

内 容：
 ・特集：豚熱
 ・報告：長期在外研究報告
 ・報告：動衛研初！ 学生向け「オープンデイ」を開催しました
 ・研究：研究グループ紹介
 ・研究：研究者の素顔
 ・報告：令和6年病性鑑定実施状況
 ・Hot Topics

特 集 豚熱

豚熱の制御に向けた研究と取り組み

越境性家畜感染症研究領域 研究領域長 **深井 克彦**
FUKAI Katsuhiko

豚熱は豚やイノシシが罹患する熱性疾患で、強い伝染力を持っています。わが国においては、1992年12月の熊本県における発生を最後に、長期間にわたって発生が確認されず、2007年に清浄化に成功しました。しかし、2018年9月に岐阜県の養豚場において豚熱が突如再興し、その4日後には野生イノシシにおいてもウイルス感染が確認されました。当初、豚熱の発生は、東海地方に限定されていましたが、野生イノシシへの感染拡大等により豚熱の発生地域は徐々に拡大し、2019年9月には東海地方から遠く離れた埼玉県でも発生が確認されました。これを受け農林水産省は、撲滅対策の一環として飼養豚に対する弱毒生ワクチン接種を2019年10月から開始しました。また、それに先じる2019年3月からは野生イノシシ対策の一環として、経口ワクチン散布も開始しました。

弱毒生ワクチン接種が開始された以降は、養豚場での発生は激減しましたが、依然として散発的な発生が確認されています。この理由の一つとして、経口ワクチンの散布に加えて、サーベイランスの実施、捕獲の強化、および狩猟者や市民に向けた対策の周知推進といった防疫対策が実施されているものの、野生イノシシでの感染が継続し、その地域が徐々に拡大していることが考えられます。そのため、本病の清浄化に向けては、野生イノシシ対策が非常に重要と考えられます。

そのような背景から本特集では、豚熱の迅速診断法開発およびまん延防止対策や病態解明に資する当部門で得られた3つの研究成果を紹介します。なお、NIAH ニュースにおいては、2020年にも豚熱を特集しておりますが、本特集ではその際に触れることができなかった研究成果を紹介いたします。

1つ目は、西達也主任研究員による豚熱ウイルスとアフリカ豚熱ウイルスおよび豚熱ウイルス野外株とワクチン株の同時かつ迅速な識別検出法と検査材料の簡便かつ迅速な前処理法の開発です。幸いにも、アフリカ豚熱はわが国では発生していませんが、周辺諸国では発生が継続しており、かつ豚熱と臨床的に区別することが困難なため、両疾病は同時に検査する必要があります。また、豚熱ワクチンの使用下においては、野外株とワクチン株との識別が必須となります。従来は、両疾病を別々にコンベンショナルPCRで検査し、

豚熱については最終判定にシーケンス解析による野外株とワクチン株の識別が必要で、手間と時間を要していました。また、野生イノシシの血液は検査に不適な状態のものが多いことに加えて、臓器や耳片は乳剤化するための前処理に手間と時間を要していました。本成果により検査の省力化と短縮化が実現し、両疾病に対する診断体制が大きく改善されました。

2つ目は、山本健久グループ長による豚熱ウイルス野外株の全ゲノム解析です。本病の発生については、豚熱発生地域の周囲に豚熱の発生や感染イノシシが徐々に拡大する一方で、離れた地域の養豚場や野生イノシシで突如感染が確認される事例も起こっています。こうした長距離の感染伝播は、流行の予測を困難にし、清浄化の妨げとなる可能性があります。当部門では、養豚場の全事例および多数の野生イノシシ事例の材料を全国から収集し、ウイルスの全ゲノム解析を進めています。本解析の結果は、長距離の感染伝播を監視し、その発生を防ぐ対策を構築および徹底することで、本病の清浄化を目指すことに大きく寄与すると考えられます。

3つ目は、生澤充隆研究員による豚熱ウイルス野外株の病原性解析です。現在の国内流行株の詳細な病原性解析により、臨床症状の発現とウイルス血症や排泄との時間的関連性、イノシシの代替動物としてのイノブタの感受性、および現行ワクチンの有効性などを明らかにしました。これらの知見は、農場での早期発見、適切な検査材料の選定、および効果的な防疫措置の策定に直結する実用的な成果として活用されています。

以上のような当部門における豚熱の研究は、わが国における豚熱の清浄化に向けた道筋を着実に前進させ、畜産業の基盤強化に大きく寄与するものです。本特集が、関係者一同がともに解決策を考えるきっかけとなれば幸いです。

2020年に豚熱を特集したNIAH ニュースは下記からご覧いただけます。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/publication/laboratory/niah/news/133587.html

豚熱・アフリカ豚熱の防疫を支える迅速・簡便な 遺伝子検査技術の開発と現場適用

越境性家畜感染症研究領域海外病グループ 主任研究員 NISHI Tatsuya 西 達也

豚熱（CSF）およびアフリカ豚熱（ASF）の感染拡大を防ぐためには、迅速かつ精度の高い検査体制の確立が不可欠です。近年、CSF の国内発生と野生イノシシによる感染拡大、さらに海外からの ASF 侵入リスクの高まりを受け、現場で実施可能な高効率な検査技術の整備が強く求められてきました。

従来の PCR 検査では、検体処理の複雑さや高価な核酸抽出試薬の使用、検査に要する時間の長さが課題でした。また、山林で発見される死亡野生イノシシは、両疾病のサーベイランスにおいて重要な対象ですが、腐敗が進んだ臓器の採材には環境汚染や作業者の健康リスクが伴い、さらに反応阻害物質や交差汚染の影響により、安定した検査が困難でした。

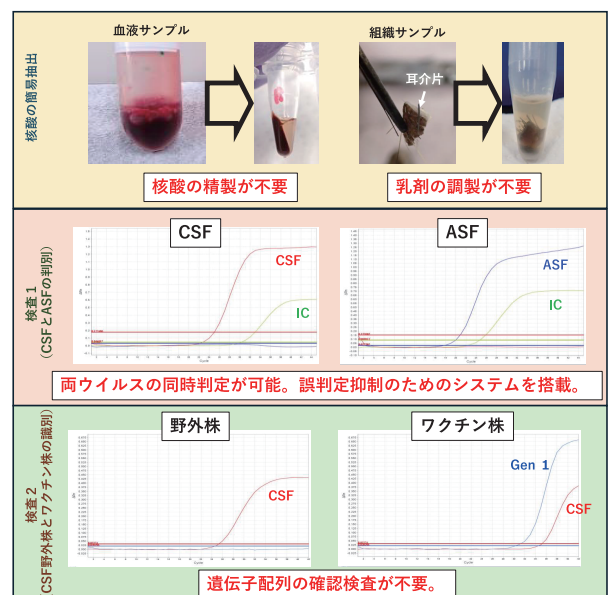
こうした課題を克服するため、農林水産省の研究事業のもと、農研機構 畜産研究部門およびタカラバイオ株式会社と連携し、従来法を大幅に改良した新たな遺伝子検査法を開発しました。本手法の主な特徴は、①核酸精製を必要としない加熱・遠心のみの簡易抽出法、②CSFV と ASFV を同時に検出可能なマルチプレックス PCR 法、③ワクチン株と野外株の識別を可能とする検査法、の三点です。

特に簡易抽出法では、血液検体は専用試薬と混合し加熱・遠心するだけで処理が可能であり、臓器や皮膚組織片（5mm 角程度）も 90℃・10 分の加熱と 2 分間の遠心で処理できます。乳化化や核酸精製工程を省略しつつ、ウイルス核酸の安定した抽出が可能となり、得られた上清を PCR に供することで、2 時間以内に高精度な検査結果を得ることができます。

さらに、死亡野生イノシシの耳介（耳の皮膚）を検体とする新たな手法も確立しました。耳は腐敗や汚染が比較的少なく、野外での採取が容易であるうえ、CSFV および ASFV の抗原が広く分布していることが確認されています。この耳介片を用いることで、死体を解剖せずに安定したウイルス検出が可能となり、既に現場での運用が始まっています。

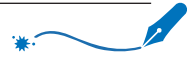
本検査法および抽出法は、国の特定家畜伝染病防疫指針にも記載されており、2021 年には市販キットとして発売されました。その後も改良や新試薬の開発が進められ、現在では全国 38 都道府県の家畜保健衛生所を中心に導入が拡大しています。さらに、野生動物検査に関わる民間機関への普及や、ベトナムとの国際共同研究も進められており、アジア諸国での技術展開も大いに期待されます。

本成果は、農研機構動物衛生研究部門および畜産研究部門の研究陣に加え、タカラバイオ株式会社の高度な技術力と熱意あるご協力の賜物です。関係者の皆様の多大なご尽力に深く感謝申し上げるとともに、本検査法が、ASF の国内早期摘発および CSF の早期清浄化に向けた効果的な防疫対策の一助となることを心より願います。



【図】核酸の簡易抽出及びマルチプレックスリアルタイム PCR 法による遺伝子検査法：

本検査は核酸の精製を要せずに直接かつ 1 回の反応で標的遺伝子を同時検出することが可能です。さらに豚熱陽性の場合には続けてワクチン株・野外株の識別が実施できます。これにより検査時間の大幅な短縮を実現しています。



豚熱ウイルスの遺伝子情報を使った長距離伝播の推定

YAMAMOTO Takehisa

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 山本 健久

これまでの豚熱の感染拡大においては、感染地域の周囲の地域に徐々に感染が拡大する一方で、離れた地域の農場や野生イノシシで突然感染が確認されることも起こっています。たとえば、2020年1月には感染地域から1,000km以上離れた沖縄県内の養豚場で感染が確認されました。また、2022年3月には、イノシシの感染地域の最西端が兵庫県東部であったにもかかわらず、山口県の野生イノシシでの感染が確認され、さらに2023年8月には、九州で初めての感染が佐賀県の養豚場で確認されました。

このような長距離の感染伝播は、未発生の地域や発生が収まってきた地域でも新たに感染が起こる可能性を示しています。つまり、こうした伝播の存在は流行の予測を難しくし、将来、豚熱の清浄化を図る際に問題となります。このため、国内の流行で得られた豚熱ウイルスの遺伝子情報を解析し、この結果から、日本の豚熱の流行中に起こった長距離伝播を明らかにしました。

豚熱ウイルスの収集と全ゲノム解析

これまでに農場で感染が確認された全ての事例については、血液などの検査材料が東京都小平市にある海外病研究拠点に運ばれ、次世代シーケンサーを使って豚熱ウイルスの全ゲノム情報（およそ1万2千塩基）を明らかにしています。また、全国の都府県で実施されている野生イノシシのサーベイランスで陽性となった個体については、血液等の材料を都府県から収集し、これらの一部について全ゲノム解析を行いました。全ゲノム解析の対象とする検体は、各都府県で初めて陽性となった検体の全てに加えて、抗体を有していない個体など、遺伝子検査に有利な条件の検体から地域の偏りに配慮しつつ無作為に選定しました。

感染経路の推定

得られた全ゲノム情報の塩基配列を参照配列（人工的に推定した国内流行株の祖先株の配列）と比較し、複数の塩基座位で起こった変異の組み合わせが、複数株で共有されている場合を、共有塩基変異として特定しました。こうした共有塩基変異は、祖先株で起こった変異が子孫株に遺伝した結果と考えることができ、時間の経過とともに、ウイルスの遺伝子配列に蓄積していくと考えられます。このため、共有塩基変異が

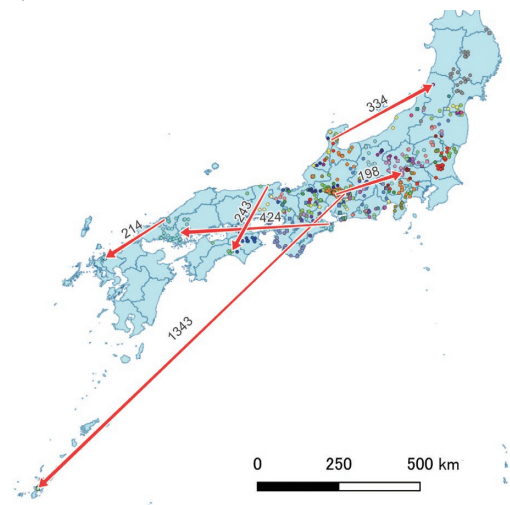
少ない方（祖先側）から段階的に、共有している塩基変異に従ってウイルス株をグループ分けすることにより、流行株の親子関係を推定しました。推定された親子関係から、直前の親株に当たるウイルス株を特定し、これらのうち、地理的に最も近いものとの間の距離をその株の伝播距離として計測しました。こうして得られた伝播距離の分布から、上位1パーセントに含まれる伝播を長距離伝播とし、地図上に表示しました。

推定された長距離伝播

2024年5月までに摘発された92例目までの発生農場由来株100株と、2024年7月までに得られた野生イノシシ由来株585株を解析した結果、図に示す6経路が長距離伝播として特定されました。

これらのうち、沖縄県への伝播は、加熱不十分な肉製品を含んだ食品残渣が飼料として使用されたことが原因と考えられています。また、イノシシへの長距離伝播は、イノシシ間の自然な感染拡大によるとは考えにくいことから、人や車両の移動によって、感染地域のウイルスが遠隔地に運ばれたことによるものではないかと考えられています。

今後、豚熱の感染拡大を防ぐとともに、早期の清浄化を目指すためには、こうした長距離伝播がどのように起こっているかの監視を続けるとともに、こうした伝播の発生を防ぐ対策を徹底する必要があると考えられます。



【図】推定された豚熱の長距離伝播（矢印上の数値は伝播距離（km）を示す。地図上の点は全ゲノム情報が得られた株の位置を示し、点の色はその株が属するグループを示す。）

特集 豚熱

現在流行している豚熱ウイルスの病態解析

IKEZAWA Mitsutaka
越境性家畜感染症研究領域海外病グループ 研究員 生澤 充隆

はじめに

わが国では1992年の発生を最後に、豚熱の発生は確認されなくなりました。しかし、2018年に再発し現在でも広く流行しています。現在流行している豚熱ウイルスの病原性や排泄状況など、病態を明らかにすることは防疫対策のためにも大変重要です。BSL3施設を有する小平海外病研究拠点では現在流行している豚熱ウイルスを用いた感染試験を実施することで、流行中の豚熱ウイルスの病態を明らかとしました。

現在流行している豚熱ウイルスの豚での感染動態

現在の流行1例目から分離された豚熱ウイルス（現在流行株）をワクチン非接種豚に感染させ、臨床症状、ウイルス血症や排出を解析するとともに、過去に流行していた豚熱ウイルス（強毒株）と比較しました。

強毒株を感染させた豚は、ウイルス感染1～2日後から40℃を超える発熱を呈し、10,000個/μLを下回る白血球減少症を示しました。感染5日後には、下痢、起立困難、食欲廃絶、および遊泳運動を呈し、瀕死状態または死亡しました。一方で、現在流行株を感染させた豚は、強毒株と比べるとやや遅れて感染4～5日後から発熱および白血球減少症を示しました。現在流行株感染豚は明らかな症状を示さないものから、元気消失、食欲の低下を示すもの、瀕死状態に至るものまでが認められましたが（図）、強毒株と比較し、死亡する個体はわずかでした。強毒株感染豚でウイルス感染1～2日後から、現在流行株感染豚においては3日後から、血液や唾液などからウイルス遺伝子が検出されました。

以上のことから、現在流行している豚熱ウイルスは、過去に流行していた強毒株よりも病原性が低く、死亡することはまれである一方で、ウイルス血症や排泄は、強毒株よりも開始時期が遅れるものの、同等に起こることが確認されました。

現在流行している豚熱ウイルスは野生イノシシにも病気を引き起こすか？

日本における過去の流行では豚熱ウイルスに感染した野生イノシシはほぼ報告がなく、感染拡大に野生イノシシの関与はないものとされていました。現在の流行では野生イノシシが感染拡大の一翼を担っていることが明らかです。そこで、現在流行株の野生イノシシに対する感染動態を解析しました。

野生イノシシの代替動物として、ワクチン非接種イノブタ3頭に現在流行株を感染させ、前述の豚の試験と比較しました。感染イノブタは感染3～5日後から発熱や白血球減少症を示し、感染後3週間で2頭が死

亡しました。また、ウイルス感染5日目以降に、食欲不振、元気消失、発咳、下痢などを呈しました。また、ウイルス感染3日前後から血液や唾液中などからウイルス遺伝子が検出され始め、試験期間である1か月間を通じて検出されました。

以上のことから、感染イノブタはウイルス血症や排泄が感染豚と同様であることが確認されました。一方、試験途中に死亡したイノブタ2頭については、細菌感染が死亡原因であることが明らかとなりました。このことから、基礎疾患の状況によっては、現在わが国で流行している豚熱ウイルスにおいても、感染個体を高率に死亡させる可能性があることが確認されました。

現在野生イノシシで流行している豚熱ウイルスに対する経口ワクチンの有効性

現在、野生イノシシにおける豚熱対策の一環として、経口ワクチン（C株生ワクチン）の散布が実施されています。そこでイノブタを用い、試験的に経口ワクチン投与後14日目に現在流行株を接種したところ、全頭で発症およびウイルス血症や排泄を認めず、現行の豚熱経口ワクチンは現在流行している豚熱ウイルスに対して有効であることが示されました。なお、豚へのワクチン接種の有効性は動物医薬品検査所が行った試験で確認されています。

以上より、現在流行している豚熱ウイルスは病原性が中等度であり、野生イノシシにも豚と同様の病態を示す可能性があること、野生イノシシに対する経口ワクチンが現在の流行株に有効であることが確認されました。一連の病態解析の結果からは、現在流行している豚熱ウイルスは、ワクチン非接種または非摂食個体に損耗を引き起こすが、一部個体は生残しウイルスを排泄し続けることが明らかとなりました。このため、ワクチンを適切に使用し感染を防ぐことが、本病対策にとって重要と考えられます。これらの知見は、ワクチンによる免疫付与に加え、飼養衛生管理の徹底など、農林水産省が主導する本病の防疫対策に活用されています。



【図】現在流行株感染豚の解剖所見
左：結腸のボタン状潰瘍（矢頭）、右：脾臓の梗塞巣（矢頭）
現在流行株でも典型的な症状を示す個体も認められます。

報告

長期在外研究報告 「センシングと機械学習による家畜健康管理技術の高度化」

衛生管理研究領域衛生管理グループ 上級研究員 ^{HIGAKI Shogo} 檜垣 彰吾

2023年1月15日から2025年1月14日まで、農研機構の長期在外研究制度を利用し、アメリカ合衆国ウィスコンシン州にある University of Wisconsin-Madison（ウィスコンシン大学マディソン校）、Department of Animal and Dairy Sciences（写真1）の Victor E. Cabrera 教授と Joao R. Dórea 准教授の2つの研究室において「センシングと機械学習による家畜健康管理技術の高度化」に取り組みましたので、その背景と概要をご報告させていただきます。



写真1 研究室が入る Animal Science Building

<在外研究の背景>

近年、畜産従事者の減少および高齢化に加え、牛群の大規模化が進んでおり、各個体の健康観察に十分な時間を確保することが困難となりつつあります。そこで筆者らのグループは、家畜生産の省力化および生産性の向上を目的として、ウェアラブルデバイスやコンピュータビジョンといったセンシング技術の開発、およびこれらの技術を活用した機械学習による家畜健康管理技術の開発に取り組んでいます。

筆者は動衛研に着任して以降、主に牛を対象として、腔内センサや尾部センサなどのウェアラブルデバイス、ならびに活動量や骨格情報の推定が可能なコンピュータビジョン技術に関する研究を進め、一定の成果を得ることができました。しかしながら、センシ

ング技術および機械学習分野の進展は極めて早く、自身の研究に先端技術を十分に取り入れられていないという思いが強まってきました。また、研究費の性質上、1～数年といった短期間で成果が出るような「手堅い」テーマを中心に実施してきた結果、研究を進めて行く上での拠り所となる長期的な将来展望を持てずにいることに焦りを感じるようになってきました。

そこで本在外研究では、最先端のセンシング技術および機械学習に関する知見を深め、それらを自らの研究へ取り入れることで、家畜健康管理技術の高度化を図ることを目的としました。加えて、世界の第一線で活躍する研究者たちがどのような将来像のもとで研究に取り組んでいるのかを、現地で肌感覚として理解することも重要な目的の一つと位置づけました。

これらの目的を達成するため、コンピュータビジョンの一手法である骨格検出技術と機械学習を組み合わせた高精度な牛用歩様評価技術の開発に取り組みました。あわせて、将来的な研究の発展を見据え、最新のセンシング技術および機械学習の適用事例・応用範囲について理解を深めるとともに、米国における畜産データ連携に向けた取り組みや研究方針に関する知見の獲得にも努めました。

<Cabrera 教授と Dórea 准教授の研究室、附属農場>

University of Wisconsin-Madison は、世界的に高い評価を受けている研究大学であり、特に畜産学分野は屈指の研究実績を誇ります。その中で、Cabrera 教授と Dórea 准教授が進める先進的な研究は、本在外研究の目的や内容と密接に関連していると判断し、両教授の研究室において在外研究を実施することとしました。

Cabrera 教授は畜産データ解析の第一人者であり、これまでに酪農経営の収益性向上、環境保全（特に温室効果ガス関連）、および持続可能性の向上に寄与する50を超える意思決定支援ツールを開発・公開しています。過去15年間で550万ドルを超える研究資金を獲得しており、米国をはじめとする世界各国で400回以上の普及講演を行うなど、その研究活動は国際的に極めて高く評価されています。在外研究期間中も、大型プロジェクト（Dairy Brain Project）を統括し、畜産分野におけるデータ連携の重要性を実証する研究

報告 長期在外研究報告「センシングと機械学習による家畜健康管理技術の高度化」

に取り組んでいました。研究室には、データサイエンスを専門とする研究者や大学院生を含む概ね8名（入れ替わりが多いため概数。米国人は1名）が在籍し、各自の専門性を活かした学際的な研究が進められていました。

Dórea 准教授は、センシング技術と機械学習を活用したデータ解析による精密家畜管理を専門とする新進気鋭の研究者です。近年は特に、先端的なコンピュータビジョンやウェアラブルデバイスなどのセンシング技術を畜産農場に大規模に導入し、動物の行動や成長、社会的相互関係の把握、さらには疾病やアニマルウェルフェア上の問題の早期発見を可能とするシステムの開発に取り組んでいます。こうした革新的な研究は、畜産業界や学界にとどまらず、大手IT企業からも注目されており、NVIDIA や Microsoft などから研究資金を獲得するなど、その社会的意義と将来性が広く認められつつあります。Dórea 准教授の研究室にも、データサイエンスを専門とする研究者や大学院生を含めて概ね10名（米国人は1名）が在籍しており、専門性を活かした学際的な研究が活発に展開されています。

Department of Animal and Dairy Sciences では教育・研究に、キャンパス内に設置されている Dairy Cattle Center（タイストール：搾乳牛約80頭）とキャンパス外に設置されている Emmons Blaine Dairy Cattle Center（フリーストール：搾乳牛約450頭、乾乳牛約100頭、子牛約50頭）（写真2）および Marshfield Research Station（フリーストール：後継育成牛約520頭）の3つの附属農場を使用しています。これら3農場を使用することで、ウィスコンシン州における主要な飼養形態下における全ての生産段階に対応した教育・研究が実施可能な体制が整えられています。なお、本在外研究におけるデータ採取は、Emmons Blaine Dairy Cattle Center で実施いたしました。



写真2 Emmons Blaine Dairy Cattle Center

<在外研究の概要>

本在外研究では、コンピュータビジョンおよび機械学習を用いた2種類の牛用歩様評価技術（牛を側方から撮影した動画に基づく手法と、上方から撮影した動画に基づく手法）の開発に取り組みました。

側方からの動画を用いた手法では、在外研究に先立って開発した牛用骨格検出ソフトを用い、歩様スコアの評価指標である頭部の上下動、背弯の程度、歩幅、歩行速度などを定量可能か検証しました。また、得られたデータを機械学習により解析することで、客観的な歩様スコアの推定が可能か検討しました。歩行中の牛204頭を側方から撮影した動画を骨格検出ソフトにより解析し、計17種類の歩様指標を定量化した結果、高精度な歩様評価技術（歩行圧力マッピングシステムなど）を用いて得られた既報データと非常に良く一致することが明らかとなりました。また、定量化した歩様指標を基に機械学習による歩様スコア推定モデルを構築し、目視によるスコアと比較した結果、モデルの分類性能は目視による「評価者間」における一致度と同程度であることが明らかとなりました（Comput. Electron. Agric. 217:108573, 2024）。

しかしながら、側方からの動画撮影は、牛同士による遮蔽などにより長期間のモニタリングには適さず、農場への実装には課題があると考えられました。そこで、遮蔽等の問題がない位置、すなわち上方から撮影した動画に基づく歩様評価技術の開発を行いました。本研究では、上方から撮影した牛の骨格を推定可能な新たな骨格検出ソフトを開発し、歩様評価に有用な指標の抽出が可能かどうか検証しました。また、それらを機械学習により解析することで客観的なスコア推定が可能か検討しました。歩行中の牛256頭を上方から撮影した動画を収集・解析した結果、頭部や腰背部における左右動の大きさ及びその速度変化などが歩様スコアに関連していることが明らかとなり、計25種類の新たな歩様指標を考案することが出来ました。また、これらを用いて構築した歩様スコア推定モデルの分類性能は、目視による「評価者内」における一致度と同程度であることが示されました（J. Dairy Sci. 108:3942-3955, 2025）。

これらの結果は、コンピュータビジョンに基づく骨格検出技術が、側方・上方いずれの視点においても、歩様スコアに関連する指標の抽出および定量化に有用であり、そこから得られるデータを用いた機械学習モデルが、客観的かつ信頼性の高い歩様評価手法として大きな可能性を有することを示しています。

<所感>

本在外研究では、Cabrera 教授および Dórea 准教授の2つの研究室に受け入れていただき、それぞれの研究活動に参加する貴重な機会を得ました。いずれの研究室にもデータサイエンスをバックグラウンドに持つ研究者が複数在籍しており、また、畜産系の大学院生が必修科目として機械学習に関する講義を複数履修していたことに驚きました。日本では、依然として「機械学習を使える」ことが強みとして評価される傾向にありますが、米国ではすでにそれが特別な技能ではなく、研究者として当然身につけておくべき素養として位置づけられていることに意識の違いを感じました。同時に、それだけの教育を体系的に実施できる教員層の厚さにも驚かされました。

2つの研究室は研究の進め方や対象とする分野に違いはあるものの、共通して「最先端技術を活用して農場経営における意思決定を改善し、より効率的で持続可能な畜産業を実現する」という明確な目標のもとで研究が進められていました。Cabrera 教授は、農場内外の多様なデータソースから情報を収集・統合し、農場の状態をコンピュータ上に再現する、いわゆる「デジタルツイン (Digital Twins)」を構築することで、この目標の実現を目指しています。一方、Dórea 准教授は、センシング技術と機械学習を、単なる健康管理や疾病検知の手段としてだけではなく、「高効率・高精細な表現型解析 (high-throughput phenotyping) 技術」として位置づけ、家畜の改良や農場環境の改善などにも応用することで上記目標の達成を目指しています。こうした考え方に触れることができたことは、これまでの私の研究に欠けていた「長期的な視点」を得るきっかけとなり、今後の研究の方向性に大きな影響を与えるものと感じています。

<雑感>

在外研究の2年間は、研究面・生活面で非常に多くの“気づき”を得ることができ、間違いなく、これまでの人生の中で最も有意義な期間となりました。

研究面では、両研究室で行われる毎週1回の定例ミーティングのたびに、新たな解析技術や手法に関する報告があり、新しい研究アイデアが次々と生まれ、研究が猛烈なスピードで進んでいることを実感しました。これは Cabrera 教授と Dórea 准教授による的確な指導、両研究室に在籍する抜群に優秀でハードワークを惜しまないメンバーの存在 (写真3)、そして非常に充実した研究施設があったからにほかならず、本在外研究において最適な環境であったと改めて感じています。

生活面では、本在外研究にあたり妻と娘 (当時小学4年生) を帯同したこともあり、現地の小学校教育が特に印象に残っています。娘の通った小学校では、さまざまな催しを通じて「学校は楽しい場所」と感じさせる工夫があり、授業も幅広いテーマに触れることで、「勉強は面白い」と思わせる内容でした。また、米国には学習塾が非常に少なく、いわゆる教科学習だけでなく、課外活動や習い事を通じた人間関係の構築や地域社会との関わりなど、多様な経験が重視されている印象を受けました。日本、韓国、中国など詰め込み教育が主流の国から来た保護者たちが、「米国の小学校教育は良い」と口をそろえていたことが印象的でした。

<謝辞>

2年間の在外研究を承認し、支援して下さった動物衛生研究部門、農研機構本部、関係各所の皆様に感謝いたします。また、公私ともにサポートしてくださった Cabrera 教授と Dórea 准教授ならびに両研究室の皆様に深謝いたします。



写真3 Dórea 研究室のメンバー (中央が Dórea 准教授、右端が筆者)

報告

動衛研初！ 学生向け「オープンデイ」を開催しました

衛生管理研究領域衛生管理グループ 主任研究員

兼 研究推進部研究推進室 人事管理・育成チーム長

OZAWA Tomomi
尾澤 知美

2025年3月13日（木）、学生を対象とした「動衛研オープンデイ」を開催しました。本イベントは、研究職員との交流や施設見学を通じて、動衛研の研究業務への理解と関心を深めてもらうことを目的とし、獣医学科を有する国内7大学から22名の参加を得ました。

当日は午後2時に開会し、研究推進部長による歓迎挨拶に続き、研究推進室長が動衛研の研究体制や実施中の試験研究の内容ならびに国内外における動衛研の社会的役割、さらには動衛研への就職に関する情報について説明しました。その後、全研究領域から1名ずつ若手研究職員が登壇し、自己紹介として動衛研を志望した理由、現在取り組んでいる研究テーマやその他の職務内容、やりがいを感じる場面などについて説明しました。学生時代の経験や、動衛研での日々の業務への思いが実感をこめて語られ、参加者は熱心に耳を傾けていました。

後半は、参加者を4グループに分け、上記の若手研究職員が各グループを20分ずつ回る形式での交流座談会の機会を設けました。研究テーマや採用試験、進学と就職の選択、動衛研での働き方や生活環境に至るまで、幅広い話題について率直かつ活発な意見交換が行われ、学生と職員の間になじみある交流が生まれる、終始和やかな雰囲気で進みました。座談会の終了後には場を移し、動物衛生高度研究施設のエントランスホールで施設概要の説明の後、敷地内を巡りながら研究本館や別棟の説明を行いました。屋外からの見学ではありましたが、動衛研の研究環境を施設面から実感してもらう機会となりました。

午後5時の閉会後に実施したアンケートでは、全体の満足度について「非常に満足」59%、「満足」41%と、参加者全員から肯定的な評価を得ました。業務説明についても、100%が「わかりやすかった」と回答が得

られ、自由記述では「研究の社会的意義が実感できた」、「動衛研の多様な研究内容を知ることができた」、「大学の研究とは異なる視点が得られた」といった声が寄せられました。

交流座談会についても、「非常に満足」27.3%、「満足」72.7%と全員から好意的な評価を得ることができ、「研究内容だけでなく、働き方や職員の雰囲気が伝わってきた」、「進路選択のヒントになった」といった感想が多く見受けられました。また、「動衛研への興味がさらに高まった」と回答した学生が91%に上り、参加者全員が「このイベントを他の人にも勧めたい」と答えるなど、非常に高い満足度に加え、波及効果もうかがうことができました。

また、座談会を担当した若手職員にもアンケートを実施したところ、「学生や大学の先生に動衛研がよい職場であると感じてもらえるよう、今後も努力したいと思った」、「感染試験についての学生の関心の高さが印象的だった」、「学生向けに話すことで自分の研究目標を整理できた」、「改めて入構動機や日々の業務のやりがいを見直す機会になった」などの声が寄せられました。すなわち、本イベントは学生にとって有意義だっただけでなく、職員にとっても自身の業務を振り返る機会となり、双方向にとって学びのある場となりました。

今回のオープンデイは、動衛研として初めての試みでしたが、十分意義のあるものにできたと実感しています。今後もこのような交流の場を通じて、わが国の家畜衛生分野における調査研究への理解促進と、これをきっかけにより多くの学生が進路の選択肢の一つとして動衛研を視野に入れてくれることも期待したいと思います。



参加者とともに（最後列中央4名が若手研究員（左から、黒川、中山、川口、西浦）、後列右端から川島部長、小林室長、前列右端が筆者）

研究グループ紹介

動物感染症研究領域細菌グループの紹介

動物感染症研究領域細菌グループ グループ長 EGUCHI Masahiro
江口 正浩

細菌グループはウイルスグループとともに、中課題「先端バイオ技術を応用した動物感染症の診断法およびワクチンの開発・実用化による被害低減」を遂行するために、小課題「次世代型ワクチンの開発と細菌感染症の診断法の高度化」に取り組んでいます。2025年7月時点のメンバーは兼任者を含め13人の研究員（滞在研究員を含む）とポスドク1名、補助員2名と青森県、徳島県、広島県の長期研修生が所属しています。また、当グループでは、さまざまな病原細菌を研究対象としています。取り組んでいる病原細菌には、世界的に感染制御が困難なもの、清浄化が難しく継続的な監視が必要なもの、さらにはワクチンが未開発または改良の必要があるものが含まれています。加えて、当グループが新たに同定した新種の病原細菌も研究対象としています。今年度、扱っている主要な病原細菌には、ヨーネ菌、パストツレラ科細菌、マイコプラズマ・ボビライニス、クロストリジウム属菌、ミツバチ新規病原体（パエニバシラス属3菌種、バシラス属1菌種）、サルモネラ属菌、豚丹毒菌、ストレプトコッカス・ブルアニマリウム、牛肺疫菌、エンテロコッカス・セコラムなど多岐にわたります。当グループでは、これら病原細菌に対して、簡便かつ迅速な検査技術および効果的な疾病制御技術の開発に取り組んでいます。本稿ですべてを紹介することはできませんが、今年度、特に着目している4つの課題について紹介します。

1. エンテロコッカス・セコラムは、鶏の腸内に常在する細菌の一つです。近年、国内外の肉用鶏農場において本菌を原因とする骨格疾患による運動障害の集団発生事例が急増しており、大きな問題となっています。そこで、本菌の防除法や感染予防法の開発が強く求められています。しかしながら、疾病を起こす本菌の遺伝学的特徴や薬剤感受性についての情報はほとんど存在せず、有効な防疫対策を確立する上で大きな障害となっています。そこで、当グループでは、国内で分離された菌株の遺伝学的解析と薬剤感受性試験を行い、全ゲノム配列データと本菌感染症に有効な薬剤に関する情報を得ることを目指しています。

2. サルモネラ属菌を原因菌とする牛サルモネラ症は、発生時の被害額が大きく、重点的な監視が求められ

る家畜疾病です。その監視の一貫として、牛の血清を用いたサルモネラ属菌の農場汚染度評価が行われています。しかし、現行の評価系では、ワクチン接種個体と感染個体の区別がつかないことが課題となっています。そこで、当グループでは、これらを識別するための新たな血清学的診断法の開発に取り組んでいます。

3. 牛肺疫は致死率が高い伝染病で、海外ではアフリカを中心に発生しており、国内への侵入監視体制の強化が必要な感染症の一つです。一方、現行検査法の一つである既存のPCR法は、すべての牛肺疫菌を検出できないことがわかってきました。そこで、当グループでは、ゲノム解析の結果に基づき、より高精度に牛肺疫菌を検出可能なPCR法の開発を目指しています。

4. 豚丹毒菌は、家畜伝染病予防法における届出伝染病に指定されている人獣共通感染症の原因菌の一つです。当グループでは、新規のワクチン開発に向けてワクチンシイズ株の選定を進めています。現在、感染防御に関与する抗原であるSpaAタンパク質を高発現する株を探索し、新規ワクチンシイズ株の候補を同定することを目指しています。

当グループでは、これまでに家畜の細菌感染症に関わるさまざまな課題に取り組み、学術的知見の深化や診断法・予防法の開発など、多くの成果を挙げてきました。これらの成果の多くは、若手研究員が主体的に研究を進めた結果として得られたものであり、将来への大きな可能性を感じさせる環境が整っています。今後も新たな技術を積極的に取り入れるとともに、部門内のグループや、さらには他の研究部門との連携を強化しながら、研究を推進していく方針です。



研究者の素顔

国際協力と交流

TAKAGI Michihiro
バイオセーフティ管理役 高木 道浩

大学入学時から臨床獣医師で国際協力に関係する仕事に就ければと考えていましたが、恩師の JICA 短期専門家としてザンビア大学でのウイルスに関する技術協力の話を聞いて、感染症に興味を持ち、方向転換しました。また、大学に交換留学（当時、文部省の奨学金で大学間交流留学制度があった）制度があり、5年次の後期から休学してフィリピン大学ロスバニョス校へ約 11 ヶ月間留学し、様々な経験ができたことはとても良かったと思っています。博士課程への進学、大学への就職を経て、17 年前に動衛研に転職し、現在に至ります。この間、様々な動物種の感染症や免疫に関する研究をしていましたが、最後まで完遂したとは言いがたいと思います。しかし、様々な手技手法を得たことは大きな財産となりました。

動衛研に来てからは主に豚繁殖・呼吸障害症候群（PRRS）の研究をしていましたが、2006 年に中国において高致死率の PRRS が発生し、これに関連した JICA プロジェクトの短期専門家でベトナムに何度か行き、初代培養の作出法やウイルス分離などの手技を移転しました。また、このプロジェクトの会合で東南アジア諸国へも行くことができ、ベトナムで実施した内容をプレゼンすることもしました。その後は、JICA の個別技術研修生（インドネシア、ミャンマー、フィリピン、カンボジア、モンゴル、南スーダン、リベリア、ナミビア）を受け入れ、様々な手技手法を得ていたこともあり、ウイルスや細菌の基本的な診断法などの研修を行いました。彼らが帰国後も何かあれば、助言などを続けています。また、ほとんどの研修生は日本が初めてということもあり、飲食（寿司、刺身は必ずトライしたいとリクエストされます。また、居酒屋も楽しいそうです。）や観光に行き、滞在中に交流を深めたりしました。

個人的にこれまで受け入れた研修生を含めて交流のあった研修生の国へ訪問することと決め、渡航中止勧告以上が発出されている国々を除いて全て訪問しました。一般的には発展途上国という括りにはなりますが、その中でも違いはあり、彼らの働いているラボは日本と遜色ないところもあれば、機器すらまともでないところもあります。ご存知の方も多いと思いますが、獣医師などはホワイトカラーの場合が多く、研修生の多くはこれに該当します。実際に手を動かすスタッフはアニマルヘルスワーカーと言われるような人が診断な

どを実施しているところが多く、日本で習得してきた技術を彼らに教え、実践させています。最近では、遺伝子診断が主流となってきていることから PCR に関する研修の希望が多く、実際にほとんどのラボでリアルタイム PCR の機材が国際機関や外国からの援助で導入されています。しかし、消耗品不足やメンテナンスができずに故障といったこともよく見られ、個人的な訪問ではありましたが、機器のメンテナンスの方法や診断法のアドバイスなどを現地スタッフに教えることもありました。このようにいろいろな国の家畜衛生事情や文化などもわかり、とても有意義な時間を過ごせたと思っています。

これからも時間が許す限り（お金も）、いろいろな国を訪問し、共同研究も含め国際交流が発展できればと思っています。



2022 年度研修生と東京観光（左からシャロンさん（ザンビア）、筆者、エリニさん（ナミビア））



2017 年度研修生とウガンダ カンパラ市内にて（左から筆者、ドウモさん（南スーダン）、エマさん（ウガンダ））

報告

令和 6 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	検査結果 陰性頭数
令和 6 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 日公表、令和 6 年 10 月 31 日一部変更）

(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	検査結果 陰性頭数
令和 6 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 日公表、令和 6 年 10 月 31 日一部変更）

(3) 高病原性鳥インフルエンザの病性鑑定

※（ ）は緊急病鑑対応数

	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 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	41 (22)	619 (385)	41 (22)	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 2 年 7 月 1 日公表、令和 6 年 10 月 31 日一部変更）

(4) 豚熱の病性鑑定

※（ ）は緊急病鑑対応数

	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 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	豚	6 (4)	417 (281)	6 (4)	0
	イノシシ	6 (5)	13 (12)	6 (2)	0

「豚熱に関する特定家畜伝染病防疫指針」（令和 2 年 7 月 1 日公表、令和 6 年 10 月 31 日一部変更）

(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	検査結果 陰性例数
令和 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	2	5	0	5

「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 日公表、令和 6 年 10 月 31 日一部変更）

(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	検査結果 陰性頭数
令和 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	0	0	0	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 日公表、令和 6 年 12 月 20 日改訂）

(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 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	39	1,849

(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	検査結果 陰性頭数
令和 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	448	751	2	749

「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 日作成、令和 6 年 4 月 1 日一部改正）

(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	検査結果 陰性例数
令和 6 年 1 月 1 日～12 月 31 日	20	95	83*	12

* 高病原性鳥インフルエンザ又は低病原性鳥インフルエンザ

・「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 20 年 9 月作成、令和 6 年 9 月改訂）

・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	890 (80)	210 (11)	4 (3)	107 (13)	1,211 (107)
豚・イノシシ	499 (20)	0 (0)	14 (2)	12 (2)	525 (24)
馬	2 (2)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	2 (2)
めん羊・山羊	71 (10)	1 (1)	0 (0)	0 (0)	72 (11)
鹿	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
家さん・野鳥	314 (31)	0 (0)	0 (0)	148 (12)	462 (43)
その他	182 (18)	8 (1)	0 (0)	0 (0)	190 (19)
計	1,958 (161)	219 (13)	18 (5)	267 (27)	2,462 (206)

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 2 年	令和 3 年	令和 4 年	令和 5 年	令和 6 年
牛	1,192 (102)	833 (82)	942 (68)	651 (95)	1,211 (107)
豚・イノシシ	1,567 (66)	938 (35)	416 (22)	187 (23)	525 (24)
馬	51 (1)	12 (2)	0 (0)	11 (5)	2 (2)
めん羊・山羊	52 (6)	31 (9)	46 (8)	36 (5)	72 (11)
鹿	0 (0)	39 (2)	0 (0)	12 (1)	0 (0)
家さん・野鳥	45 (12)	104 (12)	119 (22)	59 (22)	462 (43)
その他	60 (16)	45 (10)	18 (5)	96 (11)	190 (19)
計	2,967 (203)	2,002 (152)	1,541 (125)	1,052 (162)	2,462 (206)

令和6年病性鑑定実施状況（細目）

単位：例数

対象疾病等	目的・検査方法等	結 果	本所	小平	札幌	鹿児島	合計
牛							
牛							
牛 RS ウイルス感染症	ウイルス分離	分離陰性。	1				1
牛 RS ウイルス感染症	ウイルス分離、PCR	57 検体中 1 検体で CPE 出現を確認したが、リアルタイム PCR の結果陰性であった。	57				57
牛 RS ウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	8 検体中 3 検体で 492bp の G 遺伝子配列、4 検体で 791bp の F 遺伝子配列を取得し、ともに検体間で 100 一致した。subgenotype X に属しており、HK07/18/JP や MY05/19/JP 株と近縁であった。	8				8
牛アデノウイルス感染症	シークエンス、分子系統解析	HLJ0955 株と 99% 以上の類似性を示すグループ、WBR-1 株と 99% 以上の類似性を示すグループ、両株に 90.6 ～ 96.2% の類似性を示すグループの 3 つに分けられた。	65				65
牛アデノウイルス感染症	PCR、シークエンス、BLAST	本検体は 6 型であることが判明した。			1		1
牛ウイルス性下痢	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	核酸抽出物 14 検体中 13 検体から増幅産物が得られ、BVDV1 に分類された 4 検体のうち、同一農場の 3 検体は系統樹上も同じグループに分類された。BVDV2 に分類された株のうち 5 検体は系統樹上も同じグループに分類された。	28				28
牛ウイルス性下痢	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析、BLAST	2 検体の塩基配列は 100% 一致し、中国で検出された BVDV1 d に近縁であった。	2				2
牛ウイルス性下痢	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析、BLAST	鑑定材料の全てが PCR 陽性となり、発症牛と PI 牛の塩基配列は 100% 一致し、米国の分離株である BVDV2a WiscA 株や GBK 株に近縁であった。	7				7
牛ウイルス性下痢	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	5 検体中 4 検体は 99.7% 以上の配列類似性を示し、BVDV2a のクラスター I に分類され、1 検体は BVDV1b のクラスター I に分類された。	5				5
牛ウイルス性下痢	次世代シークエンス、RNA-seq	分離株 3-666ncp は BVDV2a 亜型の国内標準株と高い類似性であったが、エンペロー膜タンパク質である Erns、E1 及び 2 とそれぞれ 7、3 及び 10 箇所のアミノ酸変異が認められた。分離株 5-95cp 及び 5-95ncp はウイルスタンパク質翻訳領域内の NS2 領域で 11 箇所のアミノ酸変異があった。	3				3
牛ウイルス性下痢	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	5 検体は 99.6% 以上の配列類似性を示し、BVDV1b のクラスター I に分類された。	5				5
牛ウイルス性下痢	PCR	16 検体全てにおいて標的のマーカー遺伝子は検出されなかった。	16				16
牛ウイルス性下痢	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	14 検体中 4 検体は BVDV1a に、10 検体は BVDV1b に分類され、BVDV1b の 10 検体はクラスター I に分類された。	14				14
牛伝染性リンパ腫	リアルタイム PCR、伝搬リスク評価	検査依頼機関での伝搬リスク評価は、動衛研で実施した評価と完全に一致した。（カッパ係数 0.904）	88				88
牛伝染性リンパ腫	リアルタイム PCR、伝搬リスク評価	検査依頼機関での伝搬リスク評価は、動衛研で実施した評価と完全に一致した。（カッパ係数 0.853：LTR 法、0.927：pol 法）	64				64
牛伝染性リンパ腫	リアルタイム PCR、伝搬リスク評価	32 検体中 4 検体で BLV プロウイルスが検出され、うち 1 頭は 20% 程度の感染率であった。他の 3 頭はいずれも低いプロウイルス量であり、検査依頼機関と一致した。	32				32
牛伝染性リンパ腫	PCR、シークエンス、リアルタイム PCR	pol 法のフォワード結合領域、リバースプライマー結合領域及びプロンプ結合領域の 3 領域中 1 領域に変異を認めた。 LTR 法によるプロウイルス量測定では高値を示した。	1				1
牛ヘルペスウイルス感染症	PCR、シークエンス	経鼻ワクチン株や注射ワクチン株の特徴と異なり、野外株であると考えられた。	1				1
牛ライノウイルス感染症	ウイルス分離、RT-PCR	全検体において分離陰性であった。	9				9
牛ロタウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	全検体から増幅産物が確認され、いずれも遺伝子型 G6P〔11〕に分類されることが明らかとなった。			2		2
牛ロタウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	当該検体から VP7 及び VP4 遺伝子増幅産物の存在を確認し、既報の国内牛ロタウイルス C 株との VP7 及び VP4 遺伝子の類似性はそれぞれ 92% 及び 95% であった。			1		1
チュウザンウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	分節ゲノム 2 の部分配列で 100% の一致がみられ、2020 ～ 22 年に沖縄県で分離された株並びに、2012 ～ 17 年に中国本土で分離された株と最も近縁であることが示された。				2	2
ディアギュラウイルス感染症、流行性出血病	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	EHDV を標的とした RT-PCR で遺伝子増幅産物が検出された 9 検体は、EHDV-6 と完全に一致した。DAGV を標的とした RT-PCR で遺伝子の増幅が認められた 4 検体は、2018 年及び 2022 年に長崎で分離された株と同じクレードに含まれていた。				24	24
ブルータングウイルス感染症	RT-PCR、シークエンス、分子系統解析	抽出 RNA 2 検体から得られた増幅産物は 100% 一致し、2013 年の中国株や 2016 年の熊本株と近縁であり、血清型 21 に属する株と高い類似性が認められた。				6	6
ランビースキン病	PCR、リアルタイム PCR、シークエンス	陽性		136			136
ランビースキン病	PCR、リアルタイム PCR、シークエンス	陰性		45			45

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
ランビースキン病	PCR、リアルタイム PCR、シーケンス	4 頭はワクチン株陽性、1 頭は野外株陽性であった。		29			29
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	血清型 6 に対するプライマーでのみ増幅産物が認められ、2023 年の熊本県、福岡県及び長崎県分離株の配列と完全に一致した。				1	1
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	6 株すべてで血清型 6 に対するプライマーでのみ増幅産物が認められ、2023 年の熊本県、佐賀県及び長崎県分離株の配列と完全に一致した。				6	6
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	EHDV ゲノム分節 3 及び EHDV-6 ゲノム分節 2 に特異的な増幅産物が認められ、ゲノム分節 2 に一塩基変異が認められた以外は、2023 年に熊本県、佐賀県、福岡県及び長崎県で分離された EHDV-6 と完全に一致した。				48	48
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	すべての検体で遺伝子増幅産物が検出され、ゲノム分節 2、3 のいずれも同一の配列であり、2023 年に九州で分離された EHDV-6 の塩基配列と完全に一致した。				7	7
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	ゲノム分節 3 を標的とした RT-PCR では 2023 年の EHDV-6 熊本株と 1 塩基異なっていた。ゲノム分節 2 では 2023 年に九州分離株と 12 塩基の違いが認められた一方、2023 年に鹿児島研究拠点で分離された株と 100%一致していた。				1	1
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	ゲノム分節 3 を標的とした RT-PCR では 2024 年のアルボウイルスサーベイランスでの分離株 (EHDV-6) と完全に一致し、2023 年の EHDV-6 熊本株と 1 塩基異なっていた。ゲノム分節 2 では 2024 年のアルボウイルスサーベイランスでの EHDV-6 の分離株、2023 年の EHDV-6 熊本株と完全に一致していた。				2	2
<i>Shouchella</i> 感染症	16S rRNA 遺伝子解析	<i>Shouchella tritolerans</i> 、 <i>S. clausii</i> 及び <i>S. rhizosphaerae</i> の基準株の配列と 98.7%以上の一致率を示し、鑑定材料菌株はいずれかの菌種であると考えられるが、今回は同定に至らなかった。	1				1
牛結核	PCR、組織培養試験	すべての検体において PCR 結果は陰性であった。1 個体で抗酸菌が分離されたが、結核菌群、鳥型結核菌群以外の抗酸菌であると判定された。	8				8
牛結核	インターフェロン γ アッセイ	全頭陰性。	3				3
牛ボツリヌス症	接種試験、PCR、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診断した。	2				2
カンピロバクター感染症	PFGE、MLST	3 種類の異なる PFGE 像を示したが、3 株とも ST3 に型別された。	3				3
クレブシエラ感染症	次世代シーケンサー、BLAST、ResFinder 4.4.2	両株とも blaCTX-N-2 を保有していた。	2				2
クロストリジウム感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR、免疫組織化学的検査	<i>Clostridium septicum</i> と同定した。	5				5
クロストリジウム感染症	PCR、シーケンス、16S rRNA 遺伝子解析	送付分離菌株では <i>Clostridium haemolyticu</i> の存在を示唆する PCR 産物が増幅され、送付肝臓由来及び腎臓由来の増幅産物と 100%近く一致していた。	5				5
サルモネラ感染症	PFGE、薬剤感受性試験	供試菌 88 株は PFGE I 型 (27 株)、II 型 (3 株)、III 型 (35 株)、IV 型 (22 株)、V 型 (1 株) に区分された。薬剤感受性試験の結果、被験菌は次の薬剤に 60%を超える耐性率を示した：AMP (耐性率：76%)、AMC (75%)、CFZ (75%)、CTX (66%)、TET (80%)、CHL (76%)、NAL (83%)、SUL (78%)。	88				88
サルモネラ感染症	PFGE	3 株の PFGE 像は一致し、過去病鑑株間におけるバンドの相違は 7 本以上であった。	3				3
サルモネラ感染症	PFGE	10 株中 6 株の PFGE 像は一致した。これらと残り 4 株間におけるバンドの相違は、それぞれ 7 本以上認められた。	10				10
サルモネラ感染症	PFGE	S. Dublin において 3 種類の PFGE 像が得られ、過去の県内分離株とのバンドの相違は 7 本以上認められた。S. Newport の PFGE 像はすべて一致した。	12				12
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	3 つのクラスターに区分され、PFGE I 型は SNP1 型、PFGE III 型は SNP9 型、PFGE VI 型は SNP7 型で構成された。	10				10
サルモネラ感染症	PFGE	死亡牛と同居牛間のバンドの相違は 1 本であり、同居牛同士は同一のバンドパターンであった。	3				3
サルモネラ感染症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	S. Dublin と型別した。	1				1
サルモネラ感染症	SNP 遺伝子型別、PFGE	4 株すべて SNP9 型と判定され、PFGE III d 型に型別された。	4				4
サルモネラ感染症	シーケンス、PCR、SNP 遺伝子型別	S. Typhimurium は、GyrA の 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変異していた。SNP 遺伝子型別の結果、SNP7 型に型別された。 <i>P. rettgeri</i> は、83 番目のアミノ酸残基がセリンからイソロイシンへ変異していた。	2				2
サルモネラ感染症	PFGE	供試菌 6 株のうち 1 株のみ異なる PFGE 像を示し、他 5 株とのバンドの相違は 3 本であった。	6				6

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
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別、MLST	供試菌 5 株のうち 1 株のみ異なる PFGE 像を示し、他 4 株とのバンドの相違は 7 本であった。SNP 遺伝子型別の結果、供試菌はすべて SNP9 型と判定された。MLST を実施した 2 株のうち 1 株が ST34、1 株が ST19 と判定された。	5				5
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	SNP 遺伝子型別の結果、供試菌はすべて SNP9 型と判定された。 今回及び過去の病性鑑定依頼で得られた 55 株の PFGE 像のクラスター解析を行った結果、PFGE I～IV 型に区分された。	30				30
サルモネラ感染症	PFGE、シーケンス、PCR	15 株から 6 種類の PFGE 像が得られ、3 つの PFGE 型（I～Ⅲ型）に区分され、さらに I 型は 4 つの亜型に細分された。SNP 遺伝子型別の結果全株 SNP9 型に型別された。PCR の結果 3 株から qnrS 遺伝子が検出された。	15				15
サルモネラ感染症	PFGE	供試した 53 株は 6 つのクラスター（PFGE I～VI）に区分された。	53				53
サルモネラ感染症	PFGE	昨年度病鑑株と送付株間における PFGE 像のバンドの相違は、それぞれ 3 本と 7 本認められた。	2				2
サルモネラ感染症	PFGE	2 株の PFGE 像は一致した。	2				2
サルモネラ感染症	PFGE	前回の病性鑑定株とは BlnI-PFGE 像で 1 本、XbaI-PFGE 像で 4 本のバンドの相違が認められた。	1				1
サルモネラ感染症	SNP 遺伝子型別、PFGE	A 農場由来 3 株は SNP8 型、B 農場株は SNP9 型であった。SNP8 型 3 株中 2 株の PFGE 像は一致し、残り 1 株と 2 本のバンドの相違が認められた。SNP9 型株の PFGE 像はすべて同一で、SNP8 型株と 7 本以上のバンドの相違が認められた。	5				5
サルモネラ感染症	16S rRNA 遺伝子解析	<i>Streptococcus pluranimalium</i> と同定された。				1	1
ストレプトコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR	本検査株は <i>Streptococcus pluranimalium</i> と同定された。				3	3
ストレプトコッカス感染症	PCR、シーケンス	本菌を <i>Streptococcus ruminantium</i> と判定した。	1				1
ストレプトコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析	本株を <i>Streptococcus uberis</i> と判定した。	1				1
ストレプトコッカス感染症、 嫌気性菌感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR、 シーケンス	嫌気性菌 2 株は <i>Bacteroides fragilis</i> 、レンサ球菌は <i>Streptococcus pluranimalium</i> と同定された。				3	3
ストレプトコッカス感染症、 エンテロコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析	それぞれ <i>Streptococcus pluranimalium</i> 、 <i>Escherichia</i> 属または <i>Shigella</i> 属菌、 <i>Enterococcus cerum</i> と同定された。				3	3
大腸菌感染症	MLST、PCR、シーケンス	MLST により 19 種類の異なる ST が検出された。 ESBL 産生株 3 株は blaCTX-M-15、blaCTX-M-14 及び blaCTX-M-55 を保有していた。	23				23
大腸菌感染症	凝集反応、マルチプレックス PCR	10 検体中 3 検体が O78、3 検体が O5、4 検体が型別不能であった。	10				10
大腸菌感染症	PCR、生化学性状検査	99.9%の確率で <i>Escherichia coli</i> であると推定された。	1				1
大腸菌感染症	凝集反応、マルチプレックス PCR	血清型はすべて OUT、O-genotyping の結果はすべて Og8 であった。	6				6
大腸菌感染症	薬剤感受性試験	供試菌株 2 株は ABPC、CEZ、CTX に耐性を示し、SM の MIC は両株が、OTC の MIC は 1 株で高値であった。両株が OFLX に感受性であり、CL、FOM では 1 株が耐性であった。	2				2
ノカルジア感染症	16S rRNA 遺伝子解析	2 株は <i>Nocardia africana</i> と同定した。	2				2
フソバクテリウム感染症	16S rRNA 遺伝子解析	最も類似性が高かったのは <i>Fusobacterium hwasookii</i> で 96.4%であったが、正確な菌種同定には至っていない。	1				1
アコレプラズマ感染症	16S rRNA 遺伝子解析	すべて <i>Acholeplasma laidlawii</i> 基準株 NRBC_14400 の rrs と 99.9%一致した。	10				10
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、FQ 感受性低下 SNP は全株で認められたが、マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系薬剤、スペクチノマイシン感受性低下 SNP は認められなかった。MLST 解析ではいずれも ST221 に型別された。	7				7
マイコプラズマ感染症	SNP 遺伝子型別、MLST、シーケ ンス	テトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド薬剤感受性低下 SNP は全株で認められ、マクロライド系薬剤全般、リンコマイシン系薬剤感受性低下 SNP は 23 株中 6 株で、FQ 感受性低下 SNP は 23 株中 15 株に認められたが、スペクチノマイシン感受性低下 SNP は認められなかった。MLST 解析では新規の 3 つを含む 9 つの ST に型別された。	23				23
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス、 MLST	全株ともテトラサイクリン系薬剤、16 員環マクロライド、FQ の感受性低下が認められた。	4				4
ヨーネ病	MATR-VNTR 法	4 株すべて MATR-2 型に型別された。	4				4
ヨーネ病	リアルタイム PCR	全検体陰性。	12				12
ヨーネ病	リアルタイム PCR	全検体陰性。	5				5
ヨーネ病	リアルタイム PCR、シーケ ンス	抽出物 2 検体中 1 検体は陽性、1 検体は陰性であった。PCR 産物 7 検体中 5 検体から標的サイズのバンドが検出され、いずれもヨーネ菌 IS900 の標的領域と完全に一致した。	9				9
セレン欠乏症	蛍光法	死亡牛、同居牛ともに血清中セレン濃度は正常範囲内であった。	12				12
セレン欠乏症	蛍光法	当該牛、同居牛すべての牛は、セレン欠乏症ではない。	10				10
銅中毒	原子吸光法	死亡牛 2 頭の肝臓中銅濃度は著しい高値、うち 1 頭の腎臓及び血清中銅濃度も高値を示し、銅中毒であったと考えられる。同居牛の血清中銅濃度はおおむね正常範囲内であった。	15				15

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
銅中毒	原子吸光法	当該牛の肝臓の銅濃度は高値を示し、依頼元の病理検査結果等を合わせると銅中毒であると考えられる。	1				1
銅中毒	原子吸光法	病鑑殺牛 1 頭における肝臓中銅濃度は著しい高値を示し、銅中毒と判断された。他 11 頭中 5 頭の血清中銅濃度が正常範囲より高い値を示した。	12				12
銅中毒	原子吸光法	肝臓中銅濃度は著しい高値を示した。	1				1
鉛中毒	原子吸光法	死亡牛、同居牛いずれも血液中鉛濃度は正常範囲内であった。	6				6
鉛中毒	原子吸光法	10 頭中 2 頭の血液中鉛濃度は正常値を超えていたが、中毒値は示さなかった。ほか 8 頭は正常値を示した。	10				10
アミロイドーシス	セルロースアセテート膜電気泳動法	α -グロブリン分画の先鋭化、並びに α 及び β -グロブリンの増加、A/G 比の低下など牛のアミロイドーシスに特異的な分画像を示した。	1				1
アミロイドーシス	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	脾臓においてアミロイドの重度沈着がみられ、その他の臓器でも軽度から重度のアミロイドがみられた。血清アミロイド A に陽性を示した。	1				1
アミロイドーシス	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肝臓においてアミロイドの重度沈着がみられ、血清アミロイド A に陽性を示した。	1				1
アミロイドーシス	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肝臓においてアミロイドの重度沈着がみられ、血清アミロイド A に陽性を示した。	1				1
牛伝染性鼻気管炎	免疫組織化学的検査	すべての検体において陽性反応は認められなかった。IBR 流産胎仔で観察される典型的な巣状壊死や封入体も認められず、IBR 感染を疑うことは困難である。	4				4
マンヘミア感染症	免疫組織化学的検査	いずれの組織においても陽性反応は認められなかった。	1				1
マンヘミア感染症	免疫組織化学的検査	本症例の肺炎は <i>M. haemolytica</i> 血清型の関与が示唆される。	1				1
牛ロタウイルス感染症	免疫組織化学的検査	上皮細胞の細胞質において A 群ロタウイルス抗原が検出されたが、病変への関与の程度は不明である。	1				1
ロドコッカス感染症	免疫組織化学的検査	2 症例とも牛の <i>R. equi</i> 感染症であると考えられる。	2				2
真菌性流産	免疫組織化学的検査	病変に観察された真菌菌糸は <i>Aspergillus</i> 属菌の可能性が高いが、種の同定には至らなかった。	1				1
真菌症	免疫組織化学的検査	<i>Aspergillus</i> 属菌の可能性が高いが、種の同定には至らなかった。	1				1
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。		237			237
豚熱（緊急病性鑑定）	RT-PCR、シーケンス	豚熱と判定した。		44			44
豚熱	中和試験	県における中和試験成績とおおむね一致した。		92			92
豚熱	RT-PCR、シーケンス	農場間で直接感染したことを示す変異や、農場と野生イノシシの感染との関連を示す変異は認められなかった。		44			44
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	PRRSV 検出 RT-PCR により北米型が 49 検体検出され、PCR 産物が得られた 44 検体中クラスターⅡが 17 検体、クラスターⅢが 16 検体、クラスターⅣが 8 検体、未分類が 3 検体となった。	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	PRRSV 検出 RT-PCR により北米型が 48 検体検出され、PCR 産物が得られた 46 検体中クラスターⅠが 2 検体、クラスターⅡが 4 検体、クラスターⅢが 34 検体、クラスターⅣが 6 検体となった。	74				74
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	PRRSV 検出 RT-PCR により北米型が 41 検体検出され、PCR 産物が得られた 38 検体中クラスターⅡが 6 検体、クラスターⅢが 26 検体、クラスターⅣが 6 検体となった。	50				50
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	血清 16 検体中 15 検体について明瞭な増幅産物が得られ、クラスターⅡが 9 検体、クラスターⅣが 6 検体となった。	32				32
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	19 検体中 13 検体で明瞭な増幅産物が得られ、クラスターⅣに分類された。	19				19
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	全検体で増幅産物が得られ、クラスターⅣ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	核酸検体 36 検体中 13 検体において明瞭な PCR 産物が得られ、クラスターⅡに分類された。ウイルス分離に供した血清 13 検体中 1 検体で PRRSV の分離が確認された。	96				96
豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、Nested PCR	全検体において増幅が認められなかった。	2				2
豚インフルエンザ	シーケンス	全検体が H1N2 亜型と同定した。1980 年以降国内で循環している A/H1N1 古典的豚インフルエンザウイルスと A/H3N2 香港風邪ウイルスの遺伝子再集合ウイルスである H1N2 亜型豚インフルエンザウイルスと近縁であった。	4				4
豚インフルエンザ	シーケンス	全検体が H1N2 亜型と同定した。1980 年以降循環している A/H1N1 古典的豚インフルエンザウイルスと A/H3N2 香港風邪ウイルスの遺伝子再集合ウイルスである H1N2 亜型豚インフルエンザウイルスと近縁であった。	4				4
豚流行性下痢	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	同一農場（6 農場）由来検体の塩基配列は 100%一致した。R6 年発生 3 農場由来検体の塩基配列は 100%一致し、H31 年 2 月発生農場、H31 年 4 月発生農場、R3 年 3 月発生農場由来検体の塩基配列との類似性はそれぞれ 98.06%、97.69%、97.48%であり、分子系統解析の結果、H31 年 2 月発生農場由来検体と近縁であった。	24				24
日本脳炎	RT-PCR、シーケンス	得られた塩基配列はすべて同一の配列であり、2016 年に鹿児島で分離された JEV 血清型 1 と最も近縁であった。				8	8

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
アクチノバチルス感染症	PCR、スライド凝集試験、マルチプレックス PCR	すべて <i>A. pleuropneumoniae</i> と同定し、血清型別においては 13 検体中 6 検体が血清型 6、7 検体が血清型 2 であると考えられた。			13		13
アクチノバチルス感染症	PCR、スライド凝集試験	<i>A. pleuropneumoniae</i> に特異的な omlA の PCR 産物が増幅され、遺伝子型は omlA II であった。スライド凝集試験では血清型 2 の抗血清でのみ凝集した。			1		1
エンテロウイルス感染症	nested RT-PCR、シーケンス	EV-G において PCR 産物が確認され、近年の EV-G 国内株の塩基配列と 100% 一致した。PTV では PCR 産物は確認されなかった。	4				4
豚サーコウイルス感染症、豚繁殖・呼吸障害症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	PCV2：全検体から PCR 産物が得られ、PCV2d-2 に分類された。 PRRS：14 検体中 13 検体から明瞭な増幅産物が得られ、すべてクラスター III に分類された。	14				14
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	3 つのクラスターに区分され、PFGE I 型は SNP1 型、PFGE II 型は SNP3 型、PFGE V 型は SNP9 型で構成された。	7				7
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別、マロン酸利用能試験	血清型 4:i:-、Kedougou、Alachia の PFGE 像はそれぞれ一致した。4:i:- の全 5 株は SNP9 型に型別され、Alachia 全 5 株のマロン酸利用能は陰性であった。	12				12
スタフィロコッカス感染症	PFGE	すべて同一の PFGE 像を示した。	12				12
ストレプトコッカス感染症	凝集反応試験	4 株とも血清型 2 型と型別された。				4	4
大腸菌感染症	凝集反応試験	すべて O 群血清型 O86、O 群遺伝子型 Og86 であった。	10				10
大腸菌感染症	薬剤感受性試験	全株が ABPC、CEZ、CTX に耐性を示し、OFLX、CL、FOM は感受性であった。	3				3
豚赤痢	MLST、PFGE	鑑定材料は 5 種類の ST に型別されたが、すべて未登録の ST であった。そのうち 1 つの ST は 3 種類に型別され、他の ST ではそれぞれ同一の型であった。	17				17
日本脳炎	免疫組織化学的検査	全症例において脳に陽性反応が認められ、陽性コントロールでも神経細胞体に一致して陽性反応が認められた。	4				4
イノシシ							
豚熱（緊急病性鑑定）	シーケンス	豚熱と判定した。		3			3
豚熱（緊急病性鑑定）	RT-PCR、シーケンス	豚熱と判定した。		9			9
豚熱	RT-PCR、シーケンス	豚熱と判定した。		1			1
豚熱（疫学動向調査）	RT-PCR、シーケンス	1,849 検体中 168 検体を用いて全ゲノム解析を実施した。	1,849				1,849
馬							
馬							
グラム陽性細菌感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR	複数の異なる波形の重なりが多く認められ、16S rRNA 遺伝子塩基配列を確定することはできなかった。	1				1
ノカルジア感染症	16S rRNA 遺伝子解析	本分離株を <i>Nocardia africana</i> と同定した。	1				1
めん羊・山羊							
めん羊							
牛丘疹性口内炎、悪性カタル熱	ウイルス分離、PCR	ウイルス分離の結果、全検体明瞭な CPE は確認されなかった。PCR ではいずれも遺伝子増幅は確認されなかった。		1			1
クロストリジウム感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR、シーケンス、MLST	3 株とも <i>Paeniciastridium sordellii</i> と同定され、2 つの異なる系統に属していた。	3				3
クロストリジウム感染症	シーケンス、BLAST	送付された PCR 陽性産物のアミノ酸配列は、 <i>Paeniciastridium sordellii</i> の <i>sdl</i> 遺伝子と <i>tcsL</i> 遺伝子がコードするタンパク質のアミノ酸配列の一部と 100% 一致した。	10				10
マイコプラズマ感染症	PCR、シーケンス	<i>Mycoplasma ovis</i> str. Michigan の <i>rrl</i> と 99.9% 一致した。	1				1
銅中毒	原子吸光法	いずれも臓器中銅濃度は正常範囲内であった。	6				6
銅中毒	原子吸光法	概ね正常範囲と考えられた。	2				2
山羊							
山羊関節炎・脳炎	PCR、寒天ゲル内沈降反応	全検体で CAEV の遺伝子増幅は確認されず、沈降線も認められなかった。	18				18
山羊関節炎・脳炎	PCR、シーケンス、分子系統解析、ゲル内沈降反応	提出された鑑定材料のうち、核酸抽出物等について PCR を実施した結果、罹患山羊 6 頭中 4 頭で増幅産物が得られ、Cork 株などの genotype B1 に類似することが示された。他 6 頭はいずれも CAEV 抗原に対するゲル内沈降反応は認められず、CAEV の清浄化に成功したと考えられる。	26				26
ヨーネ病	SNP 遺伝子型別、培養検査	検体からヨーネ菌が分離されず、抽出 DNA は型別不能であった。	1				1
硝酸塩中毒	HPLC 法	死亡山羊 3 頭は硝酸態窒素を高濃度に含む飼料を摂取した可能性が高い。	3				3
繊維肉腫	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	骨肉腫が強く疑われた。	1				1
家きん・野鳥							
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ウイルスであると同定した。	371				371

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	H5N6 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。	14				14
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。	227				227
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	H5N6 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。	7				7
鶏アデノウイルス感染症	RT-PCR、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、これらの塩基配列は100%の一致を示し、血清型2の標準株 SR48 に近縁であった。	8				8
鶏脳脊髄炎	RT-PCR、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、これらの塩基配列は100%一致し、Group B に分類されるワクチン株の 0596 株と同一であった。	3				3
鶏脳脊髄炎、鶏伝染性気管炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	鶏脳脊髄炎ウイルスについては、Group A に分類され、ワクチン株と同一あるいは極めて近縁のものと推察された。鶏伝染性気管炎ウイルスについては、JP-Ⅲに分類され、過去病鑑検体のウイルスに近縁のものと推察された。	2				2
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、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、遺伝子型 JP-Ⅰに分類される極めて近縁なものと推察された。	3				3
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、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、これらの塩基配列は99.3～99.8%の一致を示し、遺伝子型 JP-Ⅲに分類された。	3				3
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	6 検体で明瞭な増幅産物が得られ、これらの塩基配列は99.6～100%の一致を示し、遺伝子型 JP-Ⅰに分類された。	12				12
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	83 検体中 34 検体で明瞭な増幅産物が得られ、うちシーケンスを行った 17 検体の塩基配列の類似性は62.3～100%の一致を示し、11 検体が JP-Ⅰ、2 検体が JP-Ⅱ、1 検体が JP-Ⅲ、1 検体が JP-Ⅳ、1 検体が 4/91、1 検体が Mass に分類された。	83				83
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、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、塩基配列の類似性は96.8%の一致を示し、遺伝子型 JP-Ⅲ内の独立したクラスターに分類された。	2				2
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	7 検体中 6 検体で明瞭な増幅産物が得られ、塩基配列の類似性は69.1～99.6%の一致を示した。うち4 検体は JP-Ⅰに、2 検体は遺伝子型 JP-Ⅲに分類された。	7				7
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	遺伝子型 JP-Ⅰに分類される JP_Ibaraki-1_2015 及びワクチン株の S95 にもっとも近縁であった。	1				1
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	S1 遺伝子では JP-Ⅰ遺伝子型、S2 遺伝子ではグループ 6 b 遺伝子型に分類された。S 95 ワクチン株との比較では、全株に共通して 123 番目のアミノ酸に違いが認められた。	16				16
鶏伝染性気管支炎、伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析、BLAST	IBV の 10 検体は JP-Ⅰ遺伝子型に分類されるワクチン株の S95 にもっとも近縁であった。IBDV5 検体中 4 検体は Genogroup 1 に分類されるワクチン株 vHVT013-69 と同一であった。残り 1 検体は一部の塩基配列で <i>Pseudomonas</i> 属菌等と高い類似性を示した。	15				15
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、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、Genogroup 1 に分類されるワクチン株の K 株に極めて近縁であると推察された。	6				6
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	10 検体中 6 検体で明瞭な増幅産物が得られ、うち3 検体は Genogroup 2、2 検体が Genogroup 1、1 検体は Genogroup 3 に分類されると推察された。	10				10
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	明瞭な増幅産物が得られ、Genogroup 1 に分類されるワクチン株の vHVT013-69 株と同一であった。	2				2
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	2 症例ともに明瞭な増幅産物が得られ、これらの塩基配列は99.6%の一致を示し、Genogroup 1 内の独立したクラスターに分類された。	4				4
伝染性ファブリキウス嚢病	RT-PCR、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、これらの塩基配列は57.8～100%の一致を示し、うち1 株は Genogroup 1 のウイルス株に近縁で、4 株は Genogroup 2 のクラスターに分類された。	5				5
アビバクテリウム感染症	16S rRNA 遺伝子解析	いずれも <i>Avibacterium endocaditidis</i> と判定した。	5				5
エンテロコッカス感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR	本検査株は <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。				2	2
エンテロコッカス感染症	PFGE	同一農場の病鶏から分離された株は固体や由来に関わらず、すべて同じ PFGE 像を示したが、両農場間で像は全く異なっていた。				35	35
エンテロコッカス感染症	PCR、PFGE	菌株3 検体はすべて <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。DNA 抽出物 7 検体中 4 検体は陰性、3 検体は判定不可であった。PFGE では同一農場から分離された株は類似した像が見られたが、別農場間では異なる像を示した。				10	10
エンテロコッカス感染症	PCR、PFGE	全株において EC_01424 以外の 5 遺伝子が陽性であった。11 株中 10 株は同一の PFGE 像を示し、残り 1 株についても他の 10 株と PFGE 像は非常に類似していた。				11	11
エンテロコッカス感染症	PFGE	18 株中 10 株が PFGE 型 a、5 株が PFGE 型 b、1 株が PFGE 型 c、1 株が PFGE 型 d、1 株が PFGE 型 e であった。				18	18

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
エンテロкокカス感染症	PCR、PFGE	全株において、EC_01424 以外の 5 遺伝子が陽性であった。PFGE の結果、全株同一の PFGE 像を示した。				16	16
エンテロкокカス感染症	PCR、PFGE	全株 <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。				10	10
エンテロкокカス感染症	PFGE	農場や病性鑑定の時期に関係なく、全株が同一 PFGE 像を示した。				8	8
エンテロкокカス感染症	PCR、PFGE	全株 <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。PFGE の結果、本検査株 3 株と前年度検査株 2 株は各事例で同一の PFGE 像を示した。				3	3
エンテロкокカス感染症	PFGE	11 株中同一農場由来の 9 株中 8 株は同一の PFGE 像を示し、他 1 株と別農場由来 2 株はそれぞれ異なる像を示した。				11	11
エンテロкокカス感染症	PCR、PFGE	<i>E. cecorum</i> 感染症事例 8 分離株 (No.1 ~ 8) のうち、No.1 と 3 は同じ遺伝子型、No.4 と 5 及び No.6 と 8 は類似した遺伝子型であった。No.2 及び 7 はこれまでに検査した国内分離株とは異なる遺伝子型であった。				8	8
エンテロкокカス感染症	PCR、PFGE	6 つの標的遺伝子のうち、16 株中 9 株では 5 遺伝子、6 株では 3 遺伝子、1 株では 1 遺伝子が陽性となった。同一農場由来株においては同一の PFGE 像を示し、2 農場以外は農場ごとに PFGE 像が異なっていた。				16	16
クロストリジウム感染症	MLST、PCR、シーケンス	遺伝子的に同一である可能性が高い株から代表株を 1 株選び、選定した 11 株中 5 株が ST21、1 株が ST32、1 株が ST200、1 株が ST465、3 株が新規 ST であった。	16				16
マイコプラズマ感染症	MLST	3 農場の各発生株内で同一の ST を示した (ST58、ST60、新規 ST)。	14				14
マイコプラズマ感染症	PFGE	それぞれが他県の国内野外 MG 株並びに一部のワクチン MG 株と同一あるいは類似の PFGE 像を示した。	4				4
真菌症	シーケンス、BLAST	6 検体中 2 検体が <i>Aspergillus fumigatus</i> 、2 検体が <i>A. terreus</i> 、2 検体が <i>A. flavus</i> と判断された。	6				6
マレック病、鶏伝染性気管支炎	免疫組織化学的検査	マレック病ウイルスのがんたんパク質の Meq 発現を認めたことから、3 羽はマレック病である可能性が極めて高いと考えられる。また、3 羽中 1 羽に多数の IBV 抗原を認めたことから、鶏伝染性気管支炎を併発していた可能性が高いと考えられる。	3				3
鶏伝染性気管支炎	免疫組織化学的検査	全羽の腎臓において散在的に IBV 抗原が検出された。	6				6
鶏伝染性気管支炎	免疫組織化学的検査	全羽でウイルス抗原は検出されなかった。	4				4
伝染性ファブリキウス嚢病	免疫組織化学的検査	全羽のファブリキウス嚢において軽度、散在的に IBDV 抗原が検出された。	3				3
伝染性ファブリキウス嚢病	免疫組織化学的検査	IBD ウイルスの VP3 抗原は認められなかった。	1				1
あいごも							
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	PFGE IV 型、SNP5 型と型別された。	1				1
きじ							
バクテリウム感染症	16S rRNA 遺伝子解析、PCR	15 株全て <i>Pasteurella multocida</i> と同定した。	15				15
その他							
ヒト							
豚丹毒	PCR、寒天ゲル内沈降反応、シーケンス	血清型 6 型。	1				1
ヤクシカ							
牛丘疹性口内炎、悪性カタル熱	ウイルス分離、PCR	ウイルス分離の結果、全検体で明瞭な CPE は確認されなかった。PCR においても遺伝子増幅は確認されなかった。		8			8
兎							
兎出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	全検体から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% 一致し、遺伝子型 GI.2/RHDV2/b に分類されるクラスター内の独立したサブクラスターに分類され、近縁な株は認められなかった。	3				3
バクテリウム感染症	PCR、ゲル内沈降反応	菌体抗原型 3 型であると結論した。	1				1
バクテリウム感染症	免疫組織化学的検査	本症例の肺胸膜炎には <i>Pasteurella multocida</i> の関与が示唆される。	1				1
ケープハイラックス							
アミロイドーシス	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肝臓、脾臓、腎臓、心臓において重度のアミロイド沈着がみられ、血清アミロイド A 陽性反応を示した。	1				1
カモ類 (野鳥)							
鳥バクテリウムウイルス感染症	発育鶏卵接種法、シーケンス、分子系統解析	検体に含まれるウイルスは、class II の genotype I に属する APMV-1 及び APMV-2 と同定された。	1				1
鳥バクテリウムウイルス感染症	次世代シーケンス、分子系統解析	53 検体中 52 検体から 32 株の APMV-1 及び 21 株の APMV-2 が検出された。APMV-1 では 19 株が Class I、13 株が Class II genotype I と同じクラスターで、APMV-2 では 13 株が genotype I b、8 株が genotype II と同じクラスターを形成した。	53				53
ネズミ							
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	PFGE VI 型、SNP7 型と型別された。	1				1
アライグマ							
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	PFGE III 型、SNP9 型と型別された。	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
ハエ							
高病原性鳥インフルエンザ	発育鶏卵接種法によるウイルス分離、HA,NA 亜型の同定、HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	当該検体に含まれるウイルスは 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。	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	それぞれ遺伝子型Ⅰと遺伝子型Ⅱ由来の塩基配列と 100%一致した。一方、ASFV は分離されなかった。		2			2
アフリカ豚熱	PCR、シーケンス、分子系統解析、ウイルス分離	当該検体は遺伝子型Ⅱ由来の塩基配列と 100%一致した。一方、ASFV の存在を示唆する所見は認められなかった。		3			3
飼料等							
銅中毒	原子吸光法	給与飼料 3 検体のうち 1 検体の銅濃度はやや高めであったが、本事例の発生要因であったか判断できない。	3				3
銅中毒	原子吸光法	飼料中の微量金属濃度は概ね正常範囲内にあった。	2				2
硝酸塩中毒	HPLC 法	飼料の硝酸態窒素濃度は 2 検体とも高値を示した。	2				2
環境材料							
サルモネラ感染症	スライド凝集法、試験管凝集法	2 株とも血清型 Panama と同定した。	2				2
サルモネラ感染症	スライド凝集法、試験管凝集法、生化学性状試験、PCR、PFGE	12 株中 10 株は血清型 Braenderup と型別され、PFGE 像は全株で一致した。残り 2 株中 1 株は血清型 Agona と型別され、1 株は <i>Salmonella</i> 属菌ではないと判断した。	12				12
ヨーネ病	リアルタイム PCR	陰性牛飼養牛房並びに堆肥舎を含む計 8 か所からヨーネ菌遺伝子が検出された。	40				40
ヨーネ病	リアルタイム PCR	成牛のエリアを中心に計 14 か所からヨーネ菌遺伝子が検出された。	20				20
ヨーネ病	リアルタイム PCR	スクリーニング遺伝子検査では 20 検体中 2 検体で陽性となったが、定量リアルタイム PCR ではすべて陰性であった。	20				20
ヨーネ病	リアルタイム PCR、培養検査	遺伝子検査の結果は 7 検体が陽性となったが、培養検査ではヨーネ菌は分離されなかった。	21				21
ヨーネ病	リアルタイム PCR	成牛のエリアを中心に計 8 か所からヨーネ菌遺伝子が検出された。	20				20
ヨーネ病	リアルタイム PCR	30 検体中 24 検体からヨーネ菌遺伝子が検出された。	30				30
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	319				319
TSE(伝達性海綿状脳症)	ウエスタンブロット法	陽性	2				2
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
山羊							
TSE(伝達性海綿状脳症)	ウエスタンブロット法	陰性	417				417
鹿							
CWD(慢性消耗病)	ウエスタンブロット法	陰性	12				12
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、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。	37				37
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	H5N5 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。	14				14
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	H5N6 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。	1				1
鳥インフルエンザ	発育鶏卵接種法によるウイルス分離、HA、NA 亜型の同定	7 検体中 5 検体が H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザ、2 検体は H5N5 亜型高病原性鳥インフルエンザであると同定した。	7				7
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	8 検体中 6 検体は H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザ、2 検体は H5N5 亜型高病原性鳥インフルエンザであると同定した。	8				8
鳥インフルエンザ	HA 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	H7 亜型低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
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	8 検体中 4 検体は H5N1 亜型高病原性鳥インフルエンザウイルスと同定し、4 検体は陰性であった。	8				8
鳥インフルエンザ	発育鶏卵接種法によるウイルス分離、HA、NA 亜型の同定	7 検体中 5 検体は 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、2 検体は陰性であった。	7				7
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	5 検体中 3 検体は H5N5 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、2 検体は陰性であった。	5				5
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	陰性	4				4

Hot Topics

令和7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。

松山 亮太

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

動物衛生研究部門の研究者として家畜疾病の疫学研究に従事する機会を頂き、誠に光栄に存じます。現場感をもって、社会に貢献する研究をおこなうよう尽力する所存です。ご指導ご鞭撻のほど、何卒宜しくお願い申し上げます。

島袋 梢

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

これまでの経験を活かし、畜産振興と感染症制御に貢献したく入構を希望しました。このたび採用いただき、大変光栄に存じます。昆虫媒介感染症の研究に貢献できるよう全力で取り組み、畜産業のさらなる発展に寄与する研究成果を目指して精進してまいります。

古川 瑛理

衛生管理研究領域衛生管理グループ

2025年4月より任期付研究員として着任いたしました。現在のプロジェクトでは、生体センシング技術の開発に取り組んでおり、この技術を活用した家畜の健康管理手法の精度向上に貢献できるよう頑張りたいと思います。どうぞよろしくお願いします。

長期講習生受け入れ

2025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31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28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2025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8名（アルゼンチン、コロンビア、エチオピア、モンゴル、フィリピン、スリランカ）を2025年6月24日から10月22日まで受け入れています。



プレスリリース：2024年シーズン初期に家きんで検出された高病原性鳥インフルエンザウイルスの特徴ー6週間で4種類の遺伝子型のウイルスが侵入ー

2024年シーズン発生初期の6週間のウイルスゲノムを解析して遺伝子型を決定したところ、4種類の遺伝子型のウイルスが家きんに侵入していることを明らかにしました。

それらの遺伝子型は、4シーズン連続して検出されている1種類の遺伝子型に加え、新たに3種類の遺伝子型が含まれました。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/167585.html

【編集後記】7月初めのこの時期、動物衛生研究部門では家畜衛生講習会やJICA技術研修が始まり、例年通り活気に満ちているものの、今年は厳しい暑さの中での研修になっています。さて、今回のテーマである豚熱の対策と清浄化は喫緊の重要課題ですが、近年では温暖化の進行に伴う家畜疾病への影響や新たな疾病の発生といったテーマも、ますます、クローズアップされてきました。今後も、こうした動向に的確に対応できる情報発信を、この誌面を通じて提供していければと考えています。