSB9 は現在のところ病原性大腸菌としては我が国でのみ分離される血清型であり、2000 年代の中頃から国内での浸潤が広がっている。また、O116 と OSB9 は遺伝学的に同一の系統にあり、多剤耐性傾向が顕著な菌群である。特にフルオロキノロン系抗菌剤に対する耐性率の高さが特徴的であり、O116 の 98.3%、OSB9 の 81.2% が本抗菌剤に耐性であった（O139、O149 ではそれぞれ 0.7%、12.6%）。

動物医薬品検査所の報告では、国内のフルオロキノロン系抗菌剤の使用量および健康豚由来大腸菌における耐性菌分布率はともに低く抑えられているため、耐性菌の選択圧としては「治療時」の本抗菌剤の使用に注目することが自然である。一方で、フルオロキノロン系抗菌剤使用歴のない複数の農場から本抗菌剤に耐性の O116 が分離された事例も報告されている。従って、特に O116 や OSB9 のように高度な多剤耐性の菌群に対しては、農場での抗菌剤使用による耐性菌の選択（直接選択）だけでなく、他系統抗菌剤の使用による共選択、さらには耐性菌の農場への浸潤も考慮に入れた対策を行う必要がある。

3．豚由来病原性大腸菌に効果的な抗菌剤

第３世代セファロスポリン系抗菌剤は多剤耐性傾向の豚由来病原性大腸菌に対しても非常に有効であり、主要 O 群血清型では O149 の 1.7%、OSB9 の 4.5% がそれぞれ耐性、O139 および O116 は全株が感受性であった（全体で 1.2% が耐性）。一方、豚の治療目的での第３世代セファロスポリン系抗菌剤の使用により、農場において（本抗菌剤を含む）複数の抗菌剤に耐性の大腸菌が選択され、耐性菌の中にはヒト医療で問題となっている基質特異性拡張型 β ラクタマーゼを産生する株も含まれることが報告されている。従って、耐性菌の農場における選択や伝播を抑え、本抗菌剤の豚での有効性を維持するため、抗菌剤使用の可否や使用する抗菌剤の選定について十分に検討した上で適正に抗菌剤を使用（慎重使用）する必要がある。

4．薬剤耐性対策に活用する迅速検査法の開発

薬剤耐性を解析した 1,708 株から選抜した 935 株の全ゲノム解析およびゲノムワイド関連解析を行い、多剤耐性株が高率に保有する２つの遺伝子（ともに機能未知遺伝子）を見出した。さらに、この２遺伝子に加え、農場で注視すべき遺伝子型および主な病原遺伝子をマルチプレックス PCR により検出する迅速検査法と、本法で得られた検出パターンを菌株情報（データベース化予定）に照会することで有効な抗菌剤を予測する手法を開発した（図）。

前述のように、豚由来病原性大腸菌の薬剤耐性対策には「農場における抗菌剤の慎重使用」と「農場への耐性菌の浸潤防止」の両方が重要である。今回開発した手法を「慎重使用に向けた有効な抗菌剤の選択」と「浸潤防止に向けた耐性菌の監視」に活用し、農場の耐性菌対策に貢献できるよう、普及に努めたい。

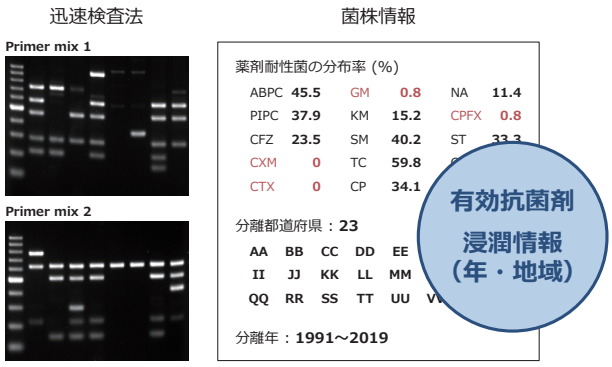


図　迅速検査法と菌株情報（データベース）の利用

特集 薬剤耐性菌

牛マイコプラズマ性乳房炎検査法開発と治療法への展開

疾病対策部生物学的製剤製造室 製造科長 兼 動物感染症研究領域細菌グループ　HATA Eiji 秦 英司

１．研究の背景・目的

Mycoplasma bovis (*M. bovis*) は強い病原性や伝染性が特徴であり、乳房炎、肺炎等様々な牛疾病に関与する。感染牛の多くは難治性のため、治療よりも隔離と淘汰が優先され、経済的損失も大きい。難治性の要因として抗菌剤耐性株の出現に加え、*M. bovis* の場合、その分離から薬剤感受性の判定までには２～３週間を要するため、治療開始時に有効薬剤の適切な選択が不可能であったことが挙げられる。また、マイコプラズマの薬剤感受性特性である細胞壁合成阻害剤（β-ラクタム系抗菌薬、糖ペプチド系抗菌薬、ホスホマイシン）、ポリミキシン、サルファ剤／トリメトプリム、リファンピシン等に対する自然耐性により、有効な抗菌剤の選択肢の幅が狭められることも、治療を困難にしている一因となっている[1]。そこで、懸案事項であった *M. bovis* の薬剤感受性判別法の簡易迅速化を目的に研究を実施した。

２．成果の概要

M. bovis の国内野外分離株で耐性が問題となる５系統の抗菌剤（テトラサイクリン系、マクロライド系、リンコサミド系、スペクチノマイシン、フルオロキノロン系）について、耐性に関わる遺伝子変異を特定した[2]。標的となる遺伝子変異はDNAサンプルの調整[3]、PCR、融解曲線解析、DNAシーケンシングで構成される検出法により、４～６時間程度で検出可能である（図１）。判別根拠となる遺伝子変異の存在は、融解曲線におけるピーク温度の低下、あるいは二峰性曲線への形状変化（図２）により明確に示される。また、融解曲線解析ができないフルオロキノロン系抗菌剤の薬剤耐性については、DNAシーケンシングにより遺伝子変異の検出が可能である[2,4]。なお、従来法では１検体あたり5,000円以上を要するが、本検査法では1,300～1,700円／検体であり、本検査法は要する期間に加えて、検査コストの大幅削減も実現している。

本検査法を応用した牛乳房炎の野外治療例では、高い治癒率が確認されている。本検出法はDNA抽出法を変更することにより様々な検査材料で実施可能であり、*M. bovis* による牛疾病全般の治癒率向上とともに、適切な抗菌剤選択による抗菌剤使用量低減への貢献が期待できる。

３．社会実装への取組みと展望

本検査法の実施マニュアルの作成・配布及び検査に必要な薬剤感受性株から作製した対照DNAの配布を計画している。また、筆者は本検査法を活用した病性鑑定等を積極的に実施しており、結果の一部については家畜保健衛生所の業績発表、論文、事例報告等で公表されている。

今後は、治癒が見込めない牛、すなわち早期淘汰対象とすべき個体と、治療による回復が見込める個体を簡易に判別可能な指標を民間企業と共同で探索し、当該指標と本検査法を組合せて、*M. bovis* 感染症のより効果的な治療・制御法の確立を目指している。

参考文献

1. Gautier-Bouchardon AV. Microbiol Spectr.: 6(4), 2018.
2. Hata E, et al. Appl Environ Microbiol.: 85(13), e00575-19, 2019.
3. Hata E, et al. Vet Microbiol.: 229, 81-89, 2019.
4. Lysnyansky I, et al. Antimicrob Agents Chemother: 53(11), 4911-4914, 2009.

図１ 本検査法の作業工程と所要時間ならびに検体当たりの費用

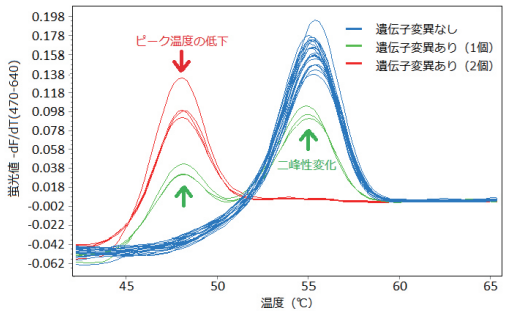


図２ 融解曲線解析による標的遺伝子変異の検出結果

ハチミツを用いた蜂群の腐蛆病菌汚染検出法

動物感染症研究領域細菌グループ 研究員 OKAMOTO Mariko 岡本 真理子　グループ長 TAKAMATSU Daisuke 髙松 大輔

1．背景

蜜蜂の家畜伝染病である腐蛆病が発生した場合、治療は行わず巣箱ごと焼却処分しなければならない。従って腐蛆病対策は予防が極めて重要となるが、現在、承認薬として使用できるのは、アメリカ腐蛆病に対する予防薬であるタイロシン（タイラン水溶散）のみである。このことから、本剤耐性の腐蛆病菌のまん延は、養蜂家の重要な防疫手段の喪失につながる。それを避けるためには、本剤をより慎重に使用する必要があるが、我が国の養蜂場では、蜂群の腐蛆病菌汚染の有無、あるいは本剤に対する耐性菌の選択リスクの程度がわからない中で使用しているのが現状である。

一方、腐蛆病菌は蜂群に臨床症状が現れる数年前からハチミツに混入しはじめると言われている[1]。また、我々は、*ermC* という遺伝子がアメリカ腐蛆病菌をタイロシン耐性化させうること及び本遺伝子がハチミツ中にも存在することを発見した[2]。従って、予防薬使用前にハチミツ中の腐蛆病菌や *ermC* の有無を調べておけば、その養蜂場で本剤を使用すべきか適切に判断することが可能になる。そこで我々は、ハチミツから簡便に腐蛆病菌を検出できる PCR 法を開発した。

2．腐蛆病菌検出法

本法は、予防薬の標的であるアメリカ腐蛆病菌だけでなく、ヨーロッパ腐蛆病菌も検出できる Multiplex PCR の系である。腐蛆病菌は同じ種の中でも株によって幼虫や蜂群への毒性や消毒薬への抵抗性などが異なるが、本法はアメリカ腐蛆病菌の ERIC Ⅰ型、Ⅱ型及びその他の型の株と、ヨーロッパ腐蛆病菌の典型及び非典型株の計５種を検出及び判別可能である[3]。

検査に必要なハチミツの量は 5 ml 程度であり、PCR のテンプレートに使用する DNA は、ヨーネ病の検査に用いるヨーネ・ピュアスピンまたはヨーネスピン ver. 2（FASMAC）で抽出できるため（図：左）、多くの家畜保健衛生所では新たに試薬を購入する必要はない。

岡本らの方法[3]に従えば、本法は対象となる腐蛆病菌がハチミツ 1 ml あたり 100 個以上混入していれば検出可能であり、仮に前述の全てのタイプの腐蛆病菌が含まれる場合は、電気泳動で異なるサイズの５種類の増幅産物が検出される（図：中）。

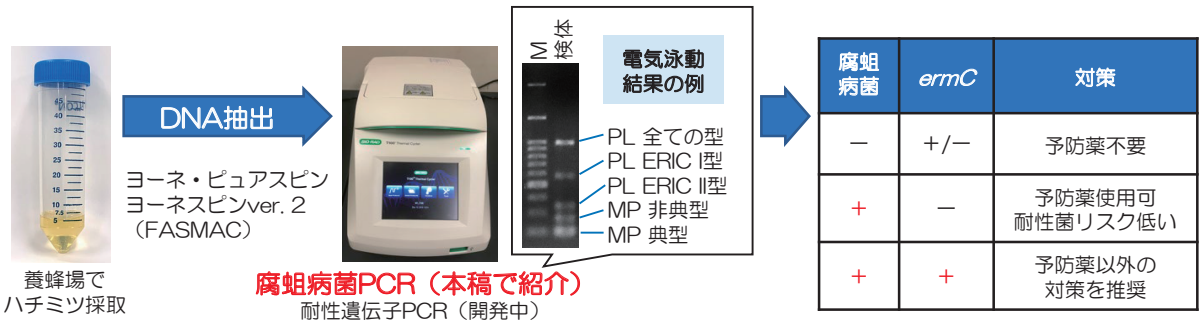
3．活用方法と今後の展開

本 PCR 法を使用すれば、個々の養蜂場でアメリカ腐蛆病菌への汚染（すなわち、将来のアメリカ腐蛆病の発生リスク）の有無を把握でき、汚染がなければ不要な薬剤使用を控えることができる。また、本剤の対象ではないヨーロッパ腐蛆病菌が検出された場合も、巣箱や蜂具の消毒や給餌の改善など、ヨーロッパ腐蛆病の発症予防のための適切な対策を講じることが可能となる。さらに、本法は腐蛆などからの菌の検出にも利用できるため、腐蛆病の迅速診断にも応用可能である。

現在、*ermC* の検出系も開発中である。今後はそれも組み込んだ系（図：右）を構築し、より高度化した検査系に基づく腐蛆病と薬剤耐性菌対策の向上につなげたい。

参考文献

1. von der Ohe, W. Apiacta 38: 137-139, 2003
2. Okamoto, M. et al. Front. Microbiol. 12: 667096, 2021
3. Okamoto, M. et al. J. Vet. Med. Sci. 84(3): 390–399, 2022



図．適切な腐蛆病予防薬使用のための検査系の構想と本研究で開発したハチミツからの腐蛆病菌検出法
PL, アメリカ腐蛆病菌、MP, ヨーロッパ腐蛆病菌、M, 100 bp ラダー

特集 薬剤耐性菌

サルモネラワクチンのシーズ開発

動物感染症研究領域細菌グループ 研究員　中山 ももこ（NAKAYAMA Momoko）　グループ長補佐　江口 正浩（EGUCHI Masahiro）

1．背景

サルモネラ症は下痢や敗血症を主症状とした畜産物を介してヒトに感染する人獣共通感染症である。原因菌であるサルモネラの宿主域は広く、ヒトに加え家畜・家きんも感染、発症する。感染経路は主に経口感染であり、腸管上皮細胞から侵入した後、マクロファージ内で様々な分泌タンパク質を産生することで殺菌を回避して増殖する。家畜・家きんのサルモネラ症は全世界的に認められ、農場で発生すると生産性が低下することに加え、清浄化が難しく、農家にとって大きな経済的損失となることから、感染予防対策が重要視されている。そこで本稿では、我々の研究グループが現在取り組んでいる感染予防効果の高いワクチン開発へ向けた基盤的な研究成果を紹介する。

2．ワクチンシーズの同定と評価

弱毒株を用いた生ワクチンはサルモネラ経口感染に対して優れた防御能を持つことが報告されているが[1]、副反応や病原性復帰の危険性がある。一方、死菌などを用いた不活化ワクチンは安全性が高いものの、免疫誘導効率が低いことが課題となっている。そこで、家畜のサルモネラ症に対して優れた感染防御能をもつ新規の成分ワクチンを開発することを目指し、サルモネラ経口感染の防御に関与する免疫抗原の同定を行った。

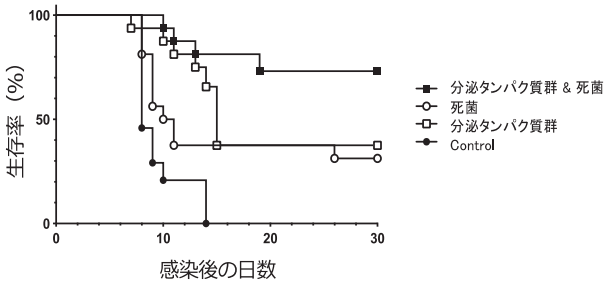


図１. 分泌タンパク質群及び死菌による免疫マウスのサルモネラ感染防御。サルモネラ分泌タンパク質群及び死菌をあらかじめ BALB/c マウスに免疫し、その後、*Salmonella* Typhimurium を 100 LD_{50} CFU 経口感染した。

図１で示すように、我々が分離・精製したサルモネラの分泌タンパク質群による免疫が、その経口感染の防御に関与することを明らかにした。この分泌タンパク質群は、死菌と共に免疫して初めてマウスの生存率を向上させており、サルモネラ経口感染の防御には分泌タンパク質群と死菌のそれぞれに含まれる抗原が関与することが示唆された。

次に、その分泌タンパク質群の中から、経口感染防御に関与する単一のタンパク質 X を同定した [2]。このタンパク質は、図１と同様に死菌と組み合わせた免疫により、サルモネラ経口感染におけるマウスの生存率を向上させた（図２）。またこのタンパク質は、同時に免疫する死菌が感染させる菌と同じ血清型であれば、感染防御を示すことを明らかにした。

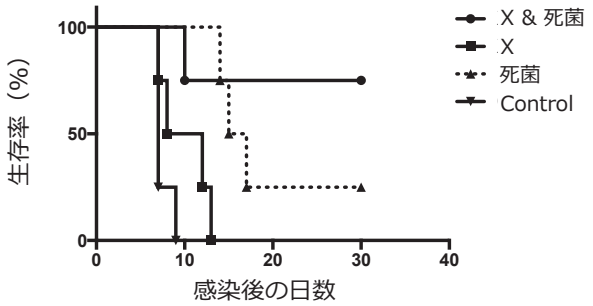


図２. タンパク質 X 及び死菌による免疫マウスのサルモネラ感染防御。タンパク質 X 及び死菌をあらかじめ BALB/c マウスに免疫し、*Salmonella* Typhimurium を 100 LD_{50} CFU 経口感染した。

さらに、ニワトリ及びブタでの検証において、脾臓中の菌数がこの免疫によって有意に減少しており、タンパク質 X と死菌を組み合わせたワクチンは、家畜・家きんにおいても応用できることが示唆された。

3．今後の展望

このように、本研究ではサルモネラ経口感染の防御に関与するタンパク質 X を同定した。今後も成分ワクチンの開発に向けて、感染防御能を向上させるアジュバントの検討等を進めることとしている。

参考文献

1. Mastroeni, P. et al. Vet. J. 161(2):132-64, 2001
2. 江口．特願 2018-128150 SseJ タンパク質を用いたサルモネラワクチン

研究者の素顔

KAWASHIMA　Kenji
研究推進部長　川嶌　健司

本年度より研究推進部長に任ぜられました川嶌と申します。どうぞよろしくお願いします。

昨年３月に腰痛がひどくて、以前患ったヘルニアかと思い病院に行ったところ、「腰椎骨の感染症ですね、直ぐに入院してください」と言われ、その後、腰椎の穿刺材料から結核菌が検出されて、脊椎カリエスと診断されました。肺には病変が全くないのは不思議でしたが、脊椎カリエスは正岡子規の病で有名な由緒正しい？病気で、今時という感じでしょうが、結核自体は国内で毎年 18,000 人の新規感染者がある疾病です（厚生労働省 HP）。「どこで感染したの？」と聞かれて、思い当たる節として「数年前まで毎年何度もプロジェクトでベトナムの農村に滞在していました」と告げたところ、海外株であれば耐性菌かも知れないとなったのですが、幸いにも検出菌は抗結核薬に感受性であったことから事なきを得ました。ベトナムには 30 代の頃の JICA プロジェクトでの短期専門家としての滞在からのおつきあいですが、特に、平成 27 ～ 31 年には「遺伝子バンクの構築と希少品種のブタの持続的な生産システムを作る」というプロジェクトに参加し、3 ヶ月に一度はベトナム在来ブタを飼育する山岳地帯を訪れ、材料のサンプリングや農家への聞き取りをベトナム国家農業大学の教員や学生とともに行っておりました（写真）。ベトナム由来かどうかは、RFLP やゲノム解読したらわかるかとも思いましたが、知らないで良いこともあるなと思い直して、そのままにしております。入院中、自分の椎骨には、馬蹄形に並んだ複数核を持つかっこいいラングハンス巨細胞が活躍しているのかと思うとなんだか嬉しくなり、アニメ「はたらく細胞」のキャラだとどうなるかとか想像して楽しんでおりました。ちなみに一番好きなキャラは NK 細胞です。腰椎骨の手術もしたのですが、主治医が MRI の立体画像をモニター上で角度を変えて示しながら、「この辺が、今、炎症の真最中」との説明を聞いて、デジタル画像の技術や医療コミュニケーションが進んでいることを実感し、今後、AI が「修復度何％、回復まで後１ヶ月ですね」とか告げてくれる日も近いのではと思っておりました。また、転院もしたので何度も入院前のコロナ検査を受けることになりましたが、PCR 検査の結果が出るまで最初１日かかったのが、３ヶ月も経るとポータブル PCR 機器が病院に導入され２時間で結果が出るようになり、需要があれば技術が格段のスピードで浸透することを目のあたりにしました。

さて、動衛研の研究も越境性感染症や新興・再興感染症、人獣共通感染症、薬剤耐性、ゲノム解析、AI、画像解析、オンサイト検査と、社会課題や今時の研究トレンドに合わせて変わってきております。図らずも昨年はこれらを自分で体感することになってしまいました。トレンドに合わせるのも重要ですが、以前、青森県の七戸研究施設でサーコウイルスの組織病変を観察していた頃、「ウイルス疾病なのにラングハンス巨細胞が出現しており、なんでだろう」と文献を読みあさり、それが自分の研究を進めるモチベーションのひとつだったようにも思います。今時のトレンドに合わせながらも、素朴な疑問に答えるような研究も支援できればと思いながら、職務を果たしたいと考えております。

ベトナムホアビン省でのサンプリング中のプロジェクトメンバー（左から４人目が筆者）

2022 年 4 月 2 日、筑波山の普賢寺。週末チャリダーもできるようになりました。

研究グループ紹介

人獣共通感染症研究領域新興ウイルスグループの紹介

人獣共通感染症研究領域新興ウイルスグループ グループ長補佐　MIYAZAWA 宮澤　Kohtaro 光太郎

新興ウイルスグループは、第５期中期計画において腸管病原菌グループとともに、中課題「ワンヘルスアプローチによる人獣共通感染症の監視体制の構築」を担当し、インフルエンザウイルスを主な研究対象としています。高病原性鳥インフルエンザウイルス（HPAIV）の拡散には渡り鳥が関与することから、鳥インフルエンザは越境性動物疾病の代表例とも言えますが、鳥インフルエンザウイルス（AIV）のヒトへの直接感染事例の報告や 2009 年のブタに由来するパンデミックウイルスの出現といった経緯を踏まえると、人獣共通感染症としても重要な位置を占めています。当グループには、兼任者を含め８名の研究員と３名の派遣職員が所属しており、今年度は大阪府および茨城県から長期講習生を受け入れています。

鳥インフルエンザの診断は、都道府県の家畜保健衛生所で A 型インフルエンザウイルス感染の判定とヘマグルチニン（HA）亜型の決定（H5 または H7 亜型インフルエンザウイルスであるか）を実施しますが、当グループでは都道府県からの病性鑑定依頼に基づき、遺伝子の塩基配列に基づきノイラミニダーゼ（NA）を含めたウイルス亜型の特定と HA タンパク開裂部位のアミノ酸配列の推定や鶏へのウイルス接種試験による病原性の判定などの確定検査を行っています。加えて、分離した HPAIV の全ゲノム配列を解読し、世界各国で分離・報告されている AIV の遺伝子情報を活用した分子系統解析により、ウイルス伝播経路の推定を試みています。また、HPAIV の国外流行情報等の監視情報の収集や緊急時に活用できるように新規鳥インフルエンザワクチンの開発も行いながら、防疫の最適化に取り組んでいます。昨シーズンは野鳥での感染事例が多かったことから、環境省からの依頼によりワシやカラスといった家禽以外の鳥類の鳥インフルエンザ確定検査も精力的に実施しました。

一方、豚の生産性を悪化させる要因として呼吸器複合感染症（PRDC）が注目されていますが、豚インフルエンザウイルス（IAV-S）は豚繁殖・呼吸器症候群ウイルスとともに、PRDC を誘発する代表的なウイルスとして知られています。現在のところ、日本では豚インフルエンザはあまり問題視される疾病ではありませんが、アメリカでは農場の生産性に影響を与える重要な疾病として認知されています。PRDC による経済損失を軽減するためには、飼育環境の改善が最も有効な手段ですが、ワクチンによる適切な対策を講じることも重要です。当グループでは、日本養豚開業獣医師協会（JASV）等との協力体制を構築し、全国的な IAV-S の流行調査を実施しています。この調査では、健康な豚を含む臨床検体からウイルスを分離し、全ゲノム解析を実施して直近の IAV-S の国内流行状況の把握に努めています。こうして得られたウイルス株の情報を基にワクチン候補株を選抜し、近年の流行株への効果を検証しています。また、IAV-S は他の病原体と複合感染を起こさない場合には個体レベルでは一過性に終息しますが、当グループが実施した流行調査では、農場内において持続感染が成立し、数年に渡って IAV-S が継続的に分離される事例も認められました。このため、農場における IAV-S の存続様式を明らかにする研究プロジェクトも開始しています。

組織再編に伴い、私を含めてインフルエンザウイルス以外の病原体を主な研究テーマとしてきた研究員が新興ウイルスグループに新たに参加しています。これにより新たな視点も加わったことで多様なインフルエンザ研究が進展していくことが期待できます。現在のところ、新興ウイルスグループではインフルエンザウイルスのみを扱っていますが、当研究部門の動物感染症研究領域とも連携しながら、家畜等で維持されている人獣共通感染症の原因ウイルスやその近縁ウイルスについても研究対象を拡げ、ワンヘルスの推進に貢献したいと考えています。

新興ウイルスグループのメンバー

報告

令和３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３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３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３年１月１日～12月31日	68（31）	1157（607）	65（29）	3（2）

※（　）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３年１月１日～12月31日	豚	22（17）	850（669）	20（16）	2（1）
	イノシシ	9（3）	262（39）	9（3）	0（0）

※（　）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３年10月１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３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３年１月１日～12月31日	14	27	22	5

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３年３月30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３年１月１日～12月31日	434	684	0	682*

＊２頭については、検体の状態が悪く検査実施不可
「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)　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
令和３年１月１日～12月31日	野鳥	15	38	38*	0

＊：高病原性鳥インフルエンザ (H5N8 亜型)、低病原性鳥インフルエンザ (H7N7 亜型)、
　鳥インフルエンザ (H6N2 亜型、N4N2 亜型、H2N5 亜型、H3N8 亜型、H10N6 亜型、H11N9 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３年10月）

(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	海外病研究拠点	北海道研究拠点	九州研究拠点	合　　計
牛	721　(66)	0　(0)	80　(12)	32　(4)	833　(82)
豚・イノシシ	936　(34)	0　(0)	2　(1)	0　(0)	938　(35)
馬	12　(2)	0　(0)	0　(0)	0　(0)	12　(2)
めん羊・山羊	31　(9)	0　(0)	0　(0)	0　(0)	31　(9)
鹿	39　(2)	0　(0)	0　(0)	0　(0)	39　(2)
家きん	104　(12)	0　(0)	0　(0)	0　(0)	104　(12)
その他	34　(8)	11　(2)	0　(0)	0　(0)	45　(10)
計	1,877　(133)	11　(2)	82　(13)	32　(4)	2,002　(152)

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 29 年	平成 30 年	令和元年	令和 2 年	令和 3 年	対前年比（%）
牛	1,056　(98)	1280　(127)	1,068　(104)	1,192　(102)	833　(82)	70　(80)
豚・イノシシ	989　(56)	1111　(65)	687　(56)	1,567　(66)	938　(35)	60　(53)
馬	11　(2)	7　(2)	20　(1)	51　(1)	12　(2)	24　(200)
めん羊・山羊	21　(10)	166　(18)	92　(7)	52　(6)	31　(9)	60　(150)
鹿	0　(0)	0　(0)	0　(0)	0　(0)	39　(2)	ー　ー
家きん	790　(17)	107　(13)	94　(11)	45　(12)	104　(12)	231　(100)
その他	655　(18)	70　(9)	100　(16)	60　(16)	45　(10)	75　(63)
計	3,522　(201)	2741　(201)	2,061　(195)	2,967　(203)	2,002　(152)	67　(75)

令和３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							
口蹄疫	写真判定	陰性		1			1
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シークエンス	PI 牛の原因ウイルスは BVDV2a に分類され、2016 年の北海道及び 2019 年群馬県でそれぞれ分離された株と近縁であった。	12				12
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、系統樹解析	PI 牛のウイルスは BVDV1b に分類された。また BVDV1 型に対する中和抗体価と年齢を解析し、飼育牛舎 H から M では抗体価が年齢に反比例し、移行抗体由来と推察された。	126				126
牛ウイルス性下痢症	5'UTR 及び E2 各領域のシークエンス、系統樹解析	供試した株すべてが 2018 年度に摘発された検体と近縁で、1b または 2a に属した。	37				37
牛ロタウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、系統樹解析	7 検体から VP7 及び VP4 の遺伝子増幅産物が得られ、VP7 では発生年で、VP4 では発生年及び農場間で RVA が異なった。また系統樹解析ではいずれの RVA も G8P [14] 遺伝子型であった。			7		7
牛コロナウイルス感染症	RT-PCR、系統樹解析	A 農場由来株は 4 型に、B 農場由来株は 3 型に分類された。			2		2
牛アデノウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、系統樹解析	本ウイルスは牛アデノウイルス 6 に分類され、同一遺伝子型で他の国内分離株との比較では 98.6 ～ 98.8%の一致率を示した。			1		1
牛アデノウイルス感染症	PCR、シークエンス、系統樹解析	21 検体のうち 2 検体が判別不能となった以外すべて genotype が識別され、最も多かったが BAdV3 の 10 検体で、次に BAdV2 の 4 検体であった。			26		26
牛アデノウイルス感染症	PCR、シークエンス	いずれの検体も 3 型であると判定した。			2		2
牛アデノウイルス感染症	PCR、シークエンス	いずれの検体も 3 型であると判定した。			5		5
牛 RS ウイルス感染症	RT-PCR、系統樹解析	12 検体のうち 2 検体を除き PCR 増幅を認めた 10 検体は G 遺伝子解析により、2019 年に国内で分離された MY05 /19/JP 株に近縁の subgenotypeX lineageB に分類された。	12				12
牛ヘルペスウイルス 4 型感染症	PCR、シークエンス、系統樹解析	2 検体ともに genotype Ⅰに分類され、過去の分離株とも 99%以上の遺伝子一致率を示した。			2		2
牛ヘルペスウイルス 4 型感染症	PCR、シークエンス	牛ヘルペスウイルス 4 型と判定した。			1		1
ブルータング	ウイルス分離、RT-PCR , 系統樹解析	BTV ゲノム分節 3 について核酸レベルでの類似性は 88.2 ～ 88.8%であった。1 株のみ洗浄血球より C6/36 細胞で分離され、Yunnan orbivirus ゲノム分節 3 による RT-PCR で増幅産物を認めた。				13	13
アカバネ病	RT-PCR、シークエンス	標的遺伝子の増幅は認められなかった。				6	6
アルボウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、系統樹解析	1 検体は PEAV、2 検体は DAGV、4 検体は CHUV、1 検体は EHDV-6 出あることが明らかになった。				9	9
牛パルボウイルス感染症	PCR、シークエンス、系統樹解析	ウイルス DNA17 検体のうち、No.11 が牛パルボウイルス 1， No.16 ,17 が牛パルボウイルス 3 の各 VP 遺伝子全長配列として決定した。			18		18
牛丘疹性口炎	PCR、系統樹解析	本検体は 2010 年に岩手県で分離された BSPV と配列が 100%一致した。	7				7
牛アストロウイルス感染症	nested-PCR、PCR	悪性カタルの原因ウイルスである遺伝子断片の増幅を認めなかったが、牛アストロウイルスの pol 領域と 95%一致した。	3				3
牛パピローマウイルス感染症	PCR、シークエンス、系統樹解析	牛パピローマウイルス 10 型と確定した			2		2
パラッポックスウイルス感染症	寒天ゲル内沈降反応	牛丘疹性口炎罹患牛の同居牛 9 頭のうち、5 頭の血清で抗体陽性反応を示した。	14				14
流行性出血病、ディアギュラウイルス感染症、アカバネ病	RT-PCR、シークエンス、系統樹解析	被検 4 株のうち 1 株は EHDV 血清型 6 と同定した。DAGV の 2 株は 100％一致し、2019 年に与那国島、鹿児島で分離された株と 99.7%との一致率であった。AKAV1 株の S 及び M RNA 分節の系統樹解析で genogroup Ⅰに分類された。				4	4
大腸菌症	大腸菌免疫血清を用いた凝集反応	鑑定材料の 2 株とも型別不能（OUT）となった。	2				2
大腸菌症	シークエンス	*Mannheimia varigena* と同定した。	2				2
大腸菌症	16S rDNA のシークエンス解析、BLAST 解析	1 株のみ *Pseudomonas rhodesiae* と同定されたが、他の２株はそれぞれこの配列では同定不能、公共データベースにない菌種となった。	3				3
大腸菌症	o-genotyping、PFGE	O-genotyping では被検体 10 株のうち 5 株が Og8, 3 株が Og76、1 株が Og11ac、1 株が Og45 に型別された。PFGE では４つの PFGE 型が区別された。	10				10

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
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	O1，3，19 群と判定されたが、H 抗原についてはデンカ生研の抗血清を用いて判定不能となった。	1				1
サルモネラ症	PFGE	2 株はそれぞれⅡ b とⅢ c に識別された。	2				2
サルモネラ症	PFGE	菌株 2 株の PFEG 像は XbaI 及び BlnI 消化後のどちらの制限酵素を使用しても同一であった。	2				2
サルモネラ症	PFGE	PFEG 像は XbaI、BlnI 消化後のどちらの制限酵素を使用した場合も 2 検体ともに同一であった。	2				2
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	SNP 遺伝子型別により、27 株中は 16 株が SNP9 型、7 株が SNP2 型、2 株が SNP5 型、2 株が SNP6 型に型別された。また PFGE では 6 つの型に区別され、PFGE Ⅰ、Ⅲ、Ⅴが各 2 つ、Ⅵ型は 3 つの亜型に区別された。	27				27
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	過去の分離された 18 株を含む、計 37 株を比較解析し、9 つのクラスターに区分され、さらに PFGE Ⅰ型、Ⅵ型、Ⅶ型はそれぞれ 2 つの亜型に細分された。牛由来 2 株は PFGE 型Ⅱ及びⅧ、SNP 遺伝子型 5 及び 8 とそれぞれ認めた。今回牛由来 2 株では SNP 遺伝子型は 5 と 8 を認めた。	2				2
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	サルモネラ属菌 4:i:- と Minnesota はともに PFGE 像が全株一致し、SNP 遺伝子型別では 4:i:- はすべて SNP9 型に型別された。	12				12
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	XbaI 消化後の PFGE 像で ST と非定型 ST の計 15 株から 8 種類の PFGE 像が得られたが、SP5 株では XbaI、BlnI 消化のどちらも全て同一であった。SNP 遺伝子型別で T-2 株の SNP6 型を除き、残り 14 菌株はすべて SNP9 型に型別され、SP5 株は適用外となった。 牛由来 9 株でみると 3 株が適用外で、残り 6 株はＳＮＰ遺伝子型 9 であった。	9				9
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	ST 及び非定型 ST の計 23 株から XbaI 消化後の 4 種類の PFGE 像が得られた。SL では XbaI 消化後ではすべて一致し、BlnI 消化では 3 種類の PFGE 像を得た。SNP 遺伝子型別では菌株 10、11 は SNP6 型、菌株 22、23 は型別不能で、その他非定型 ST はすべて SNP9 型であった。	29				29
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	過去分離株の 8 株を足した計 19 株の PFGE 像は 4 つのクラスターに区分され、Ⅰ型とⅡ型はそれぞれ 4 つ、2 つの亜型に細分された。またⅠ型は SNP9 型、Ⅱ型は SNP1 型、判別不能、、Ⅲ型は SNP6、Ⅳ型は SNP7 型で構成された。	8				8
サルモネラ症	PFGE、シークエンス、代表株との変異同定	BlnI 消化後の PFGE 像から被検菌はⅠからⅣ型に区分された。*Salmonella* Typhimurium ATCC13311 株の GyrA と比較して菌株 1 ～ 6 は 87 番目のアミノ酸残基がアスパラギン酸からチロシンへ、菌株 No7 ～ 13 は同位置がアスパラギン酸へ置換されていた。	13				13
シトロバクター属菌感染症	16S rRNA 解析	流産胎子脾臓由来菌株は *C.koseri* であると同定した。病理切片抽出 DNA を用いた組織切片中の細菌同定では可変領域 V4 及び V6 で増幅産物が得られたものの、解析を行うのに十分な質の塩基配列データを得られず同定不能となった。	5				5
牛パスツレラ（マンヘミア）症	16S rRNA 遺伝子の塩基配列解析	本鑑定株は一致率 99.87%により、*Mannheimia pernigra* と同定した。	1				1
牛パスツレラ（マンヘミア）症	16S rRNA 遺伝子解析	鑑定材料の菌株は *Mannheimia varigena* であると同定した。	1				1
牛パスツレラ（マンヘミア）症	PFGE 解析	33 株は 6 つのクレード、7 つのサブクレードに分類された。	33				33
牛パスツレラ（マンヘミア・ビベルステイニア）症	16S rRNA 解析	病性鑑定株は *Bibersteinia trehalosi* に 98.15%の一致率を示したが低い数値であり、*B.Trahalosi* 近縁な *Bibersteinia* 属菌と考えられ同定に至らなかった。	1				1
ヒストフィルス・ソムニ感染症	薬剤感受性試験	アンピシリンにおいて 2 株の中間の耐性を示す株を認めたが、各薬剤に対する MIC 分布は概ね一峰性であり、顕著な耐性株は認めなかった。	22				22
モラキシラ属菌感染症	16S rRNA 解析	2 株とも最も類似性が高かったのは *Moraxella bovoculi* で、それぞれ 100%と 99.86%であった。	2				2
モラキシラ属菌感染症	16S rRNA のシークエンス解析	*Moraxella bovoculi* と同定された。	1				1

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
リステリア感染症	PCR 、シークエンス、MLST	9 株が ST1、2 株が ST226、1 株が ST403 であった。			12		12
ノルカジア症	16S rRNA 遺伝子解析	*Nocardia farcinica* との一致率は 100%を示した。	1				1
ストレプトコッカス属菌感染症	PCR、シークエンス	2 株はお互い 100%一致し、さらに連鎖球菌と 95.94%一致したことから、ストレプトコッカス属菌と考えられた。	2				2
ストレプトコッカス感染症	PCR、シークエンス	*Streptococcus parasuis* と同定した。	2				2
ストレプトコッカス感染症	DNA 抽出、16S rRNA 遺伝子解析、生化学性状検査、MLST	3 株とも *Streptococcus gallolyticus* であることは確認できたが、亜種に関しては断定できる結果は得られなかった。	3				3
ストレプトコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析、sodA 遺伝子解析	2 株とも *Streptococcus equinus* であると同定した。	2				2
クロストリジウム感染症	MLST 解析	ST142 と sodA 遺伝子だけが異なる新規 ST であることが判明した。	1				1
クロストリジウム感染症	PCR、シークエンス	両株とも遺伝子の保有パターンは同一であり、毒素型は A 型であった。	2				2
放線菌症	PCR、シークエンス	本検査株は *Streptomyces diastaticus* の配列と 100%一致した。	1				1
抗酸菌症	PCR, シークエンス、リアルタイム PCR	*Mycobacterium avium* subsp.*hominissuis* と同定された。	1				1
マイコプラズマ感染症	Hybridizaion pobe による融解曲線解析、DNA シークエンス、PFGE 解析、MLST 解析	TET 並びに 16MML 感受性低下 SNP は全株で認められた。PFGE 解析では 2020/10/20 に分離された２株のパルスパターンは 2016 年分離株と同一であった。MLST 解析では 4 株が ST141 を、1 株が ST21 を示した。	5				5
マイコプラズマ感染症	Hybridizaion pobe による融解曲線解析、DNA シークエンス	TET 並びに 16MML 感受性低下 SNP は全牧場由来株で認められた。FQ 感受性低下 SNP は 3 牧場由来株で認めたが、ML 全般並びに LCM 感受性低下 SNP と SPM 感受性低下 SNP は検出されなかった。	28				28
マイコプラズマ感染症	*rrs* のシークエンシングによる菌種同定、融解曲線解析と SNP が認められた箇所の DNA シークエンシング、PFGE 解析、MLST 解析	未同定であった検体の *rrs* の塩基配列は *M.bovis* の *rrs* と 100%一致した。TET と 16MML 感受性低下 SNP は全株で認められた。2012 年の 3 株は PFGE で同一のパルスパターンを示し、ＳＴ 21 であった。また 2021 年の 9 株も同一のパルスパターンを示すとともに ST19 を示した。	12				12
マイコプラズマ感染症	SNP 解析、MLST 解析、PFGE 解析	MLST により ST19, 26,52,60,100,140,158-165, 167,168 の計 16ST に区別された。1 か月以上の間隔をおいて特定のパルスタイプを示す *M.bovis* 野外株が分離された農場が３つあった。	43				43
マイコプラズマ感染症	SNP 解析	TET,16MML,FQ 感受性低下 SNP を認めた。一方ＭＬ全般、LCM、SPM 感受性低下に関与するＳＮＰは検出されなかった。	1				1
マイコプラズマ感染症	シークエンス、BLAST 解析	被検株の *rrs* の塩基配列は *Mycolplasma bovirhinis* の *rrs* と高い類似性を示した。	1				1
細菌感染各種	16S rRNA 遺伝子解析	病性鑑定 9 検体のうち牛由来 6 検体の No.3 が *Moraxella bovoculi*、No.4 が *Moraxella bovis*、No.5 が *Streptococcus plurarimalium*、No.6 及び No.8 が *Manheimia ovis*、No.7 が *Manheimia heamolytica* がそれぞれ最も高い類似性%となった。	6				6
細菌感染各種	16S rRNA 遺伝子解析	被検分離菌のうち 10 株は *Streptococcus pluranimalium* であり、No5 のみ *Acrococcus* 属であった。また No.4 と No.9（グラム陽性小桿菌）は *Trueperella pyogenes*、No. 9（連鎖球菌様の菌）は *Reseomonas mucosa* であった。	13				13
細菌感染各種	16S rRNA シークエンス解析	乳汁由来分離菌のシークエンス解析の結果、最も類似度が高かったのは、*Acholeplasma laidlawii*（99.2%）であった。			2		2
真菌症	培養性状（コロニー形態。実体顕微鏡及び光学顕微鏡観察）、分子生物学的解析	*Chaetomium* 属真菌と判断した。	2				2
真菌症	PCR、シークエンス	5 株間の 474bp の塩基配列が得られ、100% 一致した。これらの真菌は *C.toropicalis* であると判断された。	5				5
脂溶性ビタミン A 欠乏症	高速液体クロマトグラフ	死亡した牛の血清ではビタミン A,E は欠乏値でβカロチンは検出されなかった。その他の牛の血清もいずれもビタミン A は欠乏値であった。	17				17
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	大脳皮質壊死症を発症した個体の全血チアミン濃度は欠乏値を示した。	25				25

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
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	2 頭とも全血のチアミン濃度が検出限界以上となり、かつ臓器も正常範囲であった。従ってチアミン製剤を投与された後に材料採取された可能性が高い。	4				4
銅中毒	原子吸光光度法	死亡した子牛 No.1 の血清銅濃度は 381 μg/dL と著しく高く、また肝臓、腎臓中の各濃度も 218 μg/g、137 μg/g と正常値と比較し高かった。	12				12
銅中毒	原子吸光光度法	死亡牛の No.1 の肝臓、腎臓中の各濃度は 611 μg/g、29 μg/g であり、また No.2 も肝臓中濃度で 703 μg/g の著しい高値を認めた。	6				6
銅中毒	原子吸光光度法	2 頭の肝臓及び血清における動濃度の高値と家畜保健衛生所による病理検査結果をを合わせると、2 頭の死亡原因は銅中毒と考えれれる。	16				16
肝機能障害	比濁時間分析法	今回検査した血清 9 検体のうち 3 検体でエンドトキシン（LPS) が検出された。	9				9
牛丘疹性口炎	免疫組織化学的検査	舌及び食道において、粘膜上皮細胞の病変に一致して抗パラポックスウイルス家兎血清に対し陽性反応を認めた。	2				2
真菌症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	No1 の検査結果では供試抗体との反応を認められなかった。No2 では病変内の真菌の属名は判断できないが接合菌であり、病変形成の原因と考えられた。	2				2
真菌症	免疫組織化学的検査	陽性コントロールブロックは 3 種の抗体反応を認めたが、検体 1 及び 2 におけるすべての抗体の陽性所見は認められなかった。	5				5
ヒストフィルス・ソムニ感染症	免疫組織化学的検査	心臓及び肺の細菌塊及び病変に一致して *Histophilus somni* 抗原が多数認められた。	3				3
ウレアプラズマ感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	No,1 の肺及び胎盤、No.2 の肺において供試抗体による陽性反応は認められなかった。	24				24
ノルカジア症	免疫組織化学的検査	膿瘍内部、膿瘍を取り囲む類上皮細胞内にグラム陽性フィラメント状細菌が観察され、これらに一致して *N.asteroides* 家兎血清に対する陽性反応が多数観察された。	47				47
マイコプラズマ感染症	免疫組織化学的検査	牛の被検材料の関節包と骨格筋において *M.bovis* 抗原が検出された。	4				4
マイコプラズマ感染症	免疫組織化学的検査、グラム染色	大脳、小脳の髄膜からくも膜下腔に見られた多巣性凝固壊死病に抗 *Mycoplasma bovis* 抗体陽性反を認めた。しかしグラム染色ではその凝固壊死病変部にグラム陽性・陰性菌は確認されなかった。	3				3
住肉胞子虫症	免疫組織化学的検査	心臓では原虫のシストに一致して抗 *S.cruzi* 家兎免疫血清陽性反応が認められたが、その反応性は弱かった。	8				8
血管過誤腫	免疫組織化学的検査	腫瘤は大小不同の血管様管腔構造と繊維性結合組織で構成され、管腔を内張する細胞は第Ⅷ因子関連抗原陽性で、管腔周囲の細胞は SMA 陽性であった。	2				2
豚・イノシシ							
豚							
CSF(緊急病性鑑定)	シークエンス	CSF と判定した。		621			621
CSF(緊急病性鑑定)	シークエンス、リアルタイム PCR	CSF と判定した。		45			45
CSF(緊急病性鑑定)	シークエンス	PCR 産物はワクチン株である GPE- 株由来と判定した。		3			3
CSF	リアルタイム PCR	CSF と判定した。		82			82
CSF	シークエンス	PCR 産物はワクチン株である GPE- 株由来と判定した。		99			99
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シークエンス	供試ウイルス株はクラスターⅡ、Ⅳに分類される野外株と推察された。	224				224
豚繁殖・呼吸障害症候群	PCR、シークエンス、系統樹解析	RNA 抽出物 17 検体中 15 検体から PCR 産物が得られ､8 株がクラスターⅡに､2 株がクラスターⅠ、5 株がクラスターⅣに分類された。	34				34
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 2 検体はクラスターⅡ及びⅢにそれぞれ分類された。	4				4
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 3 検体はクラスターⅡに分類された。ウイルス分子は陰性となった。	8				8
豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス	全 4 検体は 100％一致し、PCV2d-2 に分類された。	4				4

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
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス	PRRSV はワクチン株が属するクラスターⅡに属した。PCV3 はサブグループ a2 に属した。	12				12
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス	PRRSV はワクチン株が属するクラスターⅡに属した。PCV2 は 2b に属した。PCV3 はサブグループ a 1 に属した。	31				31
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス	PRRSV ではそれぞれの農場より多様なクラスターが認められ、Ⅰ、Ⅱ、Ⅲ、Ⅳを確認した。また PCV 3 ではサブグループ a1 に属した。	66				66
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス	PRRSV はワクチン株が属するクラスターⅡに属した。PCV2 は 2a、2b、2d-2 に属した。PCV3 はサブグループ a1、a2 に属した	35				35
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 4 検体はクラスターⅡに分類された。また PCV3 の 11 検体では a1 に属していた。	42				42
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 13 検体はクラスターⅡ、3 検体はクラスターⅢに分類された。PCV2 の 8 検体は 2b に属した。また PCV3 の 13 検体では a1 に属していた。	102				102
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 8 検体はクラスターⅡに分類された。また PCV3 の 3 検体では a1 に属していた。	11				11
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 3 検体はクラスターⅡに分類された。また PCV3 の 1 検体は a1 に属していた。	4				4
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 3 検体はクラスターⅣに分類された。また PCV3 の 3 検体では a1 又は b1 に属していた。	12				12
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 4 検体はクラスターⅡに分類された。また PCV2 の 4 検体は PCV2 b に属していた。PCV3 の 17 検体のうち 12 検体はは a1、5 検体は a2 に属していた。	54				54
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 8 検体はクラスターⅡに分類された。また PCV2 の 4 検体は PCV2 b に属していた。PCV3 の PCV 産物は得られなかった。	32				32
豚繁殖・呼吸障害症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シークエンス、系統樹解析	PCR 産物が得られた PRRSV の 32 検体はクラスターⅡ、Ⅲ、Ⅳに分類された。PCV2 の 1 検体は PCV2d-2 に属し、PCV3 の 3 検体は a1、a2 に属していた。	45				45
伝染性胃腸炎	間接蛍光抗体法	分離ウイルスすべてで陽性抗原と同様の伝染性胃腸炎 TO-163 株免疫ウサギ血清による特異蛍光を認めた。	4				4
大腸菌症	大腸菌免疫血清を用いた凝集反応	いずれも凝集を確認できす、OUT と判定した。	4				4
大腸菌症	PFGE	15 株から 5 種類の異なる PFGE パターンが検出され、4 つの遺伝子型Ⅰ～Ⅳ型を認め、Ⅰ型はさらに 2 亜型（Ⅰ a、Ⅰ b）に細分された。	15				15
大腸菌症	凝集反応	個体番号 No.1 の肝臓、皮膚から大腸菌 06、小腸内容からは 08 を認めた。No.2 では小腸内容で同じく 08 を認めた	8				8
サルモネラ症	スライドおよび試験管凝集反応、特異遺伝子（IS200 ）検出 PCR,　PFGE 及びクラスター解析	血清型別の結果、40 株中 16 株が Typhimurium、19 株が 4:i:- 、3 株が Derby であった。O 抗原の型別ができなかった 2 株はサルモネラ属菌以外と考えられた。PFGE は 35 株を供試し 2 つの異なるプロファイルを認め、34 株がⅠ型、1 株のみⅡ型であった。	40				40
サルモネラ症	PFGE、デイスク拡散法及び寒天平板希釈法による薬剤感受性試験	A 農場分離 5 株、B 農場分離 2 株はそれぞれ同一の PFGE 像を示した。菌株 No.4(B 農場分離）を除く 6 株は NAL、STL、SUL、TET に耐性であり、No. 4 はその 4 薬剤に CIP の耐性が加わった。	7				7
サルモネラ症	PFGE、デイスク拡散法及び寒天平板希釈法による薬剤感受性試験	*Salmonella* Choleraesuis 5 株から 3 つの異なる PFGE 像が得られた。菌株 No 5 は試験に用いた全ての薬剤に感受性を示し、その他の菌株は NAL、STR に耐性であった。	7				7
サルモネラ症	MLST、生化学性状検査、ディスク拡散法及び寒天平板希釈法による薬剤感受性試験	硫化水素非産生性、シークエンスタイプ 68 と判定された。薬剤感受性試験では 50 株中 44 株は 3 薬剤（SSuT) あるいは SSuT の耐性パターンに 1 から 4 薬剤を追加した薬剤耐性パターンを示した。	50				50

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
サルモネラ症	PFGE、MLST、生化学性状検査、ディスク拡散法及び寒天平板希釈法による薬剤感受性試験	供試した 40 株は２つのクラスターに区別された。各クラスターはそれぞれシークエンスタイプ 68、硫化水素非産生および ST145、硫化水素産生性の菌株で I 構成された。	39				39
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	過去の分離された 18 株を含む、計 37 株を比較解析し、9 つのクラスターに区分され、さらに PFGE Ⅰ型、Ⅵ型、Ⅶ型はそれぞれ 2 つの亜型に細分された。なお豚由来 16 株のうち最も多数を認めたのは PFGE 型Ⅰ a 型 10 株であり、その SNP 遺伝子型は 3 となった。	16				16
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	過去分離株の 8 株を足した計 19 株の PFEG 像は 4 つのクラスターに区分され、Ⅰ型とⅡ型はそれぞれ 4 つ、2 つの亜型に細分された。なお豚 3 株の解析ではすべて血清型は 4:i:-、SNP 遺伝子型は 9 であったが、PFGE では 2 頭がⅠ a、1 頭がⅠ b となった。	3				3
ストレプトコッカス感染症	PCR、シークエンス	検査 4 株はお互いに 100％と一致し、これらの菌株を *Streptococcus dysgalactiae* subsp. *equisimilis* と同定した。	4				4
豚胸膜肺炎	ゲル内沈降反応	供試 2 株はともに判別不能となった。			2		2
食塩中毒	イオン電極法	脳脊髄液濃度は 100.4 mg/L を認め、正常値より大幅に下回る結果となり、食塩中毒を支持しない結果であった（採材時の不適切あり）。	1				1
豚熱	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	扁桃の陰窩上皮及びリンパ濾胞、腎臓の尿細管の一部、大脳の髄膜脳炎病変に一致して抗豚熱ウイルス抗体陽性反応を確認した。	8				8
豚サイトメガロウイルス感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	鼻甲介と腎臓の組織において好塩基性大型核内封入体及び抗豚サイトメガロウイルス家兎血清に対する陽性反応を認めた。	3				3
豚胸膜肺炎	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	壊死巣に多数のグラム陰性小桿菌を認め、*Actinobacillus pleuropneumoniae* 血清型 15 家兎血清に対する陽性反応がそれらの小桿菌に一致して認められた。	6				6
イノシシ							
CSF(緊急病性鑑定)	シークエンス	CSF と判定した。		39			39
CSF	シークエンス	CSF と判定した。制限酵素サイト Bgl に 1 塩基置換。		6			6
CSF	シークエンス	CSF と判定した。		12			12
CSF	シークエンス	CSF（3 頭）及び経口ワクチン株（3 頭）と判定した。		18			18
CSF	ウイルス分離			187			187
CSF(経口ワクチン散布地域におけるサーベイランス)	シークエンス	CSF と判定した。	62				62
CSF(経口ワクチン散布地域におけるサーベイランス)	シークエンス	PCR 産物は経口ワクチン株 C-Strain 由来と判定した。	9				9
CSF(経口ワクチン散布地域におけるサーベイランス)	シークエンス	2 頭は CSF と判定した。2 頭の PCR 産物は経口ワクチン株 C-Strain 由来と判定した。	12				12
サルモネラ症	PFGE、MLST、生化学性状検査、ディスク拡散法及び寒天平板希釈法による薬剤感受性試験	供試した 40 株は２つのクラスターに区別された。各クラスターはそれぞれシークエンスタイプ 68、硫化水素非産生および ST145、硫化水素産生性の菌株で I 構成された。1 頭のイノシシは ST145 であった。	1				1
馬							
馬							
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	XbaI 消化後の PFGE 像は前回の解析株と 7 本以上のバンドの相違があり、PFGE Ⅴ型とした。また SNP 遺伝子型別では T-16 は SNP8 型に型別された。	1				1
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	XbaI 消化後の PFGE 像で ST と非定型 ST の計 15 株から 8 種類の PFGE 像が得られた。また SP では XbaI、BlnI 消化のどちらも全て同一であった。SNP 遺伝子型別では T-2 株のみ SNP6 型、その他の菌株はすべて SNP9 型に型別された。 今回の馬由来株 11 株では SNP 遺伝子型で 6、9、適用外を確認した。	11				11

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
めん羊・山羊							
めん羊							
マエディ・ビスナウイルス感染症	Nested PCR、ゲル内沈降反応	肺より抽出した DNA の PCR にて遺伝子断片の増幅を認めず、また血清検査でも抗体を認めなかった。	2				2
リステリア症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	病変内で非常に少数のグラム陽性小桿菌を認め、巣状壊死病変部に一致して *L. monocytogenes* N62 -701 型株家兎血清に対する反応が少数認めた。	3				3
細菌感染各種	16S rRNA 遺伝子解析	病性鑑定 9 検体のうちめん羊由来 3 検体の No.1 及び 2 では *Clostridium septicum* が、No.9 では *Manheimia glucosida* がそれぞれ最も高い類似性%となった。	3				3
銅中毒	原子吸光光度法	死亡した当該羊の肝臓中の銅濃度は 243 μg/g と著しい高値を示し、銅中毒であった。	3				3
山羊							
山羊関節炎・脳炎	寒天ゲル内沈降反応、nested PCR、BLAST 解析	6 検体中 1 検体に沈降線を認め、2 検体は偽陽性、3 検体は陰性となった。シークエンス及び BLAST 解析により CAEV 由来配列と 93%以上の類似性を示した。	1				1
山羊関節炎・脳炎	シークエンス、系統樹解析	抗体及び遺伝子検査でも特異的な反応認めなかった。	12				12
山羊関節炎・脳炎	免疫組織化学的検査	左手根関節の浸潤する炎症細胞の主体は Iba-1 陽性細胞であり、CD79 陽性細胞が非常にまれに検出された。また乳腺も同様な炎症細胞の主体は Iba-1 陽性細胞であり、まれに CD79 陽性細胞を認め、さらに CD3 陽性細胞が炎症細胞に認められた。	2				2
パラポックス感染症（判定不能）	PCR、semi-nested PCR	目的とするウイルス特異的な増幅産物を認めなかった。	4				4
ヨーネ病	培養検査、遺伝子検査	ヤギ糞便由来ヨーネ菌は牛型と型別された。	1				1
鹿							
抗酸菌症	PCR、シークエンス、リアルタイム PCR	本検査結果と貴所の検査を合わせ、当該株は IS*901* 陰性、FR300 PCR が 300bp、IS*1245* 陽性、SNP 解析の ITS 及び *hsp65* がそれぞれ G、C であり、*M.avium* subsp.*hominissuis* と同定した。	1				1
ヨーネ病	培養検査、遺伝子検査	4 頭全てからヨーネ菌が分離され、バイコマイシン／ホスホマイシン添加による発育差は認めなかった。また遺伝子検査では 4 頭全てからヨーネ菌遺伝子を検出し、すべて牛型に型別された。	38				38
家きん							
鶏							
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	H5N8 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	244				244
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。	242				242
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	H5N8 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	90				90
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	陰性	28				28
鳥インフルエンザ (緊急病性鑑定)	H5 亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスを用いた HI 試験	H5 亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルスに対する抗体が含まれることを HI 試験により特定することはできなかった。	3				3
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）	H5N8 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	291				291
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。	50				50

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
鳥インフルエンザ	スワブ：リアルタイム PCR 法による A 型インフルエンザウイルス及び H5 亜型遺伝子検出及び発育鶏卵によるウイルス分離 分離ウイルス：HA、NA 亜型の同定及び 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） 血清：ELISA 法による抗 A 型インフルエンザウイルス抗体検出及び 2020 年度発生株を用いた HI 試験による HI 抗体の検出	スワブ検体：A 型インフルエンザは 124 例中 73 例が陽性、そのうち H5 亜型遺伝子陽性は 59 例であった。 ウイルス分離：124 例中 58 例が分離陽性、全てが H5N8 亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスであると同定した。 血清:25 例中 3 例が陽性であることを確認した。	149				149
鳥インフルエンザ（輸入初生ひな）	リアルタイム PCR 法及び RT-PCR 検査	陰性	60				60
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シークエンス	分離ウイルスはすべて JP-I 遺伝子型の系統に属してた。	8				8
トリアデノウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス	6 株中、5 株は血清型 2 の系統、1 株は血清型 8 b の系統に属していた。	6				6
トリアデノウイルス感染症	免疫組織化学的検査	6 羽中 5 羽で鶏アデノウイルスの抗原が検出された。	12				12
大腸菌症	大腸菌免疫血清を用いた凝集反応	6 臓器に由来する分離菌の全てが血清型 O13 であった。	6				6
大腸菌症	免疫組織化学的検査	No.1 ～ No.3 の検査した小脳、大脳もしくは脳幹、脊髄において大腸菌 O13 血清型抗原を明確に示した。	15				15
サルモネラ症	PFGE	XbaI 消化後の PFGE 像は 2 つの遺伝子型Ⅰ型、Ⅱ型に区分され、Ⅰ型は 2 つの亜型（Ia、Ib) に細分された。	20				20
サルモネラ症	SNP 遺伝子型別、PFGE	過去の分離された 18 株を含む、計 37 株を比較解析し、9 つのクラスターに区分され、さらに PFGE Ⅰ型、Ⅵ型、Ⅶ型はそれぞれ 2 つの亜型に細分された。なお鶏由来 1 株は PFGE Ⅲ型で SNP 遺伝子Ⅳ型となった。	1				1
ガリバクテリウム属菌感染症	16S rRNA 遺伝子の塩基配列解析	2 株は *Gallibacterium anatis* と同定した。しかし 1 株は *Avibacterium* 属菌と考えられるものの同定に至らなかった。	3				3
クロストリジウム感染症	PCR、シークエンス	5 株でお互いに 100 % 一致し、*Clostoridium septicum* と同定した。	5				5
鶏痘	免疫組織化学的検査	過形成を示す漿尿膜上皮細胞で散財性に、鶏痘ウイルスの陽性反応を認めた。	9				9
マイコプラズマ感染症	免疫組織化学的検査	MS 抗原陽性の細菌が検出されたのは No1,3 の 2 羽。鶏アミロイド抗原は No1,2 の 2 羽となったが、MS 感染とアミロイド症との関連性は不明であった。	9				9
パスツレラ感染症	免疫組織化学的検査	被検 4 羽の鶏皮膚の化膿性病変に関連し *Pasteurella multocida* 抗原が検出された。	10				10
その他							
ウサギ							
抗酸菌症	培養検査、遺伝子検査	寒天培地、液体培地ともに抗酸菌が分離され、シークエンスの結果鳥型結核菌であると推察された。さらに亜種同定を行い IS*901* 陽性、*hsp65* 遺伝子の 645 番目の塩基は T により、*Mycobacterium avium* subsp. *Avium* と同定された。	12				12
ペンギン							
真菌症	シークエンス、BLAST 解析	被検真菌株は *Aspergillus fumigatus* と判断された。	1				1
豚肉製品							
アフリカ豚熱 （輸入禁止品由来畜産物）	PCR、シークエンス、ウイルス分離	PCR にて ASFV 遺伝子が検出され、欧州や中国等で分離された ASFV と同一又は極めて近縁であった。ウイルス分離では ASFV 特有の HAD 反応を認め、ウイルス DNA が検出された。		2			2
アフリカ豚熱 （輸入禁止品由来畜産物）	10%乳剤作製、筋肉内接種、経時的観察、採材	3 乳剤中、2 検体は豚が発症し、瀕死状態となり血清中からウイルスが検出されたが、1 検体は特段の症状を認めず、血清中も陰性となった。		9			9
飼料							
ヨーネ病	培養検査	鑑定材料からヨーネ菌は分離されなかった。	7				7
銅中毒	原子吸光光度法	銅濃度は代用乳、スターター、生菌剤、配合飼料ぴかいちでそれぞれ 10.8 μg/g、29.9 μg/g、15.0 μg/g、13.1 μg/g となった。	6				6

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
銅欠乏症	原子吸光光度法	野草を省く、いずれの祖飼料も標準飼料成分表の含量に比較して 50%以下の数字となった。	5				5
環境材料							
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 7、H 抗原の 1 相は z10、2 相は e、n、z15、血清型は Mbandaka となった。	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 7、H 抗原の 1 相は r 、2 相は 1,5、血清型は Infantis となった。	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 7、H 抗原の 1 相は r 、2 相は 1,5、血清型は Infantis となった。	1				1
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	436				436
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	235				235
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）	判定不能	2				2
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	11				11
鳥インフルエンザサーベイランス（環境省）							
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 次世代シークエンスによる HA、NA 亜型の同定及び HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5N8 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	19				19
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）	3 例を H6N2 亜型、2 例を N4N2 亜型、3 例を H2N5 亜型、1 例を H3N8 亜型、1 例を H10N6 亜型、1 例を H11N9 亜型鳥インフルエンザウイルス、8 例を H7N7 亜型低病原性鳥インフルエンザウイルスと判定した。	19				19

Hot Topics

令和４年度新規採用職員

動物衛生研究部門に研究職員が加わりました。

熊谷　飛鳥

人獣共通感染症研究領域新興ウイルスグループ

長い歴史のある農研機構動物衛生研究部門の職員になれたことを大変嬉しく思います。たくさんの先輩方から、考え方や技術を学び、現場へ還元できるような研究に取り組んでいきたいと思います。よろしくお願い致します。

山口　英美

越境性家畜感染症研究領域
疫学・昆虫媒介感染症グループ

２年間の特別研究員を経て、この度任期付き職員として採用していただけることになりました。家畜や野生動物が関わる感染症の動態解明に、精一杯取り組んでいきたいと思っておりますので、今後ともどうぞよろしくお願いいたします。

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、宮崎大学の協力の下、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「2022 家畜疾病診断基礎技術向上研修」が始まりました。研修生７名（カンボジア、ナミビ ア、ナイジェリア、パレスチナ、南スーダン、ウガンダ、ベトナム各１名）を 令和４年７月６日から 10 月 27 日まで受け入れています。

長期講習生受け入れ

令和４年５月 11 日から、家畜衛生講習会（病性鑑定特殊講習会）が始まりました（12 月９日まで）。つくば並びに札幌、小平海外病、鹿児島の各研究拠点で、講習生 29 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。

プレスリリース：山口県の野生イノシシの豚熱の感染源は約 500㎞離れていた可能性　－豚熱は近隣の野生イノシシだけではなく、距離を隔てて伝播する可能性にも注意が必要－

農研機構は、豚熱ウイルスの遺伝子の解析により、本年３月に山口県内で陽性と確認された野生イノシシ由来のウイルスが、昨年５月におよそ 500㎞離れた紀伊半島東部で陽性と確認されたイノシシに由来するウイルスと最も近縁であることを明らかにしました。この結果は、ウイルスの長距離伝播に対する対策の必要性を示しています。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/152616.html

プレスリリース：免疫組織化学によるマレック病の新規診断法の開発

鶏やウズラなどの家禽に腫瘍を起こし、養鶏産業に多大な経済損失を与えるマレック病は、類似疾病との鑑別が難しく、疾病予防対策のため正確かつ簡便な診断法が求められていました。農研機構は、マレック病の腫瘍細胞を特異的に検出するモノクローナル抗体の作出に成功し、抗体を用いた免疫組織化学によるマレック病の新規診断法を確立しました。本成果により、これまで技術的に困難であったマレック病の確定診断を正確かつ簡便に実施でき、マレック病の正確な発生状況の把握や疾病予防対策に役立つものと期待されます。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/153512.html

【編集後記】　本年は、家畜衛生講習会・研修会ならびに JICA 技術研修が対面で再開されました。少しずつですが動衛研の活動も通常に戻ってきております。一方で、CSF・HPAI の継続的な発生、飼料代やエネルギーの高騰等、家畜衛生を取り巻く状況は厳しさを増しており、その中で動衛研の果たすべき役割の継続や新たな課題への対応に、日々、努めております。

NIAH ニュース
2022.7.29　No.73

令和4年7月29日発行
編集・発行　農研機構　動物衛生研究部門　研究推進部
〒305-0856　茨城県つくば市観音台3-1-5
URL: https://www.naro.go.jp/laboratory/niah/index.html