

豚熱ウイルスの全ゲノム情報を用いた遺伝子解析

(83 例目、91 例目、92 例目について)

全国の野生いのしし関連株と 93 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 703 株

発生農場由来株 101 株 (93 例目まで)

いのしし由来株 602 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 12 段階 (第 1 層～第 12 層) で 181 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. 83 例目（栃木県）に関する解析

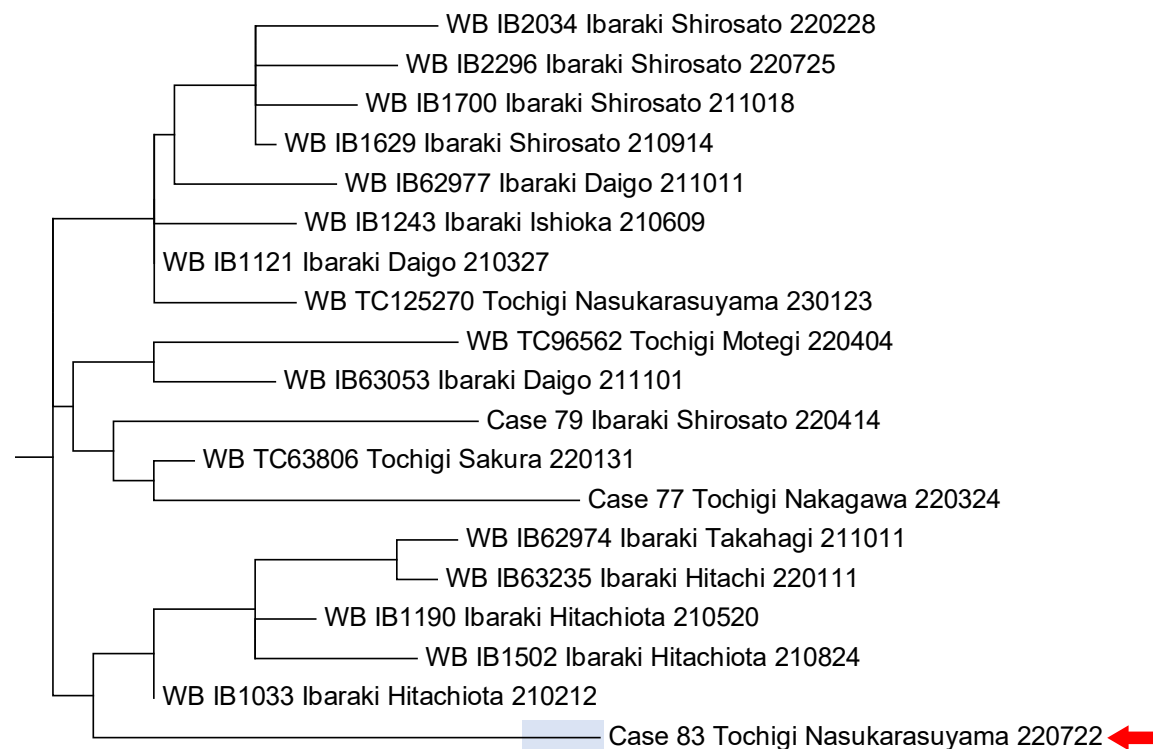
祖先株を関連性が強い順に色分けした結果

- ・ 2022 年 7 月に摘発された 83 例目の発生農場由来のウイルス（赤矢印）のウイルスと全く同じグループ（第 6 層まで）に属するウイルスは認められなかったが、当該事例の周辺で同年 4 月に確認された野生イノシシ由来のウイルスで第 5 層まで一致した。このことから、83 例目の農場への感染は、周辺の感染野生イノシシ由来のウイルスによって起こった可能性が高いと考えられた。



2. 83 例目（栃木県）から周辺の野生いのししに感染拡大した可能性の検討

83 例目の農場では、摘発時に複数の豚舎で感染が確認されており、感染から摘発までに相当の時間が経っていたと推定されていることから、当該農場から周辺の野生いのししに感染が起こっていないかを検討した。当該農場由来のウイルスと第 5 層まで一致するウイルスとその子孫株について系統樹を作成したところ、83 例目由来株（赤矢印）が位置する枝の末端近く（水色網掛け部分）から派生する株は認められなかったことから、全ゲノム情報が得られている株の中には、当該農場から派生した株は含まれていないと考えられた。



3. 91 例目（栃木県）に関する解析

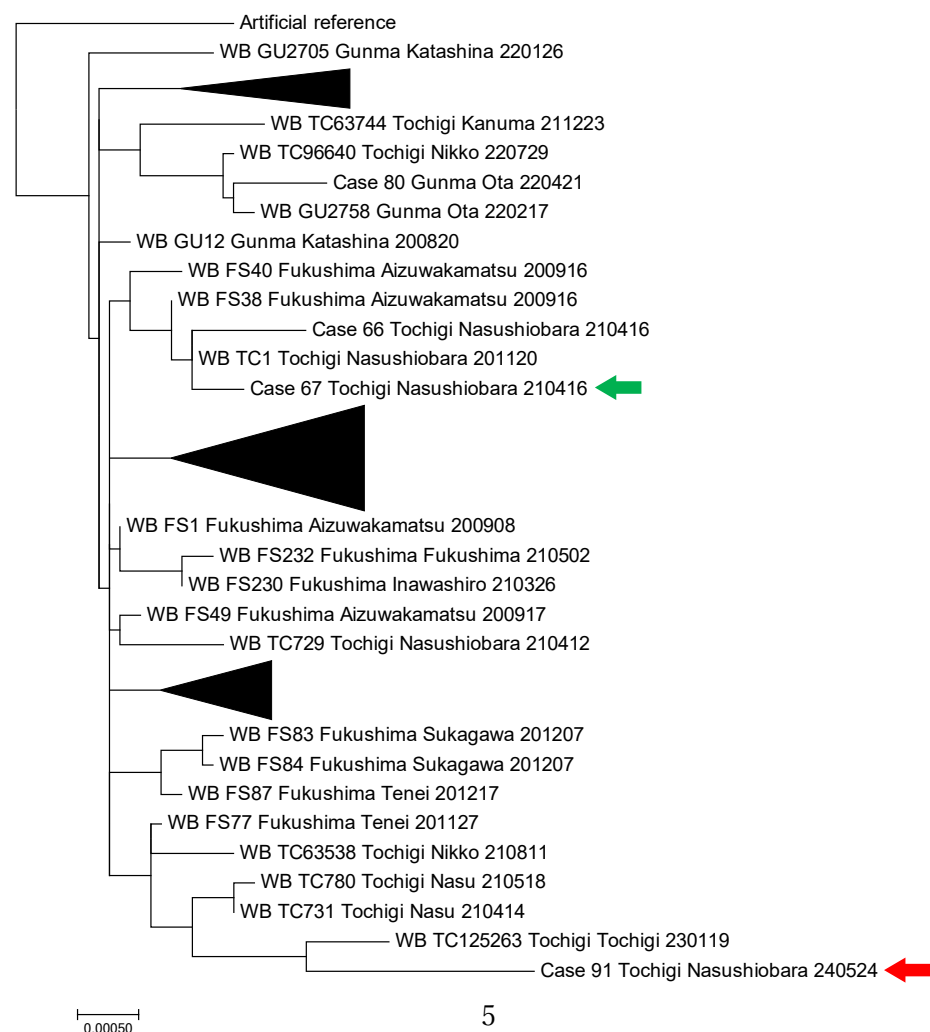
祖先株を関連性が強い順に色分けした結果

- ・ 2024 年 5 月に摘発された 91 例目の発生農場は、2021 年 4 月に摘発された 67 例目と同一の農場である。91 例目発生時のウイルス（赤矢印）と同一のグループ（第 5 層まで）に属するウイルスは、当該農場の周辺ではなく、栃木県南部で 2023 年 1 月に摘発された野生イノシシ（緑矢印）から確認された。今後、同様のウイルスが農場周辺で確認される可能性もあることから、91 例目の農場への感染がどのように起こったかについては、引き続き検討する必要がある。



4. 91 例目（栃木県）と当該農場における前回（67 例目）の発生との関係

2024 年 5 月に摘発された 91 例目の発生農場は、2021 年 4 月に摘発された 67 例目と同一の農場であることから、前回の発生時のウイルスと、今回の発生で確認されたウイルスとの関係について検討した。両ウイルスで共通する第 3 層のグループに属するウイルスとその子孫株について系統樹を作成した。その結果、91 例目のウイルス（赤矢印）と 67 例目のウイルス（緑矢印）は異なっており、前回の発生以降に野生いのしし間で感染拡大したウイルスが改めて侵入したと考えられた。



6. 92 例目（岩手県）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

- ・ 2024 年 5 月に摘発された 92 例目の発生農場由来のウイルス（赤矢印）と
同じグループ（第 9 層まで）に属するウイルスが、当該事例の周辺で同年 8
月に確認された野生イノシシから確認された（緑矢印）。このことから、92
例目の農場への感染は、周辺の感染野生イノシシ由来のウイルスによって
起こった可能性が高いと考えられた。

