

## 豚熱ウイルスの全ゲノム情報を用いた遺伝子解析

(2024年3月7日解析分まで)

全国の野生いのしし関連株と90例目までの発生農場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 683 株

発生農場由来株 98 株 (90 例目まで)

いのしし由来株 585 株

#### (2) 遺伝子解析

- ・感染野生いのしし由来のサンプルについては、都道府県ごとの株の解析状況、いのししの発見地点、当該個体の抗体保有状況などから対象株を選定して解析した。
- ・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 10 段階 (第 1 層～第 10 層) で 178 グループに分類した。
- ・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

# 1. 佐賀県の発生農場（88 例目、89 例目）に近縁な野生いのしし由来株の追加解析

「いのしし（発見日）」の右側の括弧内の数字は、佐賀県の発生農場由来株との相違をグループ分けの「層」の数で示したもので、「-1」は発生農場では認められなかった変異が入っているなど、農場由来株の祖先にはあたらないことを示す。赤矢印で示す島根県由来の株が最も近かったが、農場由来株のグループ分けに一致するもの（括弧内の数字が0になる）は認められなかった。

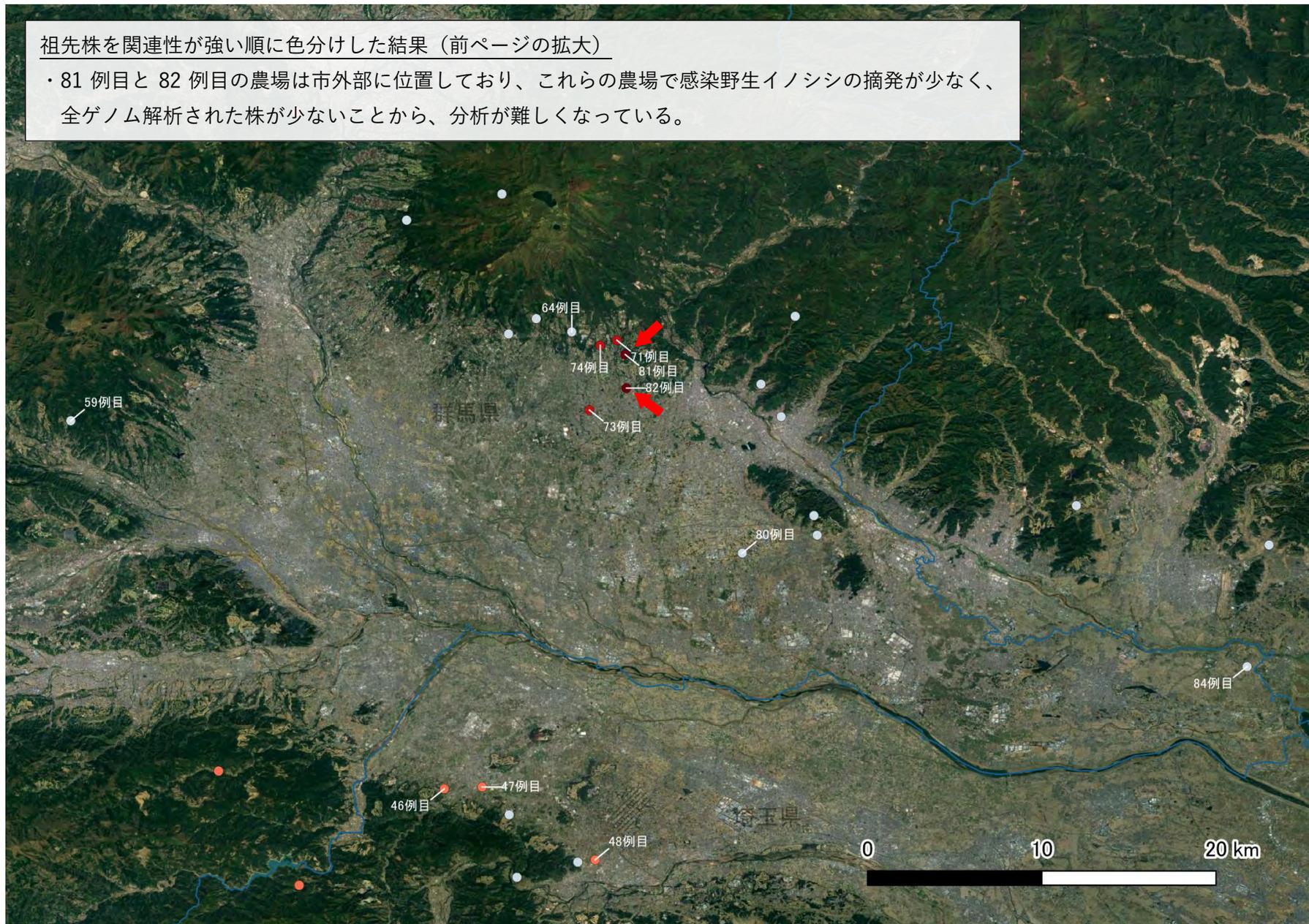


## 2. 系列農場である群馬県の発生農場（81例目：肥育農場、82例目：繁殖農場）の関係の解析



祖先株を関連性が強い順に色分けした結果（前ページの拡大）

- ・ 81 例目と 82 例目の農場は市外部に位置しており、これらの農場で感染野生イノシシの摘発が少なく、全ゲノム解析された株が少ないことから、分析が難しくなっている。



## 群馬県の発生農場由来株（81 例目、82 例目）から分離されたウイルスと 両農場周辺の発生農場及びイノシシ由来のウイルスの遺伝子の塩基変異の比較

### 【方法】

- ・ 81 例目と 82 例目の農場由来株 2 株と、これらの株に近縁な両農場周辺の発生農場及び野生いのしし由来株の全ゲノムを比較した。
- ・ 全ゲノムのうち、上記の株で 1 株以上の不一致株がある塩基座位のみを表にした。

### 【結果】

- ・ 81 例目および 82 例目の農場由来株（赤字）は、比較した発生農場及びいのしし由来株と比較して、両農場のみが有する多くの変異が入っていた（赤色の網掛け）。
- ・ 両農場のいずれかのみに認められる変異のほとんどは、当該農場のみに認められ（黄色の網掛け）、このうち両農場以外の株と共通していたのは 1 か所（緑色の網掛け）のみであった。共通の変異が認められたのは、群馬県の 71 例目の発生農場の由来株であったが、前述の通り、71 例目とは異なる変異も多く認められたため、当該農場が両農場の直接の感染源とは考えにくかった。

### 【考察】

- ・ 以上のことから、81 例目及び 82 例目の感染源となった株は、両農場の所在する地域の流行株から派生したものと考えられるが、直接の感染源となった農場や野生いのししは確認できなかった。
- ・ また、両農場のいずれかが他方の感染源となったかについても明らかにはならなかった。

株名	Npro	Erns	E1	E2	p7	NS2	NS3	NS4B	NS5A	NS5B
群馬いのしし (211123)	C	T	T	T	G					
群馬いのしし (211114)	C	T	T	T	G					
群馬いのしし (210716)	C		T	T	G					
群馬いのしし (210414)	C		T	T	G					
64例目 (210401)	C		T	T	G					
73例目 (211018)	A	C		T						
74例目 (211125)	C	T	G		T					
71例目 (210806)	G			T						
82例目 (220614)	C		T							
81例目 (220509)	C		T							
群馬いのしし (210409)	C		C	T	G					
群馬いのしし (220704)	C		T	G						
群馬いのしし (220526)	C		A	T	G					
栃木のしし (220405)	T		T	G						
群馬いのしし (220218)	C		T	G						
84例目 (220920)	C		T	G						

### 3. 群馬県の発生農場（84 例目）に関する解析

祖先株を関連性が強い順に色分けした結果

- ・ 84 例目の発生農場由来のウイルス（赤矢印）に非常に近いウイルスが、当該農場周辺の野生いのしし（緑矢印）から見つかった。



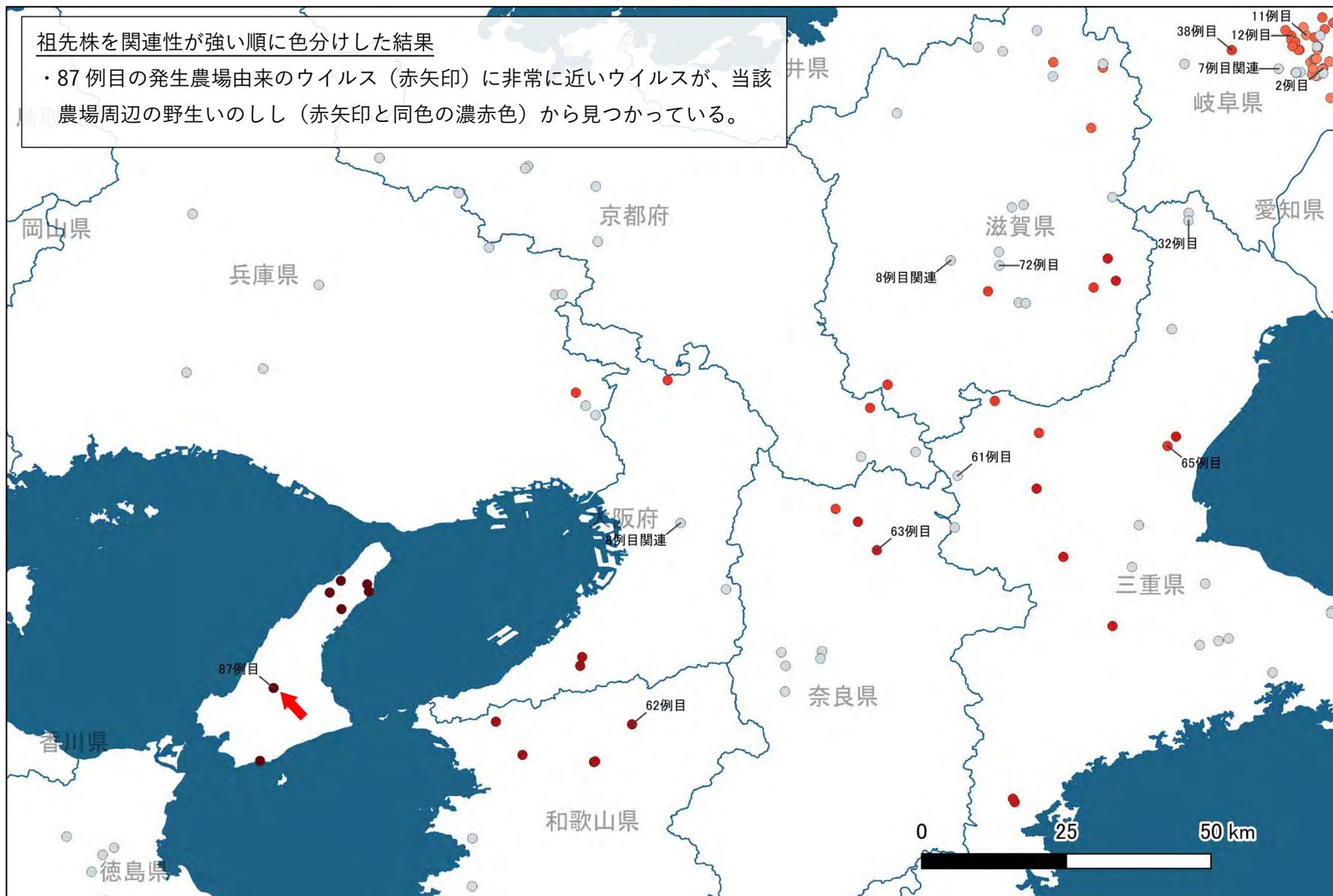
#### 4. 茨城県の発生農場（86例目）に関する解析

祖先株を関連性が強い順に色分けした結果

- ・ 86例目の発生農場由来のウイルス（赤矢印）に非常に近いウイルスが、当該農場周辺の発生農場及び野生いのしし（赤矢印と同色の濃赤色）から見つかった。



## 5. 兵庫県の発生農場（87例目）に関する解析



## 6. 栃木県の発生農場（90 例目）に関する解析

### 祖先株を関連性が強い順に色分けした結果

・ 90 例目の発生農場由来のウイルス（赤矢印）は、近年の栃木県や周辺県の発生農場や感染野生いのししに由来する株とは異なっており、第 3 層までしかグループ分けされなかった。一方、90 例目に由来するウイルスには相当の塩基変異が起きているため、このことは、単に当該株に類似した流行株がまだ見つからないためと考えられる。当該農場の感染源となったウイルスの由来を明らかにするためには、今後、感染野生いのしし由来株の解析を進める必要があると考えられる。

