

内 容

- ・動物衛生研究部門所長就任挨拶
- ・特集：第6期における動物衛生研究部門の組織体制
- ・報告：第2回「動物研オープンデイ」を開催しました
- ・研究：研究者の素顔
- ・報告：令和7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 **川 寫 健 司**

KAWASHIMA Kenji



この度、勝田賢所長の後を受け、4月1日付で農研機構動物衛生研究部門所長を拝命いたしました。越境性家畜感染症の侵入・流行が常態化するなど情勢が一段と厳しさを増す中、1921年に農商務省獣疫調査所として独立以来、105年にわたり築かれてきた歴史と伝統を受け継ぐ責任の重さに、身の引き締まる思いです。当部門は、1979年の筑波研究学園都市への移転などを経ながら、国内唯一の家畜衛生研究機関として、我が国の家畜衛生を技術面から支えてまいりました。畜産の持続的発展に向け、診断・防除の基礎から応用、社会実装に至るまで幅広い研究開発を進めるとともに、ナショナルリファレンスラボラトリーとして、確定検査、病性鑑定、動物用生物学的製剤の製造配布、各都道府県や動物検疫所を対象とした講習会・研修会の開催にも努めております。さらに、動物医薬品検査所と連携した WOA H コラボレーティングセンターとしての活動に加え、牛疫、BSE、豚インフルエンザ、豚熱、アフリカ豚熱のリファレンスラボラトリーとしての役割、海外研究機関との共同研究、JICA 技術研修など、国際連携の一層の推進にも取り組んでまいります。

農研機構では、本年度から7年間にわたる第6期中長期計画期間が始まり、「食料安全保障と食料自給力の向上」、「農産物・食品・開発技術の輸出拡大と新産業の創出」、「事業性確保と環境保全の両立」を目標に掲げ、取り組みを進めております。私ども動物衛生研究部門におきましても、「越境性家畜感染症」、「ウイルス感染症」、「細菌感染症」、「疫学・病態」の四つの専門研究領域の下、疾病対応、研究資源の管理・継承、人材育成をより効果的に推進できる体制を整えております。また、「診断及び防除技術の開発・実用化による家畜疾病の監視強化と被害低減」を大課題に据え、各領域において、「越境性家畜感染症制御の実用

化による農場被害と輸出リスクの最小化」、「ウイルス感染症の監視体制強化と診断・制御技術開発による被害低減」、「細菌感染症の監視・診断・制御技術の開発・実用化による被害低減と家畜衛生・公衆衛生の向上」、「データサイエンスを活用した家畜疾病の監視強化と早期検知技術の開発による生産性の向上」を中課題として設定しております。第5期において進めてきた診断・予防技術の開発を基盤に、今後は、家畜衛生技術開発における我が国のハブとしての一層の機能強化と、研究開発成果の実用化の推進に努めてまいります。

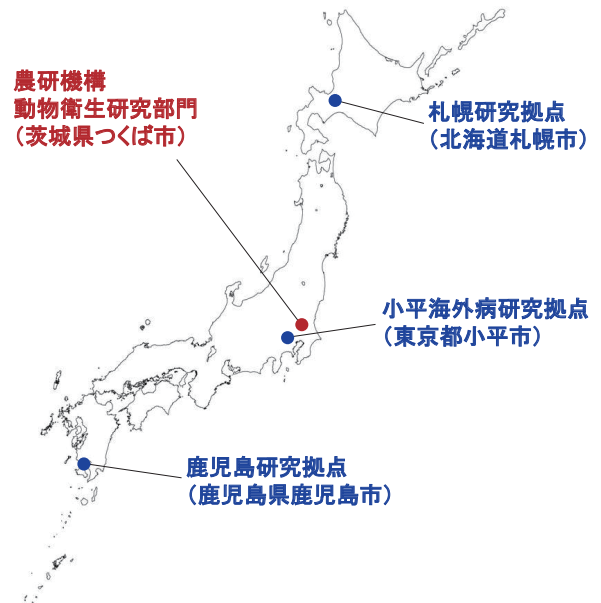
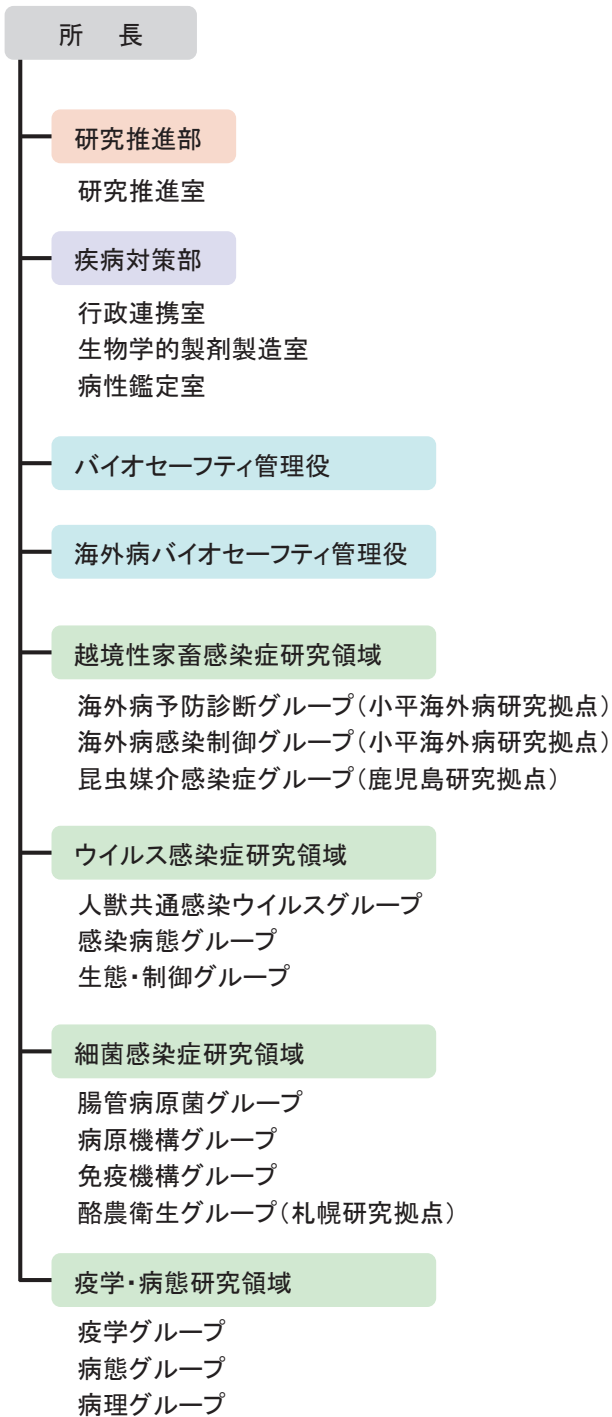
国内外の動物衛生をめぐる情勢は大きく変化しており、高病原性鳥インフルエンザや豚熱の継続的な発生に加え、欧州やアジアではアフリカ豚熱の発生拡大が続くなど、重要家畜疾病は依然として深刻な脅威となっております。また、豚熱における選択的殺処分や鳥インフルエンザに対するワクチン使用の検討が始まるなど、政策面においても大きな転換期を迎えております。加えて、畜産経営に深刻な影響を及ぼすヨーネ病などの慢性疾病や生産病への対応も重要な課題です。さらに、動物由来感染症、食中毒菌、薬剤耐性菌など、動物が保有する病原体や微生物が人へのリスクとして顕在化しており、ワンヘルスの理念に基づく動物側からのアプローチが、これまで以上に強く求められております。

動物衛生研究部門は、長年にわたり培われてきた歴史と伝統を大切に受け継ぎつつ、全国の動物衛生関係者ならびに諸先輩の皆様のご支援とご協力を賜りながら、いかなる状況にも的確に対応し得る活力ある組織を目指してまいります。今後ともご指導、ご鞭撻を賜りますよう、よろしくお願い申し上げます。

特集 第6期における動物衛生研究部門の組織体制

農研機構第6期中長期計画期間のスタートにあたり、動物衛生研究部門の組織体制が変わりました。本特集では、その組織体制と各研究領域の概要をご紹介します。

1. 動物衛生研究部門の組織体制



2. 各研究領域の紹介

疾病対策部

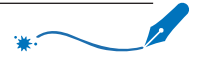
行政連携室では、農研機構外部からの分析・鑑定依頼の連絡調整、生物学的製剤の配布、動物衛生に関する研修会・講習会の開催等に関する業務を行っています。

生物学的製剤製造室では、現在9種類の家畜・家さんに関する生物学的製剤(ワクチン、診断薬)の製造を行っています。特に、「牛疫組織培養予防液(牛疫生ワクチン(シード))」は、牛疫の万一の再発に備えたワクチンとしてFAO(国連食糧農業機関)とWOAH(国際獣疫事務局)から承認され備蓄されています。

病性鑑定室では、各研究領域における家畜疾病研究を技術的側面から支援するため、病理組織標本の作成・解析、生体材料の成分の分析、微生物の分離・培養・遺伝子検査、データベース作成等を実施するとともに、病原体、細胞、血清等の収集や管理を行っています。また、病性鑑定の信頼性を確保するため、国際規格ISO17025の認定・維持に取り組んでいます。



牛疫生ワクチン(製品)



越境性家畜感染症研究領域

国境を越えて広く伝播する家畜感染症に対応するための研究に取り組んでいます。

小平海外病研究拠点では、海外の試験研究機関との連携のもと、病原体高度封じ込め施設（BSL3e）である海外病特殊実験棟を活用し、口蹄疫やアフリカ豚熱などの国際重要伝染病の病原体の性状解析に基づいた新規診断法および防除技術の開発を推進しています。

鹿児島研究拠点では、ヌカカなどの吸血性節足動物により媒介されるアルボウイルス感染症を対象に、診断および予防技術の高度化や発病機序の解明に取り組むとともに、媒介昆虫の生態や分布、ウイルス媒介能の解明を通じて流行動態の把握を進めています。



海外病特殊実験棟（小平）

ウイルス感染症研究領域

家畜衛生および公衆衛生上重要な人獣共通感染症である鳥インフルエンザや豚インフルエンザをはじめ、国内で発生する家畜・家きんのウイルス感染症を対象とした研究に取り組んでいます。

これらのウイルス疾病について、感染病態や発病機構の解明を行うとともに、防除対策に必要な検査法やワクチンなどの効果的な予防技術の開発に取り組んでいます。さらに、家畜保健衛生所や生産農場との連携により発生事例の調査を実施し、研究成果の現場への応用を進めています。また、国内外の環境・公衆衛生分野の研究機関や行政機関と連携し、ワンヘルスの視点に基づく研究活動も展開しています。

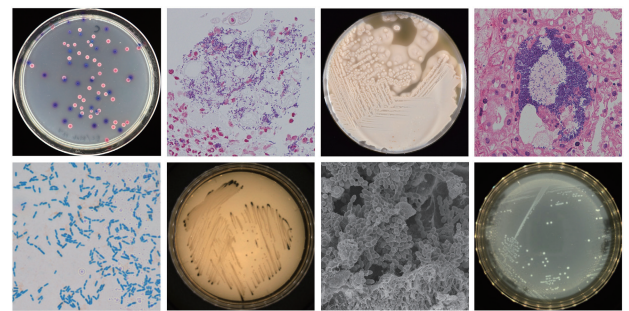


鳥インフルエンザ遺伝子診断キット

細菌感染症研究領域

家畜に疾病を引き起こす細菌感染症および畜産物を介して人に感染する病原細菌を主な対象として研究に取り組んでいます。

病性鑑定等を通じて家畜保健衛生所等から収集した流行菌株について、遺伝学的特性、抗菌薬感受性、抗原性などの解析を行い、基礎知見の蓄積を進めています。これらの研究成果を基盤として、迅速かつ高精度な診断法、疾病リスクの高い菌株に対する監視技術、およびワクチン等による効果的な予防法の開発と実用化を推進しています。

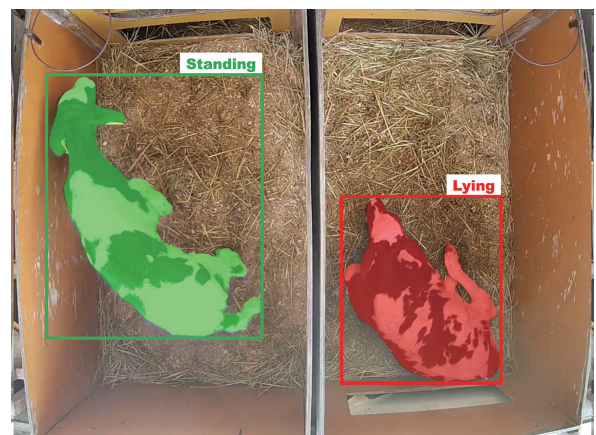


細菌感染症研究領域で扱う様々な菌

疫学・病態研究領域

データサイエンスを活用した家畜疾病の監視体制の強化と早期検知技術の開発を通じて、畜産業の生産性向上に資する研究に取り組んでいます。

高病原性鳥インフルエンザなどの重要家畜感染症について、流行動態解析に基づく発生リスク評価や伝播シミュレーションを行い、科学的根拠に基づいた防疫対策を提案しています。また、AI画像解析を用いた早期疾病検知・診断支援システムの開発を進めるとともに、公設試験研究機関や農場への実装・評価を行っています。さらに、家畜保健衛生所や動物検疫所と連携したデジタルパソロジーネットワークを構築し、病理診断の効率化と精度向上を推進しています。



コンピュータビジョンによる子牛の行動モニタリング

報告

第2回「動衛研オープンデイ」を開催しました

疫学・病態研究領域病態グループ 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

2026年3月10日(火)、学生を対象とした「動衛研オープンデイ」を開催しました。本イベントは昨年度に続く2回目の開催で、全国10大学から31名の学生が参加しました。当日は、動衛研の業務説明、若手職員との交流座談会（一部オンライン）、施設見学を実施しました。

参加者は獣医学科4、5年生が中心でしたが、2年生から大学院生までを含み、所属研究室も多様で、就職先を具体的に検討する段階にあるか否かに関わらず、動衛研の研究活動に関心を持つ学生が一定数いることがわかりました。昨年度よりも募集人数を大幅に増やしての開催でしたが、募集開始後早い段階で予定人数に達し、本イベントが動衛研の社会的役割や魅力を伝える場として定着しつつあることを実感しました。

今年度は、昨年度のアンケート結果を踏まえ、対応職員を増員するとともに交流時間も長めに確保し、さらに鹿児島研究拠点とのオンライン交流も実施しました。また、宿泊施設の斡旋に加え、動物医薬品検査所の業務説明会（ヤッケン見学デー）と同日開催とすることで、参加学生の利便性向上も図りました。実際に両イベントへ参加した学生も見られ、両機関の機能や取り組みの違いについての理解を深める機会となりました。

交流座談会では、9名の若手職員がそれぞれの研究内容や仕事のやりがいを紹介しました。その後、学生からの質問に答える形で交流が進み、動衛研を志望した理由や学位取得、キャリア形成などについても率直な話が交わされました。このように、現地で、原則対面だからこそ伝えられる研究所の魅力や雰囲気や学生

に感じてもらえたのではないのでしょうか？

終了後のアンケートでは、全員が本イベントを「有意義だった」と回答し、そのうち90%が「非常に有意義だった」と回答しました。また、交流座談会についても全員が「役立った」と回答し、そのうち90%が「とても役立った」と回答しました。さらに、動衛研への関心については全員が「高まった」と回答し、そのうち65%が「大きく高まった」と回答しました。加えて、42%の学生が「今回の参加をきっかけに、動衛研を将来の就職先の選択肢の一つとして考えるようになった」と回答しており、本イベントが学生の進路選択や研究機関への理解促進に寄与したことが示されました。

その他、「レギュラトリーサイエンスや動衛研が担う役割について理解を深めることができた」「働きながらの学位取得やキャリア形成について知ることができた」「職員が動衛研を志望した理由を聞くことができた」「研究内容だけでなく職場の雰囲気も理解できた」といった感想も寄せられました。一方、対応した職員も、その多くが交流座談会を「充実した時間だった」と回答しました。学生の意欲の高さが印象に残ったとの感想も寄せられ、職員にとっても有意義な交流の機会となりました。

動衛研では、今後もオープンデイを通じて研究機関の役割や魅力を発信し、将来の進路を考える学生との交流を深めていきます。本イベントが動衛研の研究活動や業務への理解を深めるとともに、ひいては我が国の家畜衛生を支える人材の確保・育成につながることを期待しています。



オープンデイに参加した学生と対応職員

研究者の素顔

勝てずとも負けない、ということ

OSAKI Makoto
研究推進部長 大崎 慎人

研究推進部長として、本年4月1日より着任しました。この数年は研究領域長として、研究現場に近いところで仕事をしてきましたが、今回の異動により、研究を支える側から全体を俯瞰する立場へと役割が変わりました。研究から少し離れた場所に来たような感覚もありますが、むしろこれまで以上に研究全体を見渡す機会をいただいたのだと前向きに捉えています。

振り返ってみると、私のこれまでの経歴は決して一直線ではありません。若い頃は細菌の研究室で、朝から寒天培地と向き合う日々を送っていました。その後、研究室業務に加え、農林水産省でのプロジェクト立案や、本部での法人経営業務にも携わってきました。研究と経営、両方を見る機会を得たわけですが、どちらが大変かと聞かれると……どちらもそれぞれ違った意味で大変、というのが正直なところです。

仕事がいろいろであるのと同様に、趣味もまた遍歴をたどっています。ただし、いわゆる多趣味ではなく、「一度はまるとしばらく抜け出せない」というタイプで、だいたい10年単位でテーマが変わってきました。

30代半ばまでは、カヤックやラフティングといった川遊びに一生懸命でした。川の流れに翻弄されながら瀬の中でフネを必死にコントロールするヒリヒリした感覚は、今思えば仕事とはまた違う意味での“実験”だったのかもしれません（ただし再現性は低めです）。

その後、40代半ば頃までは釣りをしていました。主に川や沼での小物釣りですが、「今日は釣れるのか釣れないのか」という不確実性と仕掛けや餌の工夫は、どこか研究に通じるものがあります。そして、結局、釣れない日の方が多いあたりも、妙にリアルではあります。

そして現在、ここ8年ほど続いているのがブラジリアン柔術です。寝技を中心とした格闘技で、「経験年数＝実力」と言われる世界です。努力ももちろん大事ですが、それ以上に「先に始めて続けてきた人が強い」という、ある意味とてもシンプルで厳しい現実があります。

そのため、私より3年早く始めた息子には、理屈の上でも実践の上でもまず勝てません。親としての威厳がどうこうという話ではなく、純粹に勝てないのです。これはなかなかの屈辱ですが、柔術の理合いを理解すればするほど、「まあそういうものだよな」と妙に納得してし

まう自分もいます。

柔術の面白さは、頭と身体を同時に使うところにあります。相手の動きを読みながら次の手を考え、流れの中で身体で表現する。考えすぎると動けず、動くだけでは簡単にひっくり返されて極められてしまいます。その絶妙なバランスの中で大量の汗をかくと、昼間のストレスもまとめて流れていく感覚があります。ある意味、最も効率の良い“ストレス発散装置”かもしれません。

そんな中で、自分なりにじっくり考える方ができてきました。それが「勝てずとも負けない」というスタンスです。若い頃のように圧倒することを目指すのではなく、致命的なミスをせず、粘り強く持ちこたえる。派手さはありませんが、結果として長く続けることにつながります。いわば“サバイブ”目的のオジサン柔術です。

最近、この考え方は我々の仕事にも通じるのではないかなと思うようになりました。動物の感染症という目には見えない相手を扱う分野では、一度の成功で終わることはありません。むしろ、いかに被害を抑えながら、長期にわたって対応し続けるかが重要です。完全に「勝つ」ことよりも、「負けない状態」を維持することのほうが現実的であり、また重要なのではないのでしょうか。

研究も仕事も、そして日々の取り組みも、すぐに結果が出るとは限りません。むしろ、少しずつ積み重ねていく中で形になっていくことが多いように思います。研究所のそうした積み重ねが途切れることなく続いていくよう、微力ながら支えていきたいと考えています。



2024年に（やっと）息子と同じ色の帯になりました

報告

令和 7 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 7 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 7 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 7 年 1 月 1 日～12 月 31 日	90 (44)	852 (479)	90 (44)	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 7 年 10 月 1 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 7 年 1 月 1 日～12 月 31 日	豚	7 (6)	342 (332)	7 (6)	0
	イノシシ	4 (0)	15 (15)	4 (0)	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 7 年 1 月 1 日～12 月 31 日	1	13	0	13

「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 7 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 5 年 3 月 31 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 7 年 1 月 1 日～12 月 31 日	36	1,081

(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 7 年 1 月 1 日～12 月 31 日	358	659	1	658

「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 7 年 1 月 1 日～12 月 31 日	14	76	65*	11

* 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 7 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	1,101 (75)	24 (3)	26 (1)	162 (19)	1,313 (98)
豚・イノシシ	740 (29)	0 (0)	37 (2)	13 (4)	790 (35)
馬	28 (5)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	28 (5)
めん羊・山羊	16 (2)	0 (0)	0 (0)	22 (1)	38 (3)
鹿	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
家さん・野鳥	316 (27)	0 (0)	0 (0)	75 (9)	391 (36)
その他	148 (11)	14 (2)	8 (1)	8 (3)	178 (17)
計	2,349 (149)	38 (5)	71 (4)	280 (36)	2,738 (194)

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 3 年	令和 4 年	令和 5 年	令和 6 年	令和 7 年
牛	833 (82)	942 (68)	651 (95)	1,211 (107)	1,313 (98)
豚・イノシシ	938 (35)	416 (22)	187 (23)	525 (24)	790 (35)
馬	12 (2)	0 (0)	11 (5)	2 (2)	28 (5)
めん羊・山羊	31 (9)	46 (8)	36 (5)	72 (11)	38 (3)
鹿	39 (2)	0 (0)	12 (1)	0 (0)	0 (0)
家さん・野鳥	104 (12)	119 (22)	59 (22)	462 (43)	391 (36)
その他	45 (10)	18 (5)	96 (11)	190 (19)	178 (17)
計	2,002 (152)	1,541 (125)	1,052 (162)	2,462 (206)	2,738 (194)

令和7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							
アデノウイルス感染症	次世代シーケンス、全ゲノム解析、分子系統解析	病鑑株のウイルスゲノム全長配列はデータベース上のWBR-1株や国内株のR4-1株、R5-6株と99%以上の類似性を示した。	1				1
アルボウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	増幅産物が得られた5検体すべてで塩基配列が100%一致しており、EHDV-6の国内分離株と同じクレードに位置していることがわかった。				10	10
牛RSウイルス感染症	RT-nested PCR、シーケンス、分子系統解析	シーケンスにより得られた塩基配列の検体間での類似性は、G遺伝子で94.10～100%、F遺伝子で98.27～100%であった。これまで日本国内で検出された株によって形成されるsubgenotype Xに属しており、特に2017年以降に国内で流行しているLineage Bの株と近縁であった。	24				24
牛RSウイルス感染症	RNA-seq、全ゲノム解析、BLAST解析、分子系統解析	これまで日本国内で検出された株によって形成されるsubgenotype Xに属しており、特に2017年以降に国内で流行しているLineage Bの株と近縁であった。	2				2
牛RSウイルス感染症	RT-nested PCR、シーケンス、分子系統解析	検体はsubgenotype Xに属しており、2017年以降に国内で流行しているLineage B株と近縁であった。	1				1
牛RSウイルス感染症	RT-nested PCR、シーケンス、分子系統解析	両株ともsubgenotype Xに属しており、2017年以降に国内で流行しているLineage B株と近縁であった。	2				2
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	5'UTR領域の解析の結果BVDV2の2a亜型と近縁で、E2領域の解析の結果BVDV2の2a亜型に分類され、クラスターIに属することがわかった。	4				4
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	5'UTR領域の解析の結果BVDV2の2a亜型と近縁であった。E2領域の解析の結果BVDV2の2a亜型に分類され、クラスターI及びIIのいずれにも属さないことがわかった。	2				2
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	5頭中2頭の検体はBVDV1の1b亜型に分類され、クラスターIに属していた。他3頭の検体はBVDV2の2a亜型に分類され、国内分離株の主要クラスターに属さない株であった。	9				9
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	3頭中2頭の検体はBVDV1の1b亜型に分類され、クラスターIに属していた。他1頭の検体はBVDV2の2a亜型に分類され、国内分離株の主要クラスターに属さない株であった。	6				6
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	2頭中1頭の検体から増幅産物が認められ、BVDV1国内株の配列と100%一致し、BVDV1の遺伝子型bクラスターIに分類された。	3				3
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	8株中3株がBVDV1の1a亜型、4株がBVDV1の1b亜型、1株がBVDV2の2a亜型に分類された。	8				8
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析、分子系統解析	4検体中3検体がBVDV1の1b亜型に分類され、クラスターIに属することがわかった。1検体は塩基配列を取得できなかった。	4				4
牛ウイルス性下痢症	RT-PCR、シーケンス、BLAST解析	近年国内で流行しているBVDV1cと近縁であった。	1				1
牛コロナウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	26検体中13検体がⅢ型、13検体がⅣ型に型別され、それぞれ2種類、3種類の計5種類のウイルスに分類された。			26		26
牛伝染性鼻気管炎	PCR	全ての検体においてPCR産物が得られなかった。	10				10
牛伝染性リンパ腫	シンシチウム形成阻害試験、ELISA	乳清検体ではシンシチウム形成阻害がみられなかった。初乳製剤給与子牛の血清検体においては、出生直後が最も抗BLV抗体価が高く（2～16倍）、生後2か月齢までに抗体価2倍以下に低下する傾向がみられた。	34				34
牛伝染性リンパ腫	伝播リスク評価、リアルタイムPCR	5農場中3農場に伝播高リスクに分類される個体が存在した。特に1農場で伝播高②リスクに分類され、当該個体は簡便法でも摘発可能であった。	304				304
牛伝染性リンパ腫	シンシチウム形成阻害試験、ウエスタンブロット	シンシチウム形成阻害試験、ウエスタンブロット解析ともに抗BLV抗体陽性と判定された。	1				1
牛伝染性リンパ腫	ウエスタンブロット、シンシチウム形成阻害試験	抗BLV抗体陰性と判定された。	1				1
牛伝染性リンパ腫	リアルタイムPCR	BLV伝播リスク分類の結果、高リスク牛が24頭、中リスク牛が13頭、低リスク牛が6頭、超低リスク牛が6頭認められ、1頭からはBLVプロウイルスが検出できなかった。	50				50
牛伝染性リンパ腫	リアルタイムPCR	リアルタイムPCR法では13頭が伝播高リスクに分類され、うち5頭が伝播高②リスクに分類された。簡便リアルタイムPCR法では伝播高リスクに分類された13頭中12頭が摘発された。	158				158
牛伝染性リンパ腫	リアルタイムPCR	リアルタイムPCR法では7頭が伝播高リスクに分類され、簡便リアルタイムPCR法でも伝播高リスクに分類された7頭を同様に摘発できた。	88				88

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
牛流行熱	接種試験、RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	培養上清を摂取した HmLu-1 細胞においては CPE は観察されなかった。増幅産物が得られた 4 検体の塩基配列は 100%一致し、2017 ～ 2022 年にかけてタイ及び中国本土で分離された株と近似していた。				7	7
牛流行熱	接種試験、RT-PCR、シーケンス	C6/36細胞への接種では継代2代目からCPEが認められ、3代目ではそれらのCPEが明瞭になった。初代から3代目までのいずれの培養上清でもRT-PCRは陽性であり、前回の病性鑑定で決定した配列と100%一致していた。				5	5
シャモダンウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	2024年に鹿児島研究拠点で分離されたSHAVと100%一致しており、国内分離株と同じクレードに位置することがわかった。				2	2
ブルータンゴ	次世代シーケンス、RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	次世代シーケンスによる全ゲノム解析では2024年に熊本で分離されたBTV血清型17と配列が一致していた。3検体から増幅したゲノム分節2の部分塩基配列は2024年の熊本株と完全に一致しており、2014年の南アフリカ分離株と同じクレードに位置していた。				9	9
ランブースキン病	コンベンショナル PCR	陰性。		24			24
流行性出血病	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	3 検体の増幅産物の塩基配列は一致しており、国内分離株と同じクレードに位置していることがわかった。				3	3
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年の沖縄分離株と一致しており、2024年鹿児島研究拠点のEHDV-6分離株と1塩基異なっていた。ゲノム分節2においても2024年の沖縄分離株と一致しており、2024年鹿児島研究拠点分離株とは2塩基異なっていた。				2	2
流行性出血病	接種試験、RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	洗浄血球を摂取した C6/36 細胞では CPE が観察されなかった。抽出核酸 10 検体中 6 検体の増幅産物は 2024 年に鹿児島拠点で分離された EHDV-6 と同一の塩基配列で、残り 4 検体は同一の配列を持ち、2024 年の沖縄株と一致していた。				20	20
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EHDV-6沖縄分離株と完全に一致していた。ゲノム分節2においても2024年の沖縄分離株と一致しており、2024年鹿児島分離株とは2塩基異なっていた。				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では分離ウイルス6検体中4検体は2023年のEHDV-6熊本分離株と100%一致しており、他2検体とは1塩基異なっていた。ゲノム分節2においては5検体が2023年の九州分離株と100%一致しており、残り1検体とは2塩基異なっていた。				12	12
流行性出血病、チュウザン病、ブニツクリークウイルス感染症	接種試験、RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	C6/36細胞への血球・血漿の接種ではCPEは見られなかった。EDTA血遺伝子抽出物5株中4株はEHDV-6の国内分離株と同じクレードに位置し、1株はEHDV-7の国内分離株と同じクレードに位置していることがわかった。CHUVは近年の沖縄分離株と同じクレードに位置し、BCVは国内分離株のグループに位置することがわかった。				9	9
流行性出血病	次世代シーケンス、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において15検体で増幅産物が得られ、うち12検体は2024年に鹿児島研究拠点で分離されたEHDV-6と100%一致しており、他3検体は1塩基置換が認められた。				32	32
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を標的とした塩基配列は2024年に鹿児島研究拠点で分離されたEHDV-6と100%一致しており、2023～2024年の国内分離株と同一のクレードに含まれていた。ゲノム分節2を標的とした塩基配列はType Bのクレードに位置することがわかった。				3	3
流行性出血病	培養試験、RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	得られた増幅産物の塩基配列は2024年の沖縄で分離されたEHDV-6と100%一致しており、2023～2024年の国内分離株と同一のクレードに位置することがわかった。				18	18
エンテロコッカス感染症	16S rDNA 解析、sodA 解析、PFGE	すべて <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。PFGE では全株それぞれ異なるパターンを示し、これまでの国内病鶏由来株のパターンとも異なっていた。				6	6
気腫疽	ANI 解析、分子系統解析	ANI 値が 99% 以上の一致を示し、単一菌種内の解析であることが示された。BAPS 法による集団推定では 4 農場中 3 農場の由来株が BAPS5 に、1 農場の由来株が BAPS7 に分類された。	18				18
グラム陽性菌感染症	16S rRNA 解析、PCR	3 株中 2 株はそれぞれ <i>Aerococcus urinaeequi</i> 、 <i>Enterococcus avium</i> と同定し、1 株は <i>Streptococcus dysgalactiae</i> subsp. <i>dysgalactiae</i> である可能性が高いと考えられた。	3				3
サルモネラ感染症	PFGE	<i>Salmonella</i> Saintpaul8 検体において 4 種類の PFGE 像が得られ、2 農場間のバンドの相違は 2 ～ 4 本であった。S. Dublin4 検体においては 4 種類の PFGE 像が得られ、2017 年分離株は 2018 ～ 2023 年分離株 3 株と 7 本以上のバンドの相違が認められた。	12				12
サルモネラ感染症	スライド凝集反応、試験管凝集反応	<i>Salmonella</i> . Weltevreden と同定された。	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
サルモネラ感染症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、生化学性状試験、MLST	ST1121 の亜種 <i>salamae</i> と判断した。	1				1
サルモネラ感染症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、MLST	3 株とも該当する血清型は無かった。	3				3
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別、MLST、シーケンス、PCR	3 株全て SNP9 型に型別され、うち 1 株は ST34、2 株は ST19 に型別された。3 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ったが、2 株において <i>qnrB</i> 遺伝子が検出された。PFGE では 2 株が PFGE I b 型、1 株が PFGE III 型であった。	3				3
サルモネラ感染症	PFGE	5 株中 PFGE 型 I 型が 1 株、II a 型が 1 株、II b 型が 1 株、III 型が 2 株と型別された。	5				5
サルモネラ感染症	PFGE、SNP 遺伝子型別	6 株の PFGE 像は全て同一で、SNP9 型と判定された。	6				6
サルモネラ感染症	SNP 解析、MLST、ディスク拡散法	170 株中 153 株が SNP9 型、5 株が SNP8 型、3 株が SNP6 型、2 株が SNP1 型、2 株が SNP5 型、1 株が SNP2 型で、4 株は型別不能であった。SNP9 型以外の株は全て ST19、SNP9 型は 36 株が ST19、117 株が ST34 と判定された。薬剤耐性率はアンピシリンが 90.6%、ストレプトマイシンが 90.0%、ピペラシリンが 85.9% などであった。	170				170
サルモネラ感染症	PFGE	6 株から 3 種類の PFGE 像が得られた。2024～2025 年の分離株 4 株は同一の PFGE 像であり、1991 年及び 1992 年分離株の PFGE 像とバンドの相違は 7 本認められた。	6				6
サルモネラ感染症	PFGE	6 株から 3 種類の PFGE 像が得られ、2025 年分離株 2 株の PFGE 像は一致し、2023 年分離株とは 2 本、2017 年以前の分離株とは 7 本以上のバンドの相違が認められた。	6				6
サルモネラ感染症	PFGE	被検菌は PFGE III に区分され、さらに 4 つの亜型に区分された。	10				10
シュードモナス感染症	16S rRNA 解析	<i>Pseudomonas oryzae</i> , <i>Pseudomonas psychrotolerans</i> , <i>Pseudomonas rhizoryzae</i> のいずれかの菌種と考えられる。	1				1
スタフィロコッカス感染症	MLST	ST352 と型別された。	1				1
ストレプトコッカス感染症	16S rRNA 解析	菌種同定の基準となる 98.65% 以上の一致率を示す基準株は存在しなかった。	1				1
ストレプトコッカス感染症	16S rDNA 解析、PFGE	すべて <i>Streptococcus pluranimalium</i> と同定された。PFGE 像はそれぞれ異なる像を示し、株間の疫学的関連は認められなかった。				5	5
ストレプトコッカス感染症	16S rDNA 解析	鑑定材料 2 株は <i>Streptococcus pluranimalium</i> と同定された。				2	2
ストレプトコッカス感染症	PCR、16S rDNA 解析	6 株中 4 株が <i>Streptococcus ruminantium</i> 、1 株が <i>S. gallolyticus</i> subsp. <i>gallolyticus</i> と同定され、残り 1 株は新菌種であることが示唆された。				6	6
ストレプトコッカス感染症	16S rRNA 解析	菌種同定の基準となる 98.65% 以上の一致率を示す基準株は存在せず、既知の菌種に属さない <i>Streptococcus</i> 属菌であると考えられた。	3				3
ストレプトコッカス感染症	PFGE	10 株中同一農場で分離された 2 株を除き、すべてパターンが異なっていた。				10	10
大腸菌感染症、サルモネラ感染症	凝集反応、PCR、SNP 遺伝子型別、PFGE	大腸菌 2 株とともに血清型 OUT、遺伝子型 Og8 であった。 <i>S. Typhimurium</i> 8 検体はすべて SNP 遺伝子型別不能であり、全株の XbaI-PFGE 像は一致した。	10				10
大腸菌感染症	MLST	供試菌株は全部で 8 種類の ST に型別された。	9				9
大腸菌感染症	RNAscope in situ hybridization、PCR、シーケンス	大腸菌 Og8 特異遺伝子は検出されなかった。	6				6
大腸菌感染症	RNAscope in situ hybridization、PCR、シーケンス	肺組織中に大腸菌 Og8 特異遺伝子が検出された。	7				7
バエニバシラス感染症	16S rRNA 解析	<i>Paenibacillus hunanensis</i> と判定する。	1				1
ボツリヌス感染症	増菌培養、PCR、シーケンス、接種試験	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。	3				3
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス、MLST	TET、16MML 感受性低下 SNP は全株で認められ、ML 全般、LM 感受性低下 SNP は 1 株で認められ、SPM 感受性低下 SNP は認められなかった。FQ 感受性低下 SNP については missense mutation が共存した場合にのみ感受性低下が認められた。MLST 解析では新規の 1 つを含む 6 つの ST に型別された。	21				21
マイコプラズマ感染症	MLST	病性鑑定株は ST3、ST220、ST221、ST290、ST291 の 5ST に型別された。	7				7
マイコプラズマ感染症	融解曲線解析、シーケンス	TET、16MML 感受性低下 SNP が認められたが、ML 全般、LM、SPM 感受性低下 SNP は認められなかった。ホットスポットの FQ 感受性低下 SNP が認められた。	1				1
マイコプラズマ感染症	PFGE、SNP 解析、シーケンス	過去の病性鑑定で報告した <i>M. bovis</i> と同一あるいは類似のバルスパターンを示した。TET、16MML 感受性低下 SNP が認められたが、ML 全般、LM、SPM 感受性低下 SNP は認められなかった。FQ 感受性低下 SNP は全株で認められ、いずれもホットスポットの FQ 感受性低下 SNP が認められた。	7				7

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	PFGE、SNP 解析、シークエンス	PFGE により 7 株は 3 バルスパターンに型別された。SNP 解析では TET、16MML 感受性低下 SNP が全株で、ML 全般、LM、感受性低下 SNP は 6 株で認められ、SPM 感受性低下 SNP は認められなかった。	7				7
マイコプラズマ感染症	MLST、SNP 解析	MLST 解析では 4ST (ST220、ST221、ST290、ST291) に型別された。SNP 解析により、TC、16MML 感受性低下 SNP は全株で認められたが、SPM 感受性低下 SNP は認められなかった。ML 全般、LM 感受性低下 SNP は 9 株で認められ、FQ 感受性低下 SNP については <i>gyrA</i> 、 <i>parC</i> の両遺伝子にミスセンス変異が共存した場合にのみ感受性低下が認められた。	12				12
マンヘミア感染症	16S rRNA 解析	3 株中 2 株を <i>Mannheimia varigena</i> 、残り 1 株を <i>M. pernigra</i> と同定した。	3				3
マンヘミア感染症	16S rRNA 解析	3 検体全て <i>Mannheimia haemolytica</i> であると同定した。	3				3
真菌感染症	PCR、シークエンス、相同性検索	検体血清は総蛋白濃度が高値を示し、蛋白分画像はアミロイドーシスの特徴を示さなかった。	2				2
真菌感染症	PCR、シークエンス	4 検体全て同一の真菌種であり、 <i>Aspergillus</i> 属菌、特に <i>A. terreus</i> である可能性が示唆された。	4				4
銅中毒	原子吸光法	7 頭中 2 頭が基準値を上回っていた。	7				7
銅中毒	原子吸光法	当該牛における臓器中銅濃度はそれぞれ著しい高値を示し、銅中毒と判断された。	2				2
銅中毒	原子吸光法	銅中毒の可能性はないと判断された。	9				9
アミロイドーシス	セルロースアセテート膜電気泳動法	検体血清は総蛋白濃度が高値を示し、蛋白分画像はアミロイドーシスの特徴を示さなかった。	1				1
ストレプトコッカス感染症	免疫組織化学的検査	病変部に認められた細菌塊の一部は <i>Streptococcus</i> D group 血清にのみ陽性を示した。	1				1
真菌感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	全ての臓器において抗 <i>Candida albicans</i> 抗体及び抗 <i>Rhizomucor</i> 抗体陽性を示す菌糸は認められなかった。	1				1
真菌感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	横隔膜内部において広範な凝固壊死を伴う腫瘍の形成が見られ、病変内の菌糸は抗 <i>Rhizomucor</i> 抗体に陽性を示した。抗 <i>Aspergillus</i> 抗体及び抗 <i>Candida albicans</i> 抗体に陽性を示す菌糸は見られなかったが、陽性コントロールでは各抗体とそれぞれ特異的に反応した。	1				1
真菌感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	眼瞼部皮膚腫瘍の真皮においてみられた肉芽腫の菌糸及び多核巨細胞質内において抗 <i>Rhizomucor</i> 抗体に陽性を示した。抗 <i>Aspergillus</i> 抗体及び抗 <i>Candida albicans</i> 抗体に陽性を示す菌糸はみられなかった。	1				1
真菌感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	全ての臓器でみられた菌糸に一致して抗 <i>Aspergillus</i> 抗体に対する陽性反応がみられ、抗 <i>Rhizomucor</i> 抗体及び抗 <i>Candida albicans</i> 抗体に陽性反応を示す菌糸はみられなかった。	1				1
ネオスポラ症	免疫組織化学的検査	本症例に観察された原虫シストは抗 <i>Neospora caninum</i> 抗体に陽性を呈し、炎症領域に陽性反応はみられなかった。	1				1
フィブリノゲン蓄積病	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	肝臓ではびまん性に肝細胞の空胞変性及び好酸性スリガラス状の封入体形成を伴う肝細胞の腫大及び肝細胞索の配列不正がみられた。好酸性スリガラス状の封入体は抗フィブリノゲン抗体に陽性を示した。	1				1
フソバクテリウム感染症	免疫組織化学的検査	病巣に一致して抗 <i>F. necrophorum</i> 家兎血清に対する顆粒状の陽性反応が確認されたが、陽性コントロールに比べ反応性は非常に弱かった。	1				1
フソバクテリウム感染症	免疫組織化学的検査	壊死層に一致して抗 <i>F. necrophorum</i> 家兎血清に対する顆粒状の陽性反応が確認されたが、陽性コントロールに比べ反応性は非常に弱かった。	1				1
フソバクテリウム感染症	免疫組織化学的検査	病巣に一致して抗 <i>Fusobacterium necrophorum</i> 抗体陽性反応が認められた。	1				1
マイコプラズマ感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	橋腹側の髄膜にみられた偽模様構造物の壊死領域に局限して抗 <i>Mycoplasma bovis</i> 抗体に対する陽性反応を豊富に認めた。	1				1
マイコプラズマ感染症	免疫組織化学的検査	肺炎病変の凝固壊死層において、それらの辺縁に抗 <i>M. bovis</i> 抗体に対する陽性反応が確認された。	1				1
マンヘミア感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	すべての臓器において抗 <i>Mannheimia haemolytica</i> 血清型 6 の抗体陽性反応が観察された。	1				1
ロドコッカス感染症	免疫組織化学的検査	病変に一致して <i>Rhodococcus equi</i> 抗原が認められ、本症例は <i>R. equi</i> 感染症であると考えられる。	1				1
ロドコッカス感染症	免疫組織化学的検査	病変に一致して <i>Rhodococcus equi</i> VapN 抗原が認められ、本症例は <i>R. equi</i> 感染症であると考えられる。	1				1
ロドコッカス感染症	免疫組織化学的検査	病変に一致して <i>Rhodococcus equi</i> VapN 抗原が認められ、本症例は <i>R. equi</i> 感染症であると考えられる。	1				1
豚・イノシシ							
豚							
豚熱（緊急病性鑑定）	シークエンス	豚熱と判定した。		332			332

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
豚熱	RT-PCR、シーケンス	病性鑑定株は当該農場周辺の野生イノシシ由来株とは異なっており、栃木県南部の野生イノシシ由来株に近かった。		10			10
エンテロウイルス感染症	RT-PCR、PCR、シーケンス、BLAST 解析、電気泳動法	核酸抽出物 25 検体中 9 検体で明瞭な遺伝子増幅が認められ、うち 2 検体を BLAST 解析したところ、Enterovirus G の遺伝子配列と類似性が高いことが示された。臓器乳剤 25 検体とウイルス液 1 検体からは遺伝子の増幅は認められなかった。	51				51
豚インフルエンザ	シーケンス	H1N2 亜型と同定した。古典的豚インフルエンザ (A/H1N1) 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。	1				1
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	検査した 6 検体中 5 検体から増幅産物が得られ、2 検体がクラスターⅢ、3 検体がクラスターⅣに分類された。	8				8
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	36 検体中 34 検体で明瞭な増幅産物が得られ、すべて北米型であった。ORF5 遺伝子領域を増幅する RT-PCR で 23 検体の増幅産物が得られた、4 検体がクラスターⅠ、4 検体がクラスターⅡ、15 検体がクラスターⅣであった。	36				36
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	PRRSV 検出 RT-PCR の結果、北米型が 188 検体、欧州型が 1 検体検出された。北米型 188 検体中 131 検体について明瞭な増幅産物が得られ、130 検体について塩基配列が決定された。130 検体中クラスターⅠが 8 検体、クラスターⅡが 9 検体、クラスターⅢが 49 検体、クラスターⅣが 61 検体、未分類が 3 検体であった。	368				368
豚繁殖・呼吸器症候群、豚サーコウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	PRRSV 検出 RT-PCR により、37 検体中 34 検体において北米型が検出され、うち 33 検体について明瞭な増幅産物が得られ、すべてクラスターⅣに分類された。検体間の類似性は 93.9 ~ 100% であった。PCV2 検査対象の 2 検体から PCR 産物が得られ、PCV2d-2 に分類された。	37				37
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	9 検体中 8 検体において北米型が検出され、うち 5 検体について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。検体間の類似性は 97.7 ~ 100% であった。	9				9
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	全検体において北米型が検出され、明瞭な増幅産物が得られた。うち 4 検体はクラスターⅡに分類され、類似性は 99.0 ~ 99.7% であった。他 4 検体はクラスターⅣに分類され、97.9 ~ 100% の類似性を示した。	8				8
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	12 検体中 11 検体において北米型が検出され、うち 7 検体について明瞭な増幅産物が得られ、すべてクラスターⅣに分類された。検体間の類似性は 96.5 ~ 99.5% であった。	12				12
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	抽出核酸 33 検体中 32 検体において明瞭な増幅産物が得られ、すべてクラスターⅠに分類された。検体間の類似性は 96.0 ~ 100% であった。	62				62
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	抽出 RNA15 検体中 14 検体において北米型が検出され、10 検体において明瞭な増幅産物が得られた。10 検体中 2 検体はクラスターⅡに分類され、市販の弱毒性生ワクチンと高い類似性を示した。他 8 検体はクラスター未分類であった。	29				29
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	全検体において北米型が検出された。また全検体について明瞭な増幅産物が得られ、クラスターⅢに分類された。	7				7
豚繁殖・呼吸器症候群	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	すべての検体において北米型が検出された。1 検体のみ増幅産物が得られ、クラスターⅣに分類された。	6				6
日本脳炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	2018 年に高知県で分離された JEV 遺伝子型 1 と最も近縁であった。				6	6
バルボウイルス感染症	PCR、ウイルス分離	PCR での増幅ができず、ウイルス分離もできなかった。			33		33
ベスチウイルス感染症	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	血清材料の RT-PCR 産物 3 検体の塩基配列の類似性は 100% の一致を示し、genotype 1 に分類される米国や熊本県で検出されたウイルスと近縁であった。	27				27
<i>E. albertii</i> 感染症	PFGE	5 農場における同一農場由来株、または疫学関連農場由来株間は同一あるいは非常に類似した PFGE 泳動パターンを示した。	8				8
アクチノバチルス感染症	PCR、ゲル内沈降反応	鑑定材料は <i>Actinobacillus pleuropneumoniae</i> と同定され、血清型 2 であると考えられた。			4		4
エンテロコッカス感染症	16S rDNA 解析、 <i>sodA</i> 解析、PFGE	すべて <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。PFGE では全株それぞれ異なるパターンを示し、これまでの国内病鶏由来株のパターンとも異なっていた。				2	2
サルモネラ感染症	PFGE	被検菌は PFGE V 型に区分された。	1				1
ストレプトコッカス感染症	凝集反応試験、MLST	4 株中 3 株が血清型 7 型 ST29 に型別され、1 株は血清型 14 型 ST1 に型別された。				4	4
ストレプトコッカス感染症	共凝集反応試験、PCR	検査株は血清型 1/2 型と型別された。				1	1
大腸菌感染症	凝集反応試験、O-genotyping、PFGE	7 株中 6 株が血清型 O86、遺伝子型 Og86 で泳動パターンは同一であった。残り 1 株は血清型 O121、遺伝子型 Og121 であった。	7				7
大腸菌感染症	PFGE、QRDR シーケンス	8 株から 7 種の PFGE パターンが検出され、Ⅰ ~ Ⅱ型に区分された。QRDR のアミノ酸配列は全株同一の配列が認められた。	8				8

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
大腸菌感染症	PFGE、QRDR シークエンス	9 株から 7 種の PFGE パターンが検出され、I ～VI 型の 6 遺伝子型に区分された。QRDR のアミノ酸配列は全株 同一の配列が認められた。	9				9
トウルエペレラ・ピオゲネ ス感染症	16S rRNA 解析	すべて <i>Trueperella pyogenes</i> と同定された。	3				3
ボルデテラ感染症	API20NE	2 株とも <i>Bordetella bronchiseptica</i> と同定された。	2				2
ボルデテラ感染症	API20NE	10 株 中 9 株 は <i>Bordetella bronchiseptica</i> 、1 株 は <i>B. avium</i> と同定された。	10				10
亜鉛中毒	原子吸光法	6 検体とも著しい高値を示し、本症例は亜鉛中毒である と考えられる。	6				6
亜鉛中毒	原子吸光法	亜鉛非投与群の血清亜鉛濃度は亜鉛投与群に比べてやや 高値を示したが、両群に統計的な有意差は認められず、 概ね正常範囲であることから今回の亜鉛の投与量・期間 は問題ないと考えられる。	10				10
硝酸塩中毒	HPLC 法	全検体とも概ね健康範囲であった。	11				11
セレン欠乏症	蛍光法	セレン濃度は概ね正常範囲であった。	1				1
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	扁桃にみられた細菌塊に一致して抗 <i>Actinobacillus suis</i> 抗体に対する陽性反応が認められ、抗 PCV2 抗体に対す る陽性反応はいずれの臓器においても認められなかった。	1				1
アクチノバチルス感染症、 トウルエペレラ・ピオゲネ ス感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学 的検査	肺及び心臓でみられたグラム陰性細菌塊は抗 App6 抗体 に陽性を示し、肺の血栓に一部みられたグラム陽性細菌 塊に一致して抗 <i>Trueperella pyogenes</i> 抗体の陽性像を認 めた。	1				1
アクチノバチルス感染症、 豚サーコウイルス感染症	病理組織学的検査、免疫組織化学 的検査	病理学的に <i>Actinobacillus suis</i> 感染による疣贅性心内膜 炎及び播種性血管内凝固と診断された。また、PCV2 感 染による免疫抑制が <i>A. suis</i> の病態形成を促進した可能性 が考えられた。	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。		13			13
豚熱（緊急病性鑑定）	RT-PCR、シークエンス	豚熱と判定した。		2			2
豚熱（疫学動向調査）	RT-PCR、シークエンス	1,081 検体中 147 検体を用いて全ゲノム解析を実施した。	1,081				1,081
馬							
馬							
馬インフルエンザ	シークエンス、BLAST 解析	10 検体中分離ウイルス 8 株の各 4 株間で 100% の相同性 を示し、それぞれ H3 亜型及び H8 亜型であると同定され た。	10				10
馬インフルエンザ	シークエンス、BLAST 解析	2 株とも H3 亜型及び N8 亜型であると同定された。	2				2
<i>Olsenella uriniinfantis</i> 感染症	16S rRNA 解析	本検査株は <i>Olsenella uriniinfantis</i> と同定した。	1				1
大腸菌感染症	微量液体希釈法、PFGE、MLST、 PCR、シークエンス	5 検体中 2 検体は AMP、CFZ、CTX に耐性を示し、COL を 除く STR、KAN、GEN、OTC、ENR、OFX に対 し ても耐性あるいは MIC が高く、1 検体は STR、KAN、 GEN、OTC、COL で感受性あるいは MIC が低かった。 この 3 検体の PFGE 像は類似しており、ST224 に型別さ れた。 他 2 検体は全薬剤で感受性あるいは MIC が低く、他株 とは異なる PFGE 像を示し、それぞれ ST11979 及び 99 で あった。	5				5
大腸菌感染症	微量液体希釈法、PFGE、MLST、 PCR、シークエンス	前回病性鑑定株 5 株を合わせた 15 株中、5 株が多剤耐性 を示す ST224 に型別され、他 10 株中 AMP、CFZ、CTX に耐性を示した 8 株は 6 つの ST に型別された。 β ラク タマーゼ遺伝子については 15 株全てで <i>bla</i> _{TEM} が検出さ れ、 <i>bla</i> _{SHV} は検出されなかった。	10				10
めん羊・山羊							
めん羊							
ブルータング	次世代シークエンス、RT-PCR、 分子系統解析	ゲノム分節 2 の分子系統解析では血清型 17 の配列と類 似しており、2014 年の南アフリカ株と最も近縁であつた が、ゲノム分節 3 の分子系統解析では 1987 年のマレー シア分離株と最も近縁であつた。				22	22
銅中毒	原子吸光法	銅濃度は高値を示し、銅中毒と判断された。	1				1
山羊							
サルモネラ感染症	スライド凝集反応、試験管凝集反 応、PFGE	15 株中 14 株は血清型 Bareilly で、1 株は型別不能であ った。15 株中 14 株の PFGE 像は一致し、他 1 株と 2 本 のバンドの相違が認められた。	15				15
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。	459				459
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。	353				353

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
アデノウイルス感染症、伝染性ファブリキウス嚢病	PCR、シーケンス、分子系統解析	鶏アデノウイルス遺伝子解析：CK細胞においてCPEが認められた3検体で明瞭な増幅産物が得られ、血清型1に分類された。 伝染性ファブリキウス嚢病遺伝子解析：3検体で明瞭な増幅産物が得られ、Genogroup2 (Antigenic variant) に分類された。	19				19
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、これらの塩基配列の類似性は99.3～100%の一致を示し、農場で使用されたワクチン株のTaishuとの類似性は99.6%の一致を示した。3検体の遺伝子はGenogroup1に分類された。	3				3
トリレオウイルス感染症	PCR、シーケンス、分子系統解析	全検体からPCR産物が得られ、アミノ酸配列は100%一致し、わが国の血清型標準株のうちUchida株が属するcluster Vに分類された。	3				3
トリレオウイルス感染症	次世代シーケンス、分子系統解析	3検体ともトリレオウイルスであり、うち2検体は遺伝子型V、1検体は遺伝子型IIと同定した。	3				3
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	6検体中3検体で明瞭な増幅産物が得られ、99.3～99.4%の類似性を示した。遺伝子型JP-Iに分類されるJP_Ibaraki-1_2015及びS95ワクチン株に最も近縁であった。	6				6
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、塩基配列の類似性は100%の一致を示した。遺伝子型JP-Iに分類されるJP_Ibaraki-1_2015及びS95ワクチン株を含むクラスター内の独立したサブクラスターに分類された。	4				4
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、塩基配列の類似性は100%の一致を示し、遺伝子型JP-I型に分類されるJP_Ibaraki-1_2015及びS95ワクチン株と最も近縁であった。	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、塩基配列の類似性は100%の一致を示し、遺伝子型JP-IIに分類されるワクチン株のMiyazakiと同一であった。	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、塩基配列の類似性はS1遺伝子の一部配列において97.7～100%の一致を示しJP-I遺伝子型に分類された。S2遺伝子の一部配列においては100%の一致を示し、グループ6b遺伝子型に分類された。	12				12
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	被検株は、遺伝子型Massに分類されるJP/Wakayama-4/2004と同一であり、ワクチン株ではMa5に最も近縁であった。	1				1
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	8検体中2検体は遺伝子型4/91に分類されるウイルス株及び4/91ワクチン株と近縁であり、4検体は遺伝子型JP-Iに分類されるウイルス株及びS95ワクチン株と近縁であった。残り2検体はS95ワクチン株と同一のクラスターに分類されるものの、近縁なウイルス株は認められなかった。	8				8
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、これらの塩基配列の類似性は100%の一致を示し、遺伝子型JP-Iに分類されるS95ワクチン株と同一であった。	4				4
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス、分子系統解析	RT-PCRを行った尿膜腔液4検体で明瞭な増幅産物が得られ、4検体中2検体が遺伝子型JP-Iに分類されるS95ワクチン株と近縁であり、残り2検体は遺伝子型JP-I内の独立したサブクラスターに分類され、近縁なウイルスは認められなかった。	8				8
鶏伝染性気管支炎	RT-PCR、シーケンス	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99.1～100%の一致を示した。10検体中3検体の遺伝子が同一であり、他7検体中6検体の遺伝子が同一であった。	10				10
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/Aichi-2/2023等のウイルス株及びS95ワクチン株と近縁であった。	1				1
アビバクテリウム感染症	ANI解析	両株とも <i>Avicacterium endocarditidis</i> である可能性が高い。	2				2
エンテロコッカス感染症	16S rDNA解析、sodA解析、PFGE	すべて <i>Enterococcus cecorum</i> と同定された。PFGEでは全株それぞれ異なるパターンを示し、これまでの国内病鶏由来株のパターンとも異なっていた。				4	4
エンテロコッカス感染症	マルチプレックスPCR、PFGE	EC_01424以外の5遺伝子が陽性となった。同一事例由来株はPFGEパターンが一致し、異なる事例間のパターンはバンドの相違が2～3本以内と類似していた。				4	4
エンテロコッカス感染症	PFGE、マルチプレックスPCR	検査株のPFGE型はそれぞれA2型、I型と型別された。A2型株はEC_01424以外の5遺伝子が陽性、I型株はEC_02735のみが陽性となった。				2	2
エンテロコッカス感染症	PFGE、マルチプレックスPCR	検査株はa1-a6及びb-kの計16のPFGE型に型別され、a1-a6に分類された25株は類似したパターンを示し、b-kに分類された11株は2株以外それぞれ異なっていた。飼料由来株3株を含む8株はすべての遺伝子が陰性、PFGE型がa1-a5の株はEC_01424以外の5遺伝子が陽性となった。				33	33

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
エンテロコッカス感染症	PFGE	同一農場に由来する株の多くが同一の PFGE パターンを示した。	19				19
エンテロコッカス感染症	PFGE	6 株中 4 株が PFGE 型 a1、残り 2 株が a2 及び a3 に型別された。a1-a3 は相互に非常に類似しており、株間の疫学的な関連性が示唆された。				6	6
エンテロコッカス感染症	PFGE	個体や由来に関わらず、全株同一のパターンを示した。				8	8
エンテロコッカス感染症	PCR、PFGE	全株 <i>Enterococcus cecorum</i> と同定され、PFGE の結果、全株同一のパターンを示した。				6	6
エンテロコッカス感染症	PFGE	2 株は同一の PFGE 型に分類され、前年度病性鑑定株の PFGE 型とは全く異なっていた。				2	2
エンテロコッカス感染症	PFGE、PCR、16S rRNA 解析、 <i>sodA</i> 解析	10 株中 2 株のパターンが一致した以外は、全株異なるパターンを示した。パターンが一致した 2 株は <i>Enterococcus faecalis</i> と同定され、他 8 株中 6 株が <i>E. cecorum</i> 、1 株が <i>E. durans</i> 、1 株が <i>E. faecium</i> または <i>E. lactis</i> と同定された。				10	10
クロストリジウム感染症	シークエンス、BLAST、MLST	<i>cpa</i> 遺伝子を標的とした PCR 増幅産物の塩基配列は既報の <i>Clostridium perfringens</i> の Alpha 毒素の一部と 100% 一致し、 <i>netB</i> 遺伝子を標的とした PCR 増幅産物の塩基配列は <i>C. perfringens</i> の NetB 毒素の一部と 99.95% 一致した。分離株 15 株中 9 株が ST21、5 株が ST73、1 株は ST 不明であった。	122				122
サルモネラ感染症	PFGE	3 種類の PFGE 像 (PFGE I ~ III) が認められ、各株間のバンドの相違は 2 本以内であった。	19				19
大腸菌感染症	O-genotyping、MLST	O-genotyping により 16 種類に、MLST により 14 種類に型別された。	18				18
大腸菌感染症	凝集反応	O75 が 2 株、O43、O81、O140、O156 がそれぞれ 1 株で、2 株は型別不能であった。	8				8
大腸菌感染症	PFGE、MLST	22 株から 8 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) に区分された。MLST の結果 4 種類の ST が検出された。	22				22
アデノウイルス感染症	免疫組織化学的検査	全羽で筋肉や脾臓において散在性にウイルス抗原が検出された。	5				5
真菌症	病理組織学的検査、免疫組織化学的検査	病変内の菌糸は抗 <i>Aspergillus</i> 抗体に陽性を示し、抗 <i>Rhizomucor</i> 抗体に陽性を示す菌糸はみられなかった。	1				1
鶏白血病等	免疫組織化学的検査	ALV、REV、MDV、CAV の抗原は検出されなかった。	3				3
マレック病	免疫組織化学的検査	全羽の臓器に浸潤する腫瘍細胞は Meq 陽性であった。	7				7
うずら							
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。	20				20
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。	20				20
野鳥							
ボツリヌス感染症	細菌培養、PCR、シークエンス、接種試験	D/C モザイク型ボツリヌス毒素遺伝子が検出された。	2				2
その他							
ペンギン							
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	脾臓の濾胞、血管壁においてみられたアミロイドは抗 serum amyloid A 抗体に陽性を示し、血管周囲のアミロイドは陰性であった。	1				1
アライグマ							
サルモネラ感染症	スライド凝集反応、試験管凝集反応、生化学性状試験、MLST	108 株中 99 株について亜種 <i>enterica</i> のいずれかの血清型に型別された。型別不能であった 9 株のうち 7 株は亜種 <i>diarizonae</i> 、2 株は亜種 <i>enterica</i> であった。	108				108
サルモネラ感染症	PFGE	被検菌は 2 つのクラスター (PFGE III、VII 型) に区分された。	2				2
リス							
ボツリヌス症	PCR、シークエンス、BLAST 解析	検体中にボツリヌス毒素遺伝子は含まれていない、または含まれていたとしても検出限界以下であったと考えられた。	2				2
ヌカカ							
アルボウイルス感染症	次世代シークエンス	分離ウイルスはシンプ血清群に属するタニヤマウイルスと同定された。				1	1
シンプ血清群ウイルス	RT-PCR、シークエンス、次世代シークエンス	2023 年に検出されたウイルスは同定には至らなかったが、シンプ血清群のオルソブニヤウイルスと近縁のウイルスであることが示唆された。2024 年に分離されたウイルスは Linchuan virus と同定された。				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
肉製品							
アフリカ豚熱	PCR、リアルタイム PCR、ウイルス分離	6 検体から ASFVp72 遺伝子が検出され、いずれも過去に欧州、アフリカ、中国で検出された遺伝子型 I 株と一致した。当該 6 検体から ASFV は分離されなかった。		13			13
口蹄疫	ウイルス分離、遺伝子解析	口蹄疫ウイルスの分離は陰性であった。VP1 領域の遺伝子解析においては血清型 O の MESA topotype PanAsia Lineage と高い相同性を示した。		1			1
飼料							
エンテロкокカス感染症	PFGE、マルチプレックス PCR	検査株は a1-a6 及び b-k の計 16 の PFGE 型に型別され、a1-a6 に分類された 25 株は類似したパターンを示し、b-k に分類された 11 株は 2 株以外それぞれ異なっていた。飼料由来株 3 株を含む 8 株はすべての遺伝子が陰性、PFGE 型が a1-a5 の株は EC_01424 以外の 5 遺伝子が陽性となった。				3	3
カビ毒	液体クロマトグラフ・タンデム質量分析法	9 検体中 2 検体から低濃度のカビ毒が検出されたが、問題となる値ではなかった。	10				10
敷料等							
サルモネラ感染症	PFGE	被検菌は PFGE III 型に区分された。	2				2
環境材料							
鳥インフルエンザ	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列を決定することができず、その病原性について同定することができなかった。	1				1
鳥インフルエンザ	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	14 検体中 3 検体で遺伝子増幅産物が確認され、H5 亜型 HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列は強毒タイプであることが明らかとなった。他 11 検体については病原性を同定することができなかった。	14				14
鳥インフルエンザ	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列を決定することができず、その病原性について同定することができなかった。	3				3
鳥インフルエンザ	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列を決定することができず、その病原性についても同定することができなかった。	1				1
鳥インフルエンザ	H5 亜型の HA タンパク質開裂部位の推定アミノ酸配列の決定	開裂部位の推定アミノ酸配列を決定することができず、その病原性についても同定することができなかった。	1				1
サルモネラ感染症	PFGE	血清型 Braenderp は 2021 年度分離株と 2025 年度分離株とは異なるプロファイルに分類された。血清型 Corvallis3 株と血清型 Bareilly2 株は、それぞれ同一のプロファイルに分類された。			8		8
ボツリヌス感染症	細菌培養、PCR、シーケンス、接種試験	D/C モザイク型ボツリヌス毒素遺伝子が検出された。	3				3
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	234				234
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	405				405
鹿							
CWD（慢性消耗病）	ウエスタンブロット法	陰性	19				19
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。	45				45
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 亜型低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	8 検体中 6 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た。残り 2 検体はウイルス分離ができなかった。	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	12 検体中 11 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た。残り 1 検体はウイルス分離ができなかった。	12				12
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	10 検体中 2 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た。残り 8 検体はウイルス分離ができなかった。	10				10

Hot Topics

令和8年度新規採用職員

動物衛生研究部門に新たな職員が加わりました。

川田 南

疾病対策部生物学的製剤製造室製造科製造技術チーム

ご縁をいただき、この春より動衛研での業務に従事することとなりました。動物の健康のため、生産者、消費者の皆様のために責任をもって日々の業務に当たる所存です。まだまだ未熟ではありますが、ご指導、ご鞭撻のほどどうぞよろしくお願い申し上げます。

河原 旦空

疾病対策部生物学的製剤製造室製造科製造技術チーム

この度、歴史ある動衛研にご縁を賜り勤務できることを光栄に存じます。安定した品質の診断薬供給を通じ家畜衛生の向上に寄与してまいります。未熟ではございますが、ご指導ご鞭撻のほどよろしくお願い申し上げます。

米山 州二

越境性家畜感染症研究領域海外病予防診断グループ

これまで家畜保健衛生所を中心に国内防疫業務に従事してまいりました。家畜衛生研究をリードする部門の研究員としての自覚を持ち、培った知識と経験を活かしつつ、研究と現場の橋渡し役としても貢献したいと考えております。よろしくお願い申し上げます。

下田 蒼

細菌感染症研究領域酪農衛生グループ

2026年4月より着任し、牛乳房炎ワクチンの開発を目指して病原細菌の解析や試作ワクチンの作製に取り組んでいます。国内外における畜産振興と家畜衛生の向上に貢献できるよう研究に尽力していきます。ご指導ご鞭撻のほど、よろしくお願いいたします。

小島 一優

疫学・病態研究領域病理グループ

2026年4月より任期付研究員として着任いたしました。現在は機械学習を活用した病理診断支援システムの開発に取り組んでおります。これまでの経験を活かし、家畜病理診断の精度向上に貢献できるよう頑張ります。どうぞよろしくお願いいたします。

プレスリリース：多機能尾部センサで疾病罹患子牛の行動・生理的特徴を明らかに ー自動疾病検知技術の高度化に向けて前進ー

農研機構、麻布大学、北海道立総合研究機構、明治大学、全国酪農業協同組合連合会の共同研究グループは、独自に開発した多機能尾部装着型ウェアラブルセンサを用い、約300頭の子牛を対象とした大規模なフィールド試験を実施しました。得られたセンサデータから、疾病に罹患した子牛は健康な子牛に比べて活動強度が低く、横臥（伏せている）時間が長く、体表温が高い傾向が見られました。これら複数の指標を総合的に解析し、機械学習を活用して疾病検知モデルを構築した結果、子牛の疾病を一定の精度で判別できることを実証しました。本成果は、現場での省力化や診断精度の向上に寄与し、スマート畜産システムの実現に貢献するものです。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/173851.html

プレスリリース：農研機構動物衛生研究部門がアフリカ豚熱（ASF）のリファレンスラボラトリーに国際獣疫事務局（WOAH）から認定されました

農研機構動物衛生研究部門は、2026年5月、アフリカ豚熱に関するリファレンスラボラトリーに国際獣疫事務局（WOAH）から認定されました。WOAHリファレンスラボラトリーは、特定の動物疾病について高度な診断技術を有し、国際標準となる検査手法の確立や加盟国への技術支援において中核的な役割を果たす機関です。今後、農研機構は、WOAHの国際基準や診断およびワクチンに関するマニュアルの策定、同機関が主導する防疫活動の推進に資する最新の科学的知見や技術の提供に積極的に取り組んでいきます。

https://www.naro.go.jp/publicity_report/press/laboratory/niah/175926.html

長期講習生受け入れ

2026年5月11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、札幌、小平海外病、鹿児島各研究拠点で、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。

【編集後記】 令和8年4月より農研機構の第6期中長期計画が始まり、それに合わせて動物衛生研究部門も新体制でスタートしました。引き続き、家畜衛生に関する専門機関として、行政・防疫現場を技術の面からサポートしてまいりますので、どうぞよろしくお願いいたします。

（おしらせ）本誌は次号より冊子による発行を終了し、ウェブサイトでの掲載のみへ移行いたします。今後はウェブサイトからご活用くださいますよう、よろしくお願い申し上げます。

NIAH ニュース一覧：https://www.naro.go.jp/publicity_report/publication/laboratory/niah/news/



NIAH ニュース

2026.7.31 No.81

令和8年7月31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>