

佐賀県の発生農場で分離された豚熱ウイルスの全ゲノム情報を用いた遺伝子解析

(2023年9月20日解析分まで)

佐賀県の発生農場（88例目、89例目）に由来する株を追加して解析した。

解析の方法

(1) 使用データ

日本分離株 462株

発生農場由来株 95株（89例目まで（関連農場を含む、84例目を除く））

イノシシ由来株 368株（2022年度末までに確認された個体のうちの一部）

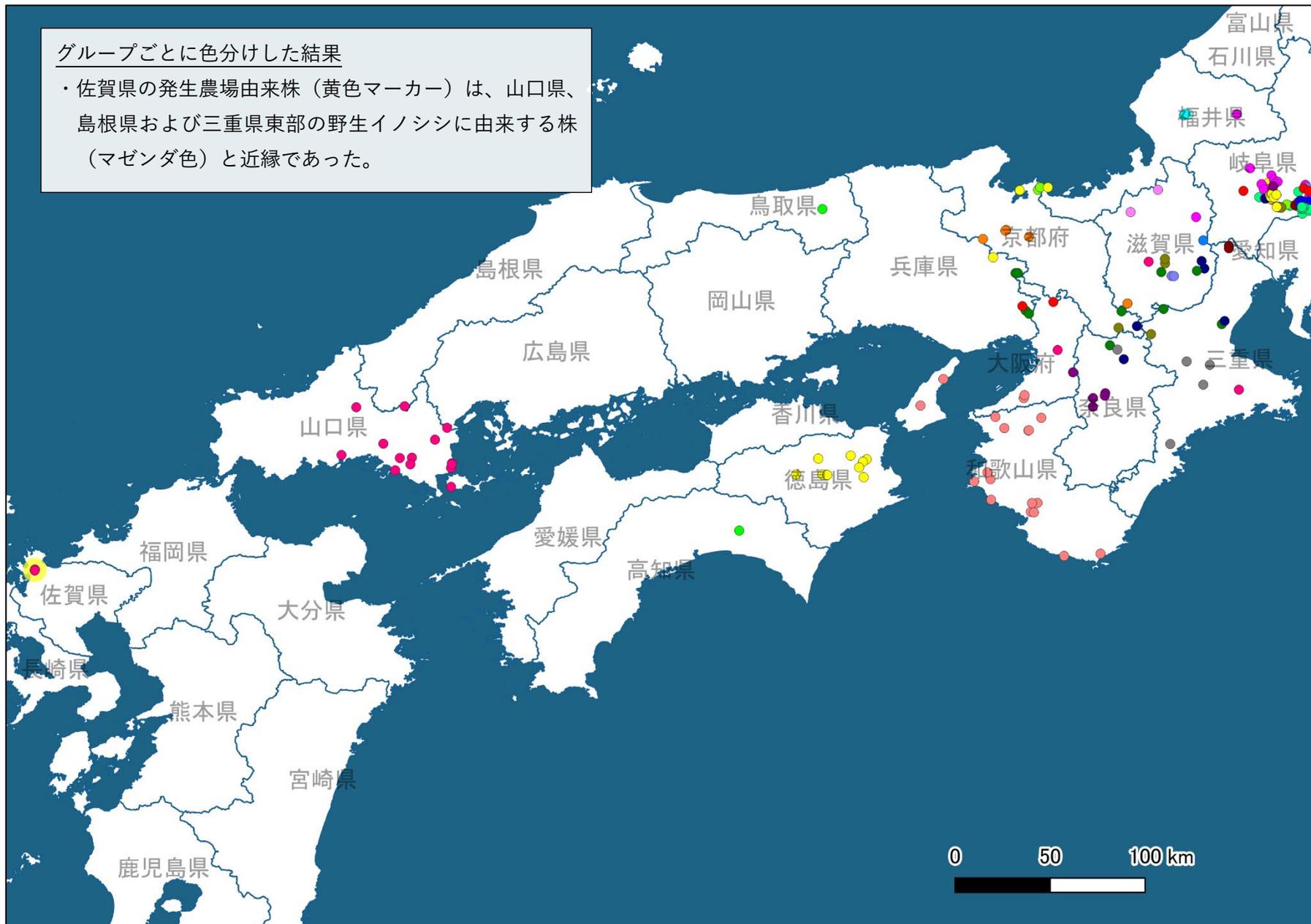
(2) 遺伝子解析

- ・血液や体組織のサンプルから直接、またはウイルス分離の後、Ion PGM を用いてウイルスゲノムのほぼ全長の配列を決定した。
- ・MAFFT でアライメントを行い、11,826塩基（3,884アミノ酸）を解析に利用した。
- ・FastTree で最尤系統樹を作成した。
- ・推定された祖先株の配列に対する塩基変異の共有状況に基づいて、全ての株を12段階（第1層～第12層）で149グループに分類した。
(各層でどのグループに属するかを示す必要がある場合、A～Zのアルファベットでグループを識別しているが、こうした記号に意味はない。)
- ・地図上では、第8層の125グループで色分けした（色の種類が多すぎると識別できないため）。
- ・佐賀県の発生農場由来株について、塩基変異の共有状況に基づいて祖先株を特定し、関係性の強い順に濃い色で示した。つまり、グループ分けに用いた塩基変異のうち、その株が持っている変異以外を持っていない株のみを祖先株とし、共有している変異が多いほど関係性が高いと判定した。

解析：農研機構 動物衛生研究部門

グループごとに色分けした結果

- ・佐賀県の発生農場由来株（黄色マーカー）は、山口県、島根県および三重県東部の野生イノシシに由来する株（マゼンダ色）と近縁であった。



祖先株を関連性が強い順に色分けした結果

- ・佐賀県の発生農場由来株（88 例目、89 例目）は、岐阜県から西側に拡大し、三重県東部から山口県に感染拡大した後、佐賀県に侵入したと考えられた。
- ・なお、前ページに表示されている山口県、島根県の野生イノシシ由来株の一部については佐賀県の発生農場由来株にはない変異が起きているため、佐賀県の農場由来株の祖先株とは判定されなかった。



