

内 容

- ・特集：ヨーネ病
- ・研究：研究グループ紹介
- ・研究：研究者の素顔
- ・報告：令和5年病性鑑定実施状況
- ・Hot Topics

特 集 ヨーネ病

動物感染症研究領域 研究領域長 **大崎 慎人** OSAKI Makoto

ヨーネ病は鳥型結核菌の亜種であるヨーネ菌 (*Mycobacterium avium* subsp. *paratuberculosis*) の経口感染によって起きる牛、山羊、めん羊など反芻動物の慢性消化器感染症として、近代細菌学の黎明期である19世紀末から知られています。牛では、主に哺乳時期の子牛がヨーネ菌に汚染された乳汁や飼料、水などを介して感染した後に、半年から数年に及ぶ長い無症状の潜伏期間を経て、腸管の病巣で増殖したヨーネ菌が糞便に排菌され始め、分娩などのストレスをきっかけに発症します。発症牛は間欠性から持続性の下痢へと臨床経過をたどり、慢性的な消瘦、乳量低下などを示してやがて死に至ることになります。感染牛は発症の数か月前から糞便に大量の排菌をし、これが同居牛に感染を広げる原因になります。また感染した動物が発症せずに無症状で経過することも多いのですが、無症状時期に糞便に排菌することがあります。このような長期間の感染経過と無症状排菌という本病の特徴は発症に気づく前に水面下で新しい感染を広げることとなるため、ヨーネ病の対策を講じる上での困難となっています。ヨーネ病には、感染防御に効果があるワクチンも、治療に有効な抗生物質もないため、ヨーネ病の防疫には慢性感染症である本病の特性をよく理解した上で、感染牛の早期発見と農場での衛生管理を行うことが非常に重要です。また、本病は反芻動物であるシカやその他の野生鳥獣にも感染する例が報告されており、近年では「農場」とその周辺の「環境」との間での病原体の循環の有無についても注目されています。

ヨーネ病は世界各地にまん延しており、特に北米や欧州諸国では、10～68%の農場に感染が広がっているとの報告もあります。一方、日本では家畜伝染病予防法に基づく法定伝染病として、患畜の摘発・淘汰による防疫対策を基本としているため、農場のヨーネ病陽性率は2%程度と諸外国に比べてきわめて低い水準となっていますが、それでも年間1,000頭前後が患畜

として処分されているところです。

農研機構動物衛生研究部門（以下動衛研）では、前身の農水省家畜衛生試験場時代から脈々とヨーネ病の研究に取り組み、長期間にわたる牛の感染実験やヨーネ菌の特性解明を通じて蓄積した疫学、免疫学、細菌学や病理学の基盤的な知見をもとに、行政部局への情報提供と、必要とされる技術の開発を行ってきています。ヨーネ病が法定伝染病となった1970年代には、感染牛の免疫反応に基づく診断用製剤として、ヨーニン反応抗原や、補体結合反応抗原を家畜衛生試験場で製造開始しました。1990年代以降には多検体処理が可能な血清診断技術を民間企業と連携して開発・製品化を行い、国家事業としての大規模なサーベイランスを可能とするツールを提供しています。一方、本病の病原体であるヨーネ菌は人工培地上での発育が非常に遅く、固形培地での培養検査には2か月以上を要するという特徴があります。動衛研では、現行の培養法に代わる迅速な診断法としての遺伝子検査技術の開発・改良も強力に進めてきました。これらの開発した技術は、法律に則した診断法として行政部局による防疫体制に組み込まれることで、日本全国の検査機関で使われています。

本特集では、動衛研におけるヨーネ病研究について最近の成果を中心に紹介します。いずれの成果も長いスパンでの研究の積み重ねとして生まれたものであり、国立研究開発法人として腰を据えて取り組んできたその結果と自負しています。



特集 ヨーネ病

遺伝子検査キットの開発と実用化

動物感染症研究領域細菌グループ 上級研究員 **KAWAJI Satoko**
川治 聡子

ヨーネ病診断のゴールドスタンダードは糞便からの菌分離ですが、ヨーネ菌は増殖が極めて遅く、固形培地上でコロニーを確認するまでに、少なくとも2か月かかります。1989年 Green らによってヨーネ菌に特異的な挿入配列 IS900 が報告され、ゲノム中に15-20コピー存在することが明らかとなり、IS900をターゲットとする遺伝子検査が数多く開発されてきました。培養検査に替わる迅速診断法として、我々は、リアルタイムPCRにより糞便中ヨーネ菌遺伝子を検出・定量する遺伝子検査法を開発し、2013年から導入されています。しかし、リアルタイムPCR検査は主に抗体検査で陽性になった個体の確定検査として活用されたため、多くの抗体陰性排菌牛が摘発されず、その結果、農場内あるいは農場間で感染が広がることが懸念されていました。実際に、ヨーネ病発生頭数は増加傾向にあり、近年は毎年1,000頭前後で推移しています。

牛のヨーネ病検査では、まずスクリーニング検査で検査対象牛をふるい分け、陽性の場合には確定検査を行い診断します。スクリーニング検査に求められるのは、感染の疑いのある牛を見落とさない高い感度と多検体を迅速・簡便に処理できる効率性です。一方、確定検査には、スクリーニング検査陽性牛が真の感染牛であるか正確に診断するための高い検査精度と特異性が求められます。我々は、スクリーニング検査と確定検査それぞれに対応する新しい遺伝子検査法を株式会社ニッポンジーンと共同で開発し、動物用体外診断用医薬品として製品化しました(写真)。



2種類のヨーネ病遺伝子検査キット
(左：スクリーニング検査用、右：確定検査用)

スクリーニング検査用遺伝子検査キットの開発

ヨーネ病感染牛のスクリーニングには、ELISA法による抗体検査が用いられてきました。しかしながら、ヨーネ菌の感染に対する抗体応答が上昇するのは発症期に近い感染後期であり、感染牛の多くは、抗体検査で陽性と判定される半年以上前から糞便中にヨーネ菌を排出しています。排菌牛をできるだけ早期に摘発し、効率良くヨーネ病検査を行うために、糞便の多検体処理(=プール糞便)による遺伝子検査法を確立しました。これにより、個体別の遺伝子検査と同等の感度で、最大10頭分をまとめて検査できるようになりました。

確定検査用遺伝子検査キットの開発

従来のリアルタイムPCR検査は、二本鎖DNAに非特異的に結合する蛍光色素(インターカレーター)を用いて増幅遺伝子を検出していたため、非特異的な増幅産物が判定結果や遺伝子量の定量に影響する可能性が指摘されていました。そこで、目的のヨーネ菌遺伝子に特異的に結合する蛍光標識プローブを用いて増幅を検出する方法に改良した結果、特異性が向上し、より正確に遺伝子量が測定可能となりました。さらに、結果が陰性の検体については、PCR反応の阻害による偽陰性でないことを判別できるように、反応液にあらかじめ添加されたインターナルコントロールが増幅されることを確認するようにしました。これらの改良により、スクリーニング検査陽性牛に対してこれまで以上に精度の高い確定検査が行えます。

新しい牛ヨーネ病検査(2024年4月～)

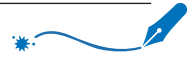
本年4月、「家畜伝染病予防法施行規則」ならびに「牛のヨーネ病防疫対策要領」が改正され、開発した2種類のヨーネ病診断キットが正式に導入されました。新たな検査体制のもとで遺伝子検査が活用され、ヨーネ病清浄化の推進に貢献することが期待されます。

(参考資料)

・プレスリリース

「2種類の新規ヨーネ病遺伝子検査キットを製品化」

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/160624.html



感染宿主側因子の探索とその活用

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 NAGATA Reiko
永田 礼子

はじめに

ヨーネ菌はマクロファージに感染し、感染初期は菌に対して強い細胞性免疫（Th1 応答）が起こり、IFN- γ 産生が誘導されます。この IFN- γ はマクロファージを活性化しますが、ヨーネ菌は完全に排除されません。感染宿主はやがて半年から個体によっては数年にも及ぶ無症状の潜伏期間に入りますが、妊娠・分娩のような内分泌系ホルモンの激しい変化などが宿主のストレスとなり、リンパ節などに潜んでいたヨーネ菌が増殖し、腸管病変形成や抗体産生亢進（Th2 応答）などの病態が進行します。ヨーネ病の潜伏期間が長いことや培養検査に時間がかかることが清浄化の障壁となっているため、有効な早期診断法の導入と発病機構の解明が必要です。そこで、患者の病態に特徴的な因子の探索を行い、排菌の制御法やバイオマーカーとして診断に活用することを検討しました。

新たな培養法の開発

今より 15 年程前に遡りますが、ヨーネ病の発病機構解明のため、モルモットをモデルにヨーネ菌に対する感染宿主免疫応答の研究を行っていました。モルモット腹腔内にヨーネ菌および他の病原性抗酸菌を接種し、DNA マイクロアレイ等によりヨーネ菌接種時に特異的に発現が亢進する遺伝子を特定しました。その後、当研究室のヨーネ菌実験感染牛においても、当該遺伝子が病変部位で高発現していることを発見しました。その遺伝子は腸管 C 型レクチン Regenerating islet-derived 3 gamma (Reg3 γ) です。レクチンは、糖鎖と結合する活性を持つタンパク質の一群で、病原体由来分子を認識する因子の一つであり、自然免疫や獲得免疫、炎症反応等の生体防御システムに関与していることが知られています。レクチンであるならば抗菌作用を示すのではないかと予測し、当該ウシ Reg3 γ レクチンの遺伝子組換えタンパク質を作製してヨーネ菌培養に添加しました。しかし、見事に予測を裏切られる結果となり、Reg3 γ レクチンを添加した場合、分離菌数が増え、培養スピードも速いという真逆の結果を示しました。このウシ Reg3 γ レクチンによる増殖促進機能は、ヨーネ菌に限らず抗酸菌において特徴的に認められました [1]。

ヒトやマウスにおいて、グラム陽性菌等に対する Reg3 γ の抗菌タンパク質としての感染防御メカニズムは徐々に解明されています。また、ヨーネ病と同じく抗酸菌感染症である結核においても C 型レクチンによる感染防御効果が報告されています。しかし、ヨーネ

病の病変部におけるウシ Reg3 γ レクチンは、感染防御と増菌助長という二面性の機能を持つ可能性があります。現在は、ウシ Reg3 γ レクチンと結合するヨーネ菌側因子との相互作用を解明することを目標にしています。

また、ウシ Reg3 γ レクチンの抗酸菌増殖促進剤としての活用を考えたとき、大量に安定した組換えウシ Reg3 γ レクチンの作製が必須となりますが、大腸菌で発現した当該組換えタンパク質は凝集しやすく不安定で大量生産が困難でした。作製方法を変更することで大量生産が可能になれば、寒天培地では数か月（ヨーネ菌初代培養では 2～4 か月）、液体培地でも数週間以上を必要とする培養期間が短縮される可能性があります。ヨーネ菌の他、結核や非結核性抗酸菌症等ヒトの臨床現場での応用も期待されます。

排菌抑制法の開発

ヨーネ菌実験感染牛を用いて、北海道大学大学院との共同研究により、プロスタグランジン E₂ (PGE₂) と呼ばれる生理活性物質が免疫抑制因子である Programmed death-ligand 1 (PD-L1) の発現を誘導し、免疫を抑制していることを明らかにしました。さらに、シクロオキシゲナーゼ-2 阻害剤を用いて PGE₂ 産生を阻害すると、ヨーネ菌に対する免疫応答が活性化され、この効果は免疫抑制阻害剤（抗ウシ PD-L1 抗体）との併用により、より増強されることを明らかにしました。免疫応答の活性化を目的として、抗ウシ PD-L1 抗体を生体へ投与する際に、高価な抗体の投与量を低減することができます。このことは、プレスリリース「ヨーネ病の病態発生メカニズムを解明～家畜法定伝染病ヨーネ病に対する制御法への応用に期待～」配信しました [2] (図)。

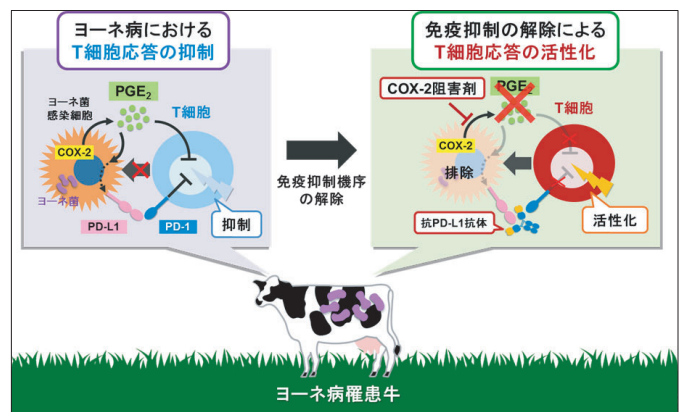


図 ヨーネ病における PGE₂ を介する免疫抑制機構メカニズムと免疫活性化法 [プレスリリース]

特集 ヨーネ病

さらに、実験感染牛のうち発症期に近い感染後期の病態にある持続排菌牛2頭に抗ウシ PD-L1 抗体を静脈内投与し、免疫応答、排菌量推移、剖検時の病理組織学的解析を行い、抗体投与効果を検証しました。抗ウシ PD-L1 抗体投与後2週間以内に IFN- γ 及び TNF- α 遺伝子発現量が増加し、当該タンパク質の産生量も促進したことから、細胞性免疫応答が賦活したことが明らかになりました。さらに感染後期の病態進行ステージにも関わらず、排菌量が1頭は低下し、1頭は抗体投与3か月後完全に停止しました。2頭の剖検時の解析結果より、多数のリンパ球浸潤とラングハンス型巨細胞の出現を伴う抵抗性型病変を認め、完全に排菌停

止した1頭からは全く菌が分離されなかったことから、抗体投与による排菌抑制効果が示唆されました [3]。今後は、感染宿主におけるこれら免疫抑制因子の動態を解析することで、感染時期に応じた診断マーカーとして利用できる可能性があります。

参考文献

1. 永田ら, 2014, 特許 5515104
2. 北海道大学大学院、農研機構、東北大学共同プレスリリース
https://www.hokudai.ac.jp/news/180402_pr.pdf
3. Sajiki, Y. et al. JVMS. 82(2),162-166, 2020

ヨーネ菌伝播経路の解明を目指して

UENO Yuichi
動物感染症研究領域細菌グループ 主任研究員 上野 勇一

野生シカにおけるヨーネ菌保菌状況

家畜における伝染性疾病的発生・まん延を防止するためには、家畜群への伝染性疾病的侵入を監視することが重要です。国内での撲滅を目指すヨーネ病においては、原因菌であるヨーネ菌に対してシカ等の野生動物が感受性を示すことが知られ、海外では家畜への本疾病的の侵入経路の一つとして野生シカからの菌の伝播を示唆する報告もあります。野生シカの保菌状況を明らかにすることは国内のヨーネ病撲滅に重要と考えられますが、これまでほとんど調査が行われていませんでした。

そこで我々は、農林水産省の「戦略的監視・診断体制整備事業」の野生動物監視体制整備事業において、野生シカにおけるヨーネ菌の保菌状況調査を実施してきました。平成28年度から令和4年度にかけて、41都道府県から収集した1,648検体のシカ糞便について、ヨーネ菌遺伝子検査及び菌分離検査を実施した結果、32検体が遺伝子検査により陽性（陽性率1.9%、32/1,648検体）となり、そのうち3検体からヨーネ菌が分離されました（分離率0.2%、3/1,648検体）。本調査により、国内の野生シカがヨーネ菌を保菌していることが明らかになりました。しかし、その分離率は低く、野生シカを介した家畜へのヨーネ菌の伝播があるかどうかについてはさらなる調査研究が必要となります。

国内ウシ由来ヨーネ菌分離株の遺伝的多様性

野生シカと家畜間のヨーネ菌伝播の有無を推定するためには、野生シカ及びウシ由来菌株の遺伝的系統の比較が必要です。そのためには、ウシ由来株を含めた

国内分離株全体の遺伝的多様性を事前に把握しておくなければなりません。遺伝的多様性の把握は、ヨーネ病発生農場における原因菌株の由来や伝播経路等を推定する上でも重要であり、本疾病的の制御にもつながります。しかし、ヨーネ菌は一般的な細菌と比較して進化速度が極端に遅く遺伝子変異が生じにくいいため、他菌種において実施される一部の遺伝子を標的とした一般的な遺伝子型別手法では本菌の遺伝的多様性を詳細に把握することは難しいと考えられます。

そこで我々は、農林水産省の「安全な農畜水産物安定供給のための包括的レギュラトリーサイエンス研究推進委託事業（動物衛生対応プロジェクトのうち、新たな感染症の出現に対してレジリエントな畜産業を実現するための家畜感染症対策技術の開発）」において、ヨーネ菌国内分離株の全ゲノム解析を実施しています。これまでにウシや環境から分離された約100株の全ゲノム解析を実施し、国内分離株の遺伝的多様性が明らかにしてきました。今後、野生シカ由来株のゲノム情報を牛由来株と比較することで、両者間の菌の伝播について知見を得たいと考えています。

今後の展望と菌株提供のお願い

ゲノム解析データの蓄積により、国内のヨーネ菌分離株の遺伝的多様性が明らかになってきています。そこでお願いです。国内分離株の遺伝的多様性を網羅的に把握するためには、分離年代や地域等が異なる多様な菌株を可能な限り広く収集する必要があります。読者の皆様のなかにヨーネ菌株を保存されている方がおられましたら、ぜひご連絡をお願いいたします。

研究グループ紹介

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(鹿児島研究拠点)

鹿児島調整役(兼)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 グループ長補佐 YANASE Tohru
梁瀬 徹

農研機構鹿児島研究拠点は、鹿児島市の中心部から南に下った中山町に位置しています。その起源は、1938年に設立された獣疫調査所九州支所まで遡ることができます。86年に渡る歴史の中で、組織の名称や研究テーマは度々変更されましたが、九州・沖縄を中心とした温暖な地域で問題になっている家畜疾病に重点を置いて、調査・研究が行われてきました。現在、拠点では疫学・昆虫媒介感染症グループに所属する研究員が5名、管理チームや技術チーム、再雇用、契約職員を含めて全体で14名が勤務しています。第5期中期計画では、節足動物媒介ウイルス（アルボウイルス）と畜産現場で問題になっている細菌感染症を対象とした研究を行っています。

アルボウイルスは、蚊やヌカカ、マダニなどによって媒介され、脊椎動物宿主と媒介節足動物の両方で増殖することができます。環境中では多くの種類のアルボウイルスが、多様な脊椎動物宿主と媒介節足動物の間に感染環を維持していますが、その実態はよくわかりません。しかし、それらのなかには、人や家畜、野生動物に対して強い病原性を示すものも存在することから、注意深く監視を続ける必要があります。

国内では、アルボウイルスによる牛の異常産（流産、早産、死産、先天異常子の分娩）の発生が続いています。特にアカバネ病は発生頻度が高く、流行規模が大きいため、予防などによる被害の低減が必要な疾病です。また、拠点の所在地に名前が由来するチュウザン病も、過去には大規模な発生がみられました。それぞれのウイルスについての解説は控えますが、実際に多くのアルボウイルスによって家畜の生産が脅かされています。私たちは、それらアルボウイルス感染症の原因ウイルスの特定や性状の解析、診断法の開発、媒介節足動物の調査まで、幅広く研究を実施しています。

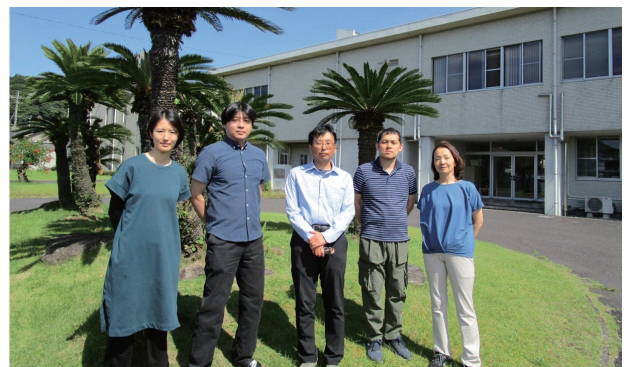
拠点の特徴としては、畜産の盛んな九州南部に位置すること、また、アルボウイルス感染症をはじめとする様々な家畜疾病が流行する地域の真ただ中にあることが挙げられます。実際、拠点内のおとり牛からは、毎年のようにアルボウイルスが分離されています。また、九州・沖縄各県からの病性鑑定依頼や研究協力を通じて、アルボウイルスや細菌株を継続的に収集し、

それらの詳細な解析を行っています。

最近になって、ウイルス分離に蚊由来の培養細胞を使用することにより、分離効率が大幅に上昇するとともに、次世代シーケンサーを用いた網羅的解析との組み合わせにより、想定していた以上に多様なアルボウイルスが国内に侵入していることが分かってきました。2015年に与那国島で飼養されていた牛の血液から分離されたウイルスは、これまで報告にない新しいウイルスであったことから、Yonaguni orbivirusと名付けられました。本ウイルスは媒介節足動物からは分離されていませんが、蚊媒介性のウイルスと近縁であることから、蚊によって媒介されると考えられています。他にも多くの新種や国内新規ウイルスが分離されていますが、今後は、これらのウイルスと家畜の疾病との関連を明らかにすることが重要になります。

牛の異常産については、細菌学的なアプローチからも研究を進め、原因菌の一つである *Streptococcus pluranimalium* を同定するPCR法を開発し、病畜由来株と健康畜由来株の遺伝子型別による病原性株の特定を試みています。また、最近では *Enterococcus cecorum* による肉用鶏の骨格疾患事例について鑑定依頼が増加していることから、国内分離株の遺伝学的解析等を実施し、発生要因を調査しています。

拠点での研究は、学術的な知見だけでなく、診断法やワクチンの元となる株の提供により、家畜衛生の向上に大きく貢献してきました。今後は、新しい技術を取り入れ、より監視・診断体制を強化するとともに、他機関との連携も視野にいれ、新分野にも挑戦していきたいと思っています。これからも、応援を宜しくお願い致します。



研究者の素顔

原点は鶏病支場（Poultry Disease Laboratory）

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

動物衛生研究部門には、つくば以外に複数の研究拠点が存在します。現在、越境性家畜感染症研究領域に属する小平と鹿児島、衛生管理研究領域に属する札幌の各拠点がありますが、以前には東北支所、さらに遡ると鶏病支場という研究拠点が岐阜県関市にありました。私はその鶏病支場に在籍した最後の現役研究職員です。

鶏病支場はその名の通り鶏病に特化した研究拠点で、独自に開発したSPF鶏を維持していました。分野別に、細菌、ウイルス、寄生虫、病理と4つの研究室がありました。当時支場全体で総計10名程度の研究員が在籍していたと思います。また当時の鶏病の状況は現在と異なり、高病原性鳥インフルエンザ（当時の名称は家禽ペスト）は全く問題になっていませんでした。

前述のように鶏病支場ではSPF鶏を維持しており、その検査に使用する抗原・抗血清も自前で調整していました。従って、まず覚えたのがこれらの検査に係る各種抗原等の調整・検査手法でした。SPF鶏の検査に供する鶏ウイルスは10以上に及びますが、多くは発育鶏卵や初代鶏腎細胞（CK細胞）で増やすことができます。このCK細胞は凍結保存が難しいため、その都度調整せねばなりません。また当時の鶏病支場では実習を中心とした鶏疾病特殊講習会が毎年開催されており、その中でこのCK細胞を用いたウイルス培養法もグループ実習として組まれていました。この講習会では、まず細胞調整、その後シートした細胞へ各鶏ウイルス接種、感染したウイルスによって生じる細胞変性効果を観察、といった実習日程が組まれていました。私はこの実習の担当として、接種材料の調整や実習前のデモ（心採血、腎採取など）を行い、また不測の事態に備え予備の細胞作成も別に行っていました。講義については各鶏ウイルス性疾病をウイルスの研究室員で分担し、当時私は産卵低下症候群と鶏脳脊髄炎について行った、と記憶しています。

1993年9月に鶏病支場は閉場となり、私はつくば本所に設置された研究第二部ウイルス第4研究室員として戻りました。以降、ウイルス病研究部発病機構研究室、感染病研究部病原ウイルス研究室、人獣感染症研究チーム、ウイルス・疫学研究領域（鳥ウイルス）、ウイルス・疫学研究領域疾病防除基盤ユニット、などと所属するラボの名称は変わりましたが、ほぼ一貫し

て鶏ウイルス病の仕事を続けました。野外材料の収集も幅広く行い、ウイルスの遺伝子解析を中心とした研究を実施しました。

1997年には香港で初めてヒトに感染するH5N1亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスが確認されたことから、その診断基盤の確立も必要となり、分子疫学解析等に必要なPCRプライマーなどの整備を進めました。2004年にH5N1亜型ウイルスによる高病原性鳥インフルエンザ野外発生病例が山口県の採卵鶏で確認されましたが、私はHI試験にて分離ウイルスの亜型を同定し、さらにその全ゲノム解析等を行いました。一連の成果はVirology誌などに複数の論文として公表することができ、これらが学位取得や日本獣医学会賞受賞（写真）に繋がったのは望外の喜びでした。

その他にも、ニューカッスル病ではウイルスの分子疫学からPCR-RFLPによる病原性株簡易識別法の確立、野鳥におけるウイルス保有状況調査およびB1ワクチンの有効性検証など、また鶏伝染性気管支炎やトリアデノウイルス感染症ではウイルスの全ゲノム解析や分子疫学、PCR-RFLPによる型別識別法の確立や型特異的PCR法の構築などを論文報告してきました。

一方、最近では“網羅的解析”により従来のウイルス分離法では見つからなかった新たな鶏ウイルスの検出も続いています。私も国内初となる鶏からのトリジャイロウイルス2型検出事例を報告しました。世界的に流行している高病原性鳥インフルエンザ対策は喫緊の重要課題ですが、このような新たなウイルスの研究も学術的には重要、と考えている次第です。



日本獣医学会賞（第102号）授賞式にて（2007年）

報告

令和 5 年 病性鑑定実施状況

(1) 口蹄疫疑い事例の写真判定

	検査件数	検査頭数	検査結果	
			疑わしい事例	陰性頭数
令和 5 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 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	3 (1)	15 (6)	0	15 (6)

「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）

※ () は緊急病鑑対応数

(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 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	123 (44)	2,441 (1,174)	120 (42)	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	
				陽性件数	陰性件数
令和 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	豚	5 (4)	244 (136)	4 (4)	1 (0)
	イノシシ	3 (2)	24 (6)	3 (2)	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 6 年 3 月 28 日）

(5) アフリカ豚熱の病性鑑定

	検査件数	検査例数	検査結果	
			陽性例数	陰性例数
令和 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	1	3	0	3

「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 6 年 3 月 28 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 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	5	5	5	0

「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 5 日、改訂：令和 5 年 3 月 31 日）

(7) 豚熱感染野生イノシシの疫学動向調査

	検査件数	検査例数
令和 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	24	2,706

(8) 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 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	425	657	1	656

「伝達性海綿状脳症（TSE）検査対応マニュアル」（令和 6 年 4 月 1 日最終改正）

(9) 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

	検査件数	検査例数	検査結果	
			陽性例数	陰性例数
令和 5 年 1 月 1 日～12 月 31 日	17	88	88*	0

※：高病原性鳥インフルエンザ（H5N1 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 5 年 8 月改定、令和 5 年 11 月一部修正）
- ・自治体による独自サーベイランス

(10) 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	587 (78)	0 (0)	0 (0)	64 (17)	651 (95)
豚・イノシシ	179 (19)	0 (0)	2 (1)	6 (3)	187 (23)
馬	11 (5)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	11 (5)
めん羊・山羊	36 (5)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	36 (5)
鹿	12 (1)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	12 (1)
家きん	52 (20)	0 (0)	0 (0)	7 (2)	59 (22)
その他	96 (11)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	96 (11)
計	973 (139)	0 (0)	2 (1)	77 (22)	1,052 (162)

イ. 過去5年間の一般病性鑑定の推移

単位: 例数 (件数)

区分	令和元年	令和2年	令和3年	令和4年	令和5年	対前年比 (%)
牛	1,068 (104)	1,192 (102)	833 (82)	942 (68)	651 (95)	69 (140)
豚・イノシシ	687 (56)	1,567 (66)	938 (35)	416 (22)	187 (23)	45 (105)
馬	20 (1)	51 (1)	12 (2)	0 (0)	11 (5)	— —
めん羊・山羊	92 (7)	52 (6)	31 (9)	46 (8)	36 (5)	78 (63)
鹿	0 (0)	0 (0)	39 (2)	0 (0)	12 (1)	— —
家きん	94 (11)	45 (12)	104 (12)	119 (22)	59 (22)	50 (100)
その他	100 (16)	60 (16)	45 (10)	18 (5)	96 (11)	533 (220)
計	2,061 (195)	2,967 (203)	2,002 (152)	1,541 (125)	1,052 (162)	68 (130)

令和 5 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（緊急病性鑑定）	RT-PCR	陰性		6			6
アカバネ病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	PCR 産物の塩基配列はアカバネウイルスに由来するものと確認され、国内分離株の塩基配列との一致は 87.6 ～ 93.7% であった。分子系統解析においては genogroup I に含まれていたが、これまでの国内分離株との近縁性は認められなかった。				3	3
アカバネ病 サシュペリウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	1 株はアカバネウイルスの genogroup I に属することが確認され、近年中国本土で分離された株と近縁であることが示された。残り 2 株は S と L RNA 分節がシャモダンウイルス、M RNA 分節がサシュペリウイルス由来の遺伝子集合体であることが判明した。				3	3
アルボウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス	シャモダンウイルス国内分離株の対応領域と 98.6 ～ 99.3%、サシュペリウイルス国内分離株の対応領域と 95.8 ～ 97.0% の配列類似性が認められた。				2	2
アルボウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	2 検体から得られた塩基配列は 100% 一致し、東アジアの分離株と近縁であることが確認された。分子系統解析では、血清型 5 のクレードに位置していた。				2	2
牛アデノウイルス感染症	PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	牛アデノウイルス 10 型に近縁であることが示された。	1				1
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	3 株全て BVDV1 b に分類され、2018 年に摘発された PI ウシ由来ウイルスと近縁であった。	3				3
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	系統樹解析の結果、遺伝子配列を取得できた 3 株全て BVDV2a に分類された。	10				10
牛丘疹性口内炎	寒天ゲル内沈降反応	発症牛 1 頭は発症時 AGID 抗体陰性で回復時に抗体陽転が観察され、1 頭は発症時に AGID 抗体陽性であり、母牛も抗体陽性であった。	3				3
牛コロナウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	解析を行った株は遺伝子型 G4 に分類され、近年の国内流行株と 99% 以上一致した。	6				6
チュウザンウイルス感染症	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	2020 年、2021 年に沖縄県で分離されたチュウザンウイルスと、分節ゲノム 2 の部分配列で 100% の一致がみられた。				1	1
ディアギュラウイルス感染症	PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	3 株は互いに 100% の一致がみられ、2018 年に長崎で分離された株、2022 年に佐賀県及び福岡県で分離された株と解析した配列で 100% の一致が認められた。				3	3
ディアギュラウイルス感染症	PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	2018 年に九州で分離された株の配列とは 0 ～ 4 塩基の差異で高い一致が認められ、2022 年に佐賀県及び長崎県で分離された株と解析した配列で 100% の一致が認められた。				1	1
ディアギュラウイルス感染症	PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	2018 年に佐賀県で分離された株の配列とは 1 塩基のみ差異で、分子系統樹では 2017 年の沖縄株、及び 2018 年の九州・沖縄分離株と同じクレードに分類されていた。				1	1
流行性出血病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	16 検体中 8 検体で増幅産物が得られ、東アジアの分離株と近縁であることが確認された。分子系統解析では血清型 5 のクレードに属することがわかった。				16	16
流行性出血病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	2020 年の沖縄分離株（ON-7/E/20）と最も近縁で、血清型 6 であることが確認された。				1	1
流行性出血病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	2023 年の熊本分離株 KM-1/E/23（血清型 6）と完全に一致した。				3	3
流行性出血病 アカバネ病	PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	EHDV は血清型を判定することはできなかったが、2016 年の国内分離株をはじめとした東アジアの分離株と近縁であることがわかった。AKAV 株は genogroup I に含まれていた。				7	7
<i>Bibersteinia trehalosi</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子解析	2 株とも最も配列の一致率が高かったのは <i>Bibersteinia trehalosi</i> であったが、一致率は 97.86% と低く、菌種の同定には至らなかった。	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
牛結核	PCR、細菌培養試験	陰性	2				2
牛結核	インターフェロンγアッセイ	陽性	9				9
牛結核	インターフェロンγアッセイ	陰性	11				11
牛結核	インターフェロンγアッセイ	採血から抗原刺激までの時間 1.2 ～ 1.5 時間： 全頭陽性 採血から抗原刺激までの時間 23 時間：8 頭中 6 頭陽性、2 頭陰性	8				8
カンピロバクター症	PCR、MLST	<i>Campylobacter fetus</i> subsp. <i>fetus</i> と判定した。	1				1
クロストリジウム感染症	ハウスキーピング遺伝子の部分塩基配列決定、分子系統解析	6 株中 1 株が ST21、2 株が ST32、2 株が ST43 に近い新規 ST、1 株が ST304 と ST516 に近い 新規 ST であった。	6				6
クロストリジウム感染症	PCR、16S rRNA 遺伝子解析	本検体中には <i>Costridium novyi</i> A 型は存在せず、 <i>Clostridium</i> 属 4 菌種鑑別 PCR は検体中の <i>C.</i> <i>massilioidielmoense</i> を検出していた可能性が高い。	5				5
クロストリジウム感染症	PCR、16S rRNA 遺伝子解析	98.65%以上の一致率を示す菌種が 2 菌種存在 した (<i>C. chanvoei</i> , <i>C. septicum</i>)。	4				4
クロストリジウム感染症	PCR、16S rRNA 遺伝子解析	分離菌は <i>Clostridium sporogenes</i> と同定された。	12				12
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	全て SNP9 型に型別された。 PFGE により 2 種類の PFGE 像が得られ、両者 間のバンドの相違は 2 本であった。	13				13
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	10 株中 9 株は PFGE II 型、1 株が PFGE III 型 であり、SNP 遺伝子型別の結果、型別不能であ った。	10				10
サルモネラ症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、 MLST	血清型別不能	1				1
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別、ダイレクトシー クエンス、PCR、ディスク拡散法	全ての株は SNP9 型に型別され、4 つの型 (PFGE9- I ～ 9- IV 型) に区分された。 全てのナリジクス酸耐性株の QRDR 内にアミノ 酸配列の変化をもたらす変異は検出されなかつ た。	9				9
サルモネラ症	PFGE	Bin I 消化後の PFGE 像は全て一致した。	13				13
サルモネラ症	PFGE	環境材料由来株の Bin I-PFGE 像と一致し、Xba I-PFGE 像においては 2 本のバンドの相違が認 められた。	1				1
ストレプトコッカス感染症	PCR、単独及び混合培養	供試された <i>S. ruminantium</i> 10 株は遺伝子型 I A 型が 4 株、II A 型が 3 株、I B が 2 株に型別され、 型別不能が 1 株であった。 <i>T. pyogenes</i> 6 株を同一病巣から分離された <i>S.</i> <i>ruminantium</i> と混合培養すると、単独培養に比 べて菌数の減少が認められた。				16	16
ストレプトコッカス感染症	PCR、シークエンス	鑑定株は <i>Streptococcus bovis/equinus</i> -complex に属する <i>S. ruminicola</i> または <i>S. equinus</i> である ことが示唆された。				1	1
大腸菌症	O-genotyping	14 株中 6 株が Og8 型、8 株が Og119 型であった。	14				14
大腸菌症	凝集反応	O141 と型別した。	1				1
大腸菌症	PFGE、MLST、PCR	6 株中 4 株が PFGE 型 I、1 株が PFGE 型 II、 1 株が PFGE 型 III であり、全株が ST10 に型別 され、 <i>bla</i> _{CTX-M-group9} を保持していた。	6				6
大腸菌症	微量液体希釈法、寒天平板希釈法	全株が ABPC、CEZ、CTX、SM に耐性を示し、 9 株中 8 株が OTC 耐性、2 株が EFLX、OFLX 耐性であった。CL、FOM 耐性株は認められな かった。	9				9
ノカルジア症	16S rRNA 遺伝子解析	本分離株は <i>Nocardia farcinica</i> と同定した。	1				1
ボツリヌス症	マウス接種試験、嫌気培養、中和試験	本症例を D/C モザイク型ボツリヌス毒素による 牛ボツリヌス症と判定した。	16				16
マイコプラズマ感染症	PFGE、MLST、融解曲線解析、シークエ ンス	ST21・IS3tpn 挿入株が 10 株、ST21・IS3tpn 非挿入株が 34 株、ST141・IS3tpn 挿入株が 1 株であった。	45				45
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シークエンス、PFGE	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド 感受性低下 SNP が全株で、マクロライド系薬 剤全般、リンコマイシン系薬剤、FQ 感受性低 下 SNP は 2 株で認められ、スペクチノマイシ ン感受性低下 SNP は認められなかった。 PFGE 解析の結果、得られたバンドパターンは 同一、または類似していた。	17				17

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
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド感受性低下 SNP は全株で認められ、マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系、スペクチノマイシン感受性低下 SNP は認められなかった。	13				13
マイコプラズマ感染症	MLST	13 株中 3 株が ST52、1 株が ST93、1 株が ST96、2 株が ST210、1 株が ST211、2 株が ST212、2 株が ST213、1 株が ST214 に型別された。	13				13
マイコプラズマ感染症	SNP、シーケンス	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド感受性低下 SNP は全株で認められ、マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系感受性低下 SNP は 2 株、FQ 感受性低下 SNP は 5 株で認められた。	16				16
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス、MLST、PFGE	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド感受性低下 SNP は全株で、FQ 感受性低下は 3 株で認められ、マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系感受性低下 SNP、スペクチノマイシン感受性低下 SNP は認められなかった。 9 株中 5 株が ST100 に型別され、3 株は新規 ST (ST219) であり、1 株は型別不能であった。 PFGE 解析の結果、2 つのバンドパターンがみられた。	9				9
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス、MLST、PFGE	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド感受性低下 SNP、FQ 感受性低下は全株で認められ、マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系薬剤感受性低下 SNP、スペクチノマイシン感受性低下 SNP は認められなかった。 全株が ST219 に型別された。 PFGE 解析の結果、全株同一、または類似のバンドパターンを示した。	5				5
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス、MLST	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド感受性低下 SNP、FQ 感受性低下は全株で認められスペクチノマイシン感受性低下 SNP は認められなかった。マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系薬剤感受性低下 SNP は 3 株、FQ 感受性低下 SNP は 7 株で認められた。 1 株が ST21、1 株が ST52 に型別され、5 株は新規 ST (ST63、novel ST1～5) であった。	18				18
マンヘミア感染症	16S rRNA 遺伝子解析	本株は PC006942_S に近縁な <i>Mannheimia</i> 属菌であると考えられるが、菌種の同定には至らなかった。	1				1
マンヘミア感染症	16S rRNA 遺伝子解析	鑑定材料 3 株を <i>Mannheimia pernigra</i> と同定した。	3				3
マンヘミア感染症	16S rRNA 遺伝子解析	菌種同定対象の 2 株中 1 株は <i>Gallibacterium anatis</i> と同定し、1 株は同定に至らなかった。 分子疫学解析対象の 13 株は遺伝学的に近縁な 3 つのグループ (PFGE グループ A～C) に分類された。	15				15
マンヘミア感染症 バスツレラ感染症	PFGE	<i>M. haemolytica</i> 11 株中 9 株の血清型 1 型株が、1 株を除きそれぞれ差異が 3 本以内の類似したバンドパターンを示し、 <i>P. multocida</i> 18 株は多様なバンドパターンが認められた。	29				29
バスツレラ感染症	PFGE	一部の菌株において PFGE バンドパターンが類似する PFGE グループ A～D が認められたものの、鑑定株 17 株は多様な PFGE バンドパターンを示したことから、遺伝的系統が異なる多様な菌株が浸潤している状況が明らかになった。	17				17
バスツレラ感染症	PFGE	一部の菌株において PFGE バンドパターンが類似する PFGE グループ A～C が認められたものの、鑑定株 15 株は多様な PFGE バンドパターンを示したことから、遺伝的系統が異なる多様な菌株が浸潤している状況が明らかになった。	15				15
バスツレラ感染症	PFGE	6 株全て同一のバンドパターンを示し、国内の <i>P. multocida</i> 分離株において一般的に認められるパターンの一つであった。	6				6
バスツレラ感染症	MLST	ST13 と判定した。	1				1

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
ヨーネ病	MATR-VNTR 法	106 株中 23 株が MATR-1 型、73 株が MATR-2 型、5 株が MATR-3 型、2 株が MATR-11 型、1 株が MATR-12 型と型別され、2 株は型別できなかった。	106				106
ヨーネ病	SNP 解析	分離菌はウシ型に型別された。	1				1
リステリア症	PFGE	41 株全て同一の泳動像（PFGE パターン）を示した。	41				41
セレン欠乏症	蛍光法	当該牛はセレン欠乏症ではない。	1				1
チアミン欠乏症	ブレカラム HPLC 法	2 検体中 1 検体はチアミン濃度が正常範囲よりも低く、チアミン欠乏症であったことが考えられ、もう 1 検体のチアミン濃度は正常範囲であった。	2				2
チアミン欠乏症	ブレカラム HPLC 法	3 検体の血中チアミン濃度は正常であると判断された。	3				3
銅中毒	原子吸光法	死亡牛 2 頭は銅中毒であったと考えられ、同居牛 4 頭の血清中銅濃度も高値であった。	6				6
銅中毒	原子吸光法	死亡牛 2 頭は銅中毒であったと考えられる。	2				2
鉛中毒	原子吸光法	死亡牛 1 頭は鉛中毒であったと考えられ、他 12 頭中 5 頭の血中鉛濃度が中毒値を示していた。	13				13
鉛中毒	原子吸光法	死亡牛 1 頭は鉛中毒であったと考えられ、同居牛 3 頭中 2 頭の血中鉛濃度も中毒値を示していた。	4				4
<i>Bibersteinia trehalosi</i> 感染症	免疫組織化学的検査	髄膜炎及び脳室炎に <i>Bibersteinia trehalosi</i> の関与が示唆された。	1				1
クロストリジウム感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	観察されたグラム陽性菌が <i>Clostridium</i> 属菌である可能性は高いが、死亡発見から解剖までの時間経過や、炎症を示唆する所見を示していないことなどから、病理組織学的に病変形成に関与したことを証明することは難しい。	1				1
ネオスポラ症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	脊髄灰白質にまれに原虫シストが観察され <i>Neospora caninum</i> である可能性が高いが、 <i>Neospora caninum</i> の脳脊髄炎への関与は不明である。	1				1
ヒストフィルス・ソムニ感染症	免疫組織化学的検査	本症例の肺炎には <i>Histophilus somni</i> 及び <i>Mycoplasma bovis</i> の関与が示唆された。	1				1
マイコプラズマ感染症	免疫組織化学的検査	本症例に観察された凝固壊死巣には <i>Mycoplasma bovis</i> の関与が示唆された。	1				1
マンヘミア感染症	免疫組織化学的検査	本症例の肺炎には <i>Mannheimia haemolytica</i> 血清型 6 の関与が示唆された。	1				1
ロドコッカス感染症	免疫組織化学的検査	症例 1 では病変に一致して <i>R. equi</i> 抗原が観察され、症例 2 においても一部の病変で <i>R. equi</i> 抗原が観察された。	2				2
真菌症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肺と回腸の真菌が明瞭に確認され、肺の真菌は <i>Aspergillus</i> 属菌、回腸の真菌は <i>Candida</i> 属菌と考えられた。				4	4
豚・イノシシ							
豚							
豚熱（緊急病性鑑定）	シーケンス	豚熱と判定した。		136			136
豚熱	ウイルス分離、中和試験	陰性と判定した。		108			108
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	104 検体中 67 検体で PCR 産物が得られ、うち 40 検体がワクチン株が属するクラスターⅠ、5 検体がクラスターⅡに分類される野外株、9 検体がクラスターⅢ、13 検体がクラスターⅣに近縁な野外株であると推察される。	104				104
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	14 検体中 13 検体で PCR 産物が得られ、うち 12 検体がワクチン株が属するクラスターⅠに分類される野外株であり、1 検体からはクラスターⅠとクラスターⅢのウイルスが検出された。	14				14
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	3 検体で PCR 産物が得られ、全てワクチン株が属するクラスターⅡに分類された。	3				3
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	23 検体中 20 検体で PCR 産物が得られ、東日本でもっとも多く検出されているクラスターⅢに分類される野外株であった。	23				23
豚インフルエンザ	シーケンス	H1N2 亜型と同定した。	4				4
オーエスキー病、トキソプラズマ症	ELISA、凝集反応、中和抗体検査 抗 <i>T. gondii</i> 抗体スクリーニング検査	オーエスキー病については全て陰性であり、トキソプラズマ症については 1 検体のみ陽性、残り 9 検体は陰性と判定された。	10				10

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
ペスチウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	3 検体全てから PCR 産物が得られ、Okinawa-1 ～ 3/2021/JPN との類似性が 97.7 % を示し、Genotype 3 に属していた。	3				3
アクチノバチルス感染症	16S rRNA 遺伝子解析	<i>Actinobacillus equuli</i> あるいは <i>A. suis</i> であると考えられるが、同定に至らなかった。	1				1
アクチノバチルス感染症	PCR、スライド凝集試験、ゲル内沈降反応	2 検体とも <i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> と同定し、血清型 2 型であると考えられる。			2		2
ストレプトコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析	<i>Streptococcus suis</i> と同定した。	2				2
ストレプトコッカス感染症	CPS 遺伝子型別、共凝集反応試験	全て血清型 2 型と型別された。				2	2
エンテロコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析	<i>Enterococcus faecalis</i> と同定された。				3	3
サルモネラ症	PFGE、SNP 遺伝子型別	PFGE I 型に型別され、SNP 遺伝子型別の結果は SNP9 型であった。	1				1
パスツレラ感染症	PFGE	牛由来の PFGE バンドパターンが類似する PFGE グループとは異なっていた。	1				1
ブルセラ症	16S rRNA 遺伝子解析	<i>Escherichia</i> 属菌あるいは <i>Shigella</i> 属菌と考えられるが菌種同定には至らなかった。	7				7
<i>Brachyspira</i> 属菌感染症	PCR、シークエンス	<i>B. innocens</i> 及び <i>B. murdochii</i> と高い類似性を示し、 <i>B. innocens</i> であることを否定しない結果となったが、正確な鑑別は困難であると考えられる。	1				1
カビ中毒	液体クロマトグラフ・タンデム質量分析法	検出されたカビ毒の濃度は、農林水産省の定める規制値を下回っていた。	5				5
アクチノバチルス感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	<i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> 血清型 5 が肺における病変の形成に関与したと考えられた。				1	1
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。		6			6
豚熱	リアルタイム PCR、シークエンス	豚熱と判定した。		18			18
豚熱（疫学動向調査）	RT-PCR、シークエンス	2,706 検体中 132 検体を用いて全ゲノム解析を実施した。	2,706				2,706
豚熱（経口ワクチン散布地域におけるサーベイランス）	シークエンス	野外ウイルスであると考えられた。	15				15
馬							
馬							
ノカルジア感染症	16S rRNA 遺伝子解析	最も類似度が高かったのは <i>Nocardia nova</i> で、99.8%であった。	1				1
真菌感染症	ダイレクトシークエンス	解析に用いることが可能な塩基配列を得ることはできなかった。	1				1
ニューモシスチス感染症	PCR、ダイレクトシークエンス、BLAST 解析	既知の <i>Pneumocystis carinii</i> mtLSU rRNA gene 塩基配列と 98.5%の一致を示した。	1				1
大腸菌症	PFGE	3 種類の異なる PFGE パターンが検出され、各パターンにおいて互いに 7 本以上の相違が認められた。	7				7
ストレプトコッカス感染症	PCR、シークエンス	本分離株は <i>Streptococcus orisani</i> と同定された。	1				1
めん羊・山羊							
めん羊							
口蹄疫	RT-PCR	陰性		1			1
山羊関節炎・脳炎	寒天ゲル内沈降反応	15 頭全て沈降線を認めなかった。	15				15
銅中毒	原子吸光法	当該羊の銅濃度は著しい高値を示し、臨床症状等を合わせると、銅中毒であったと考えられる。	1				1
山羊							
山羊関節炎・脳炎	寒天ゲル内沈降反応	11 頭中 4 頭で明瞭な沈降線を認め、7 頭については沈降線を認めなかった。	11				11
ヨーネ病	遺伝子検査、培養検査	分離菌はウシ型に型別された。	3				3
チアミン欠乏症	プレカラム HPLC 法	6 検体中 1 検体はチアミン濃度は低値であり、5 検体は正常範囲であると判断された。	6				6
鹿							
鹿							
口蹄疫	RT-PCR	陰性		8			8
ヨーネ病	培養検査	12 検体中 2 検体からヨーネ菌が分離された。	12				12
家さん							
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	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	972				972

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（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	H5N2 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）	血清抗体検査（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特定した。	62				62
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	陰性	104				104
鳥インフルエンザ（緊急病性鑑定）	血清抗体検査（HI 試験）	陰性	10				10
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。	1,175				1,175
鳥インフルエンザ	血清抗体検査（HI 試験）	H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	62				62
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	H5N2 亜型高病原性鳥インフルエンザと判定した。	25				25
鳥インフルエンザ	HA、NA 亜型の同定	陰性	5				5
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス	全ての検体から明瞭な増幅産物が得られ、ワクチン株の K 株と同一あるいは極めて近縁のものと推察された。	4				4
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	両検体で明瞭な増幅産物が得られ、Genogroup1 に分類されるワクチン株の K 株に最も近縁のものと推察された。	2				2
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	23 検体中 21 検体で明瞭な増幅産物が得られ、13 検体が JP- I 型、6 検体が JP- II 型、2 検体が JP- III 型に分類された。	23				23
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	Gray 遺伝子型に分類され、ワクチン株の ON/74 株と同一または極めて近縁のものと推察された。	1				1
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR	両検体とも増幅産物は得られなかった。	2				2
トリレオウイルス感染症	シーケンス、分子系統解析、BLAST 解析	当該ウイルスは遺伝子型 II に分類されるトリレオウイルスであり、由来の異なる遺伝子分節の組み合わせを持つ再集合ウイルスであると推察された。	1				1
ニューカッスル病	RT-PCR、赤血球凝集（HA）試験	増幅産物は得られなかった。HA 試験においては 2 倍の HA 価が認められた。	1				1
マイコプラズマ感染症	MLST	4 株ともに同一の新規 ST で、ワクチン株と異なる新規 ST を示した。	4				4
マイコプラズマ感染症	MLST	病鑑株は新規 ST であった。	1				1
マイコプラズマ感染症等	シーケンス、BLAST 解析	鑑定材料に含まれる主要な微生物は、マイコプラズマ、Infectious bronchitis virus、Siclinivirus、Avian gyroviruses、 <i>Proteus mirabilis</i> 、及び <i>Salinicola tamaricis</i> であると推察された。	1				1
エンテロコッカス感染症	PFGE、PCR	4 検体とも同一クローン由来株であり、莢膜合成関連遺伝子 <i>wzx</i> と IV 型分泌機構関連遺伝子 <i>virB4</i> が陽性であった。				4	4
エンテロコッカス感染症	PFGE、PCR	3 株全て同一のクローンに由来する株による感染事例と考えられ、莢膜合成関連遺伝子 <i>wzx</i> 及びリポタンパク質遺伝子 <i>lip</i> のみ陽性、 <i>cas3</i> 遺伝子及び <i>virB4</i> 遺伝子は陰性だった。				3	3
大腸菌症	凝集反応	4 株中 1 株が O19、3 株が O115 の 2 種類の血清型に分類された。	4				4
大腸菌症	微量液体希釈法、寒天平板希釈法	全株が ABPC、CEZ、CTX、SM、OTC に耐性を示し、EFLX、OFLX、CL、FOM 耐性株は認められなかった。	2				2
マレック病	免疫組織化学的検査	腫瘍細胞は T リンパ球由来であり、マレック病の腫瘍細胞に特異的に発現する癌タンパク質の Meq 発現も認めたことから、2 羽はマレック病である可能性が高いと考えられる。	2				2
エミュー A 型インフルエンザ	免疫組織化学的検査	全検体に共通して A 型インフルエンザウイルス抗原が検出された。	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
その他							
兎 兎出血病	RT-PCR、ダイレクトシーケンス、分子系統解析	全検体で明瞭な増幅産物が得られ、これらの塩基配列の類似性は100%の一致を示し、GI.2/RHDV2 遺伝子型に分類された。	4				4
ミツバチ 腐蛆病	MLST	<i>Paenibacillus larvae</i> は ST18 が 2 検体、ST15 が 1 検体、ST10 が 2 検体、ST2 が 3 検体であった。 <i>Melissococcus plutonius</i> は 2 検体 が ST25、4 検体 が ST3、1 検体は型別不能であった。	15				15
腐蛆病	リアルタイム PCR、シーケンス	アメリカ腐蛆病菌は 35 検体中 16 検体から検出され、定量値は 4.3 ～ 634,347.0 個 /ml で、ヨーロッパ腐蛆病菌は 35 検体中 23 検体から検出され、定量値は 30.7 ～ 246,649.7 個 /ml であった。 <i>ermB</i> は 35 検体中 9 検体、 <i>ermC</i> は 35 検体中 11 検体の陽性数であった。	35				35
ハエ A 型インフルエンザ	ウイルス分離、遺伝子解析	A 型インフルエンザを分離、H5N1 亜型高病原性インフルエンザであると同定した。	1				1
豚肉製品 アフリカ豚熱	PCR、シーケンス、HAD 試験、ウイルス分離	遺伝子型 II 株と同一または極めて近縁の株であることが示唆された一方、増殖性を有する ASFV は分離されなかった。		3			3
飼料等 ボツリヌス症	マウス接種試験、嫌気培養、中和試験	D/C モザイク型ボツリヌス毒素の存在が強く示唆された。	12				12
サルモネラ症	PFGE	牛由来株の Bin I-PFGE 像と一致し、Xba I-PFGE 像において 2 本のバンドの相違が認められた。	1				1
銅中毒	原子吸光法	測定した飼料は適正要求量と同等の値を示し、水の銅濃度は 0 µg /dl であった。	3				3
銅中毒	原子吸光法	給与飼料のうちサイデオミックスの銅濃度が高めであった。	5				5
銅中毒	原子吸光法	給餌飼料は適正要求量と同等であり、銅中毒の原因とは考えにくい。	10				10
カビ毒中毒	検体クロマトグラフータンデム質量分析法	いずれの検体においても定量下限値未満であった。	10				10
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	陰性	226				226
TSE（伝達性海綿状脳症）	ウエスタンブロット法	陽性	1				1
山羊 TSE（伝達性海綿状脳症）	ウエスタンブロット法	陰性	416				416
TSE（伝達性海綿状脳症）	ウエスタンブロット法	検査不能	1				1
鹿 CWD（慢性消耗病）	ウエスタンブロット法	陰性	13				13
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、HA、NA 亜型の同定	H5N1 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。	84				84
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ウイルスであると同定した。	4				4

Hot Topics

プレスリリース：養豚場の汚水処理や堆肥化が抗菌性物質の環境排出を低減

農研機構は、国内養豚場の汚水処理水や堆肥中の抗菌性物質の残存実態と動態を明らかにしました。排出された抗菌性物質は環境中で細菌を耐性化し、結果としてヒトや家畜の薬剤耐性問題に関与するため、「ワンヘルス」の観点から重要な課題です。汚水処理や堆肥化を行うことで抗菌性物質の残存濃度は減少するものの、その使用量や処理施設の運転状況により、処理水や堆肥中を介した環境排出リスクの度合いに差がみられました。本成果は、情報が断片的だった養豚場から環境への抗菌性物質の排出実態を解明し、環境中細菌の薬剤耐性化や生態系へのリスクを評価したもので、薬剤耐性問題に対し、関係機関が対策を考える際の基礎情報となります。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/161321.html

プレスリリース：牛に呼吸器病を引き起こす 6 種類のウイルスを簡便・迅速に同時検出可能な遺伝子検査法を開発－検査業務の負担軽減に貢献するキットの販売開始－

農研機構とタカラバイオ株式会社は、牛に呼吸器病を引き起こす 6 種類のウイルスを簡便・迅速に同時検出する検査法を共同で開発しました。本検査法では、核酸の簡易抽出法と複数の病原体を同時に検出可能なマルチプレックスリアルタイム PCR 検査法を組み合わせることで、これまで煩雑な工程を必要としていた牛の呼吸器病の原因となるウイルスの検査に要する時間を半減することが可能となり、検査現場での作業負担を大きく軽減することが期待されます。本手法に対応した検査試薬（研究用）は、2024 年 2 月 26 日にタカラバイオ株式会社から発売されました。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/161981.html

令和 6 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。

渡邊 瑞季

越境性家畜感染症研究領域海外病グループ

動物感染症研究の権威である農研機構・動衛研の職員として採用いただき、大変光栄に存じます。先輩方との連携を密にし、基礎的なテーマから社会実装に至るまで、積極的に研究に取り組んでまいります。どうぞよろしくお願いいたします。

岩出 進

衛生管理研究領域病理・生産病グループ

国内の畜産振興に貢献したいという思いから、農研機構への入構を希望しました。農研機構では家畜感染症の病態解明および現場に還元できる技術の開発に精一杯取り組んでいきたいと思っておりますので、ご指導ご鞭撻のほど、よろしくお願いいたします。

長期講習生受け入れ

2024 年 5 月 8 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、鹿児島各研究拠点で、講習生 27 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、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 2024 年度課題別研修「家畜疾病の診断とサーベイランスのための基礎技術強化」が行われています。研修生 6 名（エリトリア、パプアニューギニア、フィリピン、ウガンダ、ウズベキスタン、パラグアイ）を 2024 年 6 月 25 日から 10 月 23 日まで受け入れています。

【編集後記】 今年も、家畜衛生講習会・研修会ならびに JICA 技術研修が始まり、動衛研も賑やかになってきました。一方で、電気代の高騰や施設の老朽化等で、受け入れ体制が、年々、厳しくなっています。その中で、必要な資源や設備を集約して、動衛研の果たすべき役割の継続・発展を考えていかねばならないと思っています。