

動物衛生研究部門 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

2024 年 3 月

イノシシの豚熱検査結果の分析概要

イノシシでの豚熱感染が確認されている 35 都府県における豚熱の感染状況と免疫獲得状況について分析した。

<東北地方>

- ・岩手県では中部から南部にかけて感染が継続して確認されており、これまでに感染が確認されていなかった北部と東部でも感染が確認されている。今後も感染の継続・拡大に注意する必要がある。
- ・宮城県、山形県、及び福島県では、小規模ながら感染が継続して確認されており、今後も感染が続く可能性がある。
- ・秋田県では、感染の確認は少ないが、これまでに感染が確認されていなかった北部でも感染が確認されており、今後も感染の動向に注意する必要がある。

<関東・甲信越地方>

- ・群馬県では、感染が増加傾向にあり、今後も感染の継続・拡大に注意する必要がある。
- ・埼玉県、東京都、及び長野県では、小規模ながら感染が継続して確認されており、今後も感染が続く可能性がある。
- ・茨城県と栃木県では、感染が減少傾向にあるが、今後も感染の動向に注意する必要がある。
- ・神奈川県、新潟県、及び山梨県では、感染の確認は限局的である。一時的に感染イノシシが認められなくなった地域でも、再び感染が確認されることがあるため、今後の再発に注視する必要がある。

<北陸・中部地方>

- ・岐阜県では 2022 年 10 月以降、感染頭数が増加し、2023 年 2～5 月にかけて感染割合が増加した。その後、感染頭数、感染割合ともにやや減少したものの、同年 12 月から、感染が再び増加傾向にある。2019 年 4 月以降、免疫獲得個体よりも感受性個体の割合が高い状態となっている。2021 年 9 月以降、感受性個体の割合は約 50～85%、免疫獲得個体の割合は約 10～40%で推移している。免疫獲得個体の割合が下がり、感受性個体の割合が高くなっている中で感染

の増加が見られることから、今後も感染の継続・拡大に注意する必要がある。

- ・愛知県では、2021 年 10 月に 1 年ぶりに感染が確認されたが、感染割合は低い水準で推移している。愛知県でも、2020 年夏頃から免疫獲得個体の割合の減少と感受性個体の割合の増加が確認され、免疫獲得個体よりも感受性個体の割合が高い状態となっている。2020 年 8 月以降、感受性個体の割合は約 45～87%、免疫獲得個体の割合は約 10～55%で推移している。感染は減少傾向にあるが、今後も感染の動向に注意する必要がある。
- ・静岡県では、東部を中心に小規模ながら感染が継続して確認されており、今後も感染が続く可能性がある。
- ・福井県では、小規模ながら感染が継続して確認されており、感染割合がやや増加傾向にある。富山県と石川県では、感染の確認は散発的である。これらの地域は、感染イノシシの確認の頻度が下がった時期があったが、今後も感染の動向に注視する必要がある。

<近畿地方>

- ・三重県では、小規模ながら感染が継続的に確認されており、今後も感染が続く可能性がある。
- ・滋賀県、京都府、大阪府、兵庫県、奈良県、及び和歌山県では感染の確認は散発的であり、数ヵ月間感染が確認されていない地域もある。一時的に感染イノシシが認められなくなった地域でも、再び感染が確認されることがあるため、今後の再発に注視する必要がある。

<中国・四国地方>

- ・鳥取県、島根県、広島県、及び山口県では、感染の確認は限局的であるものの、広島県ではこれまでの感染確認地域から離れた場所で感染が確認されており、今後も感染の動向に注視する必要がある。
- ・岡山県では 2024 年 2 月に感染個体が初めて確認された。感染確認からそれほど時間が経過していないことから、感染の継続・拡大に注視する必要がある
- ・徳島県、香川県、及び高知県では、小規模ながら感染が継続しており、これまでの感染確認地域から離れた場所でも感染が確認されている。今後も感染の継続・拡大に注視する必要がある。

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

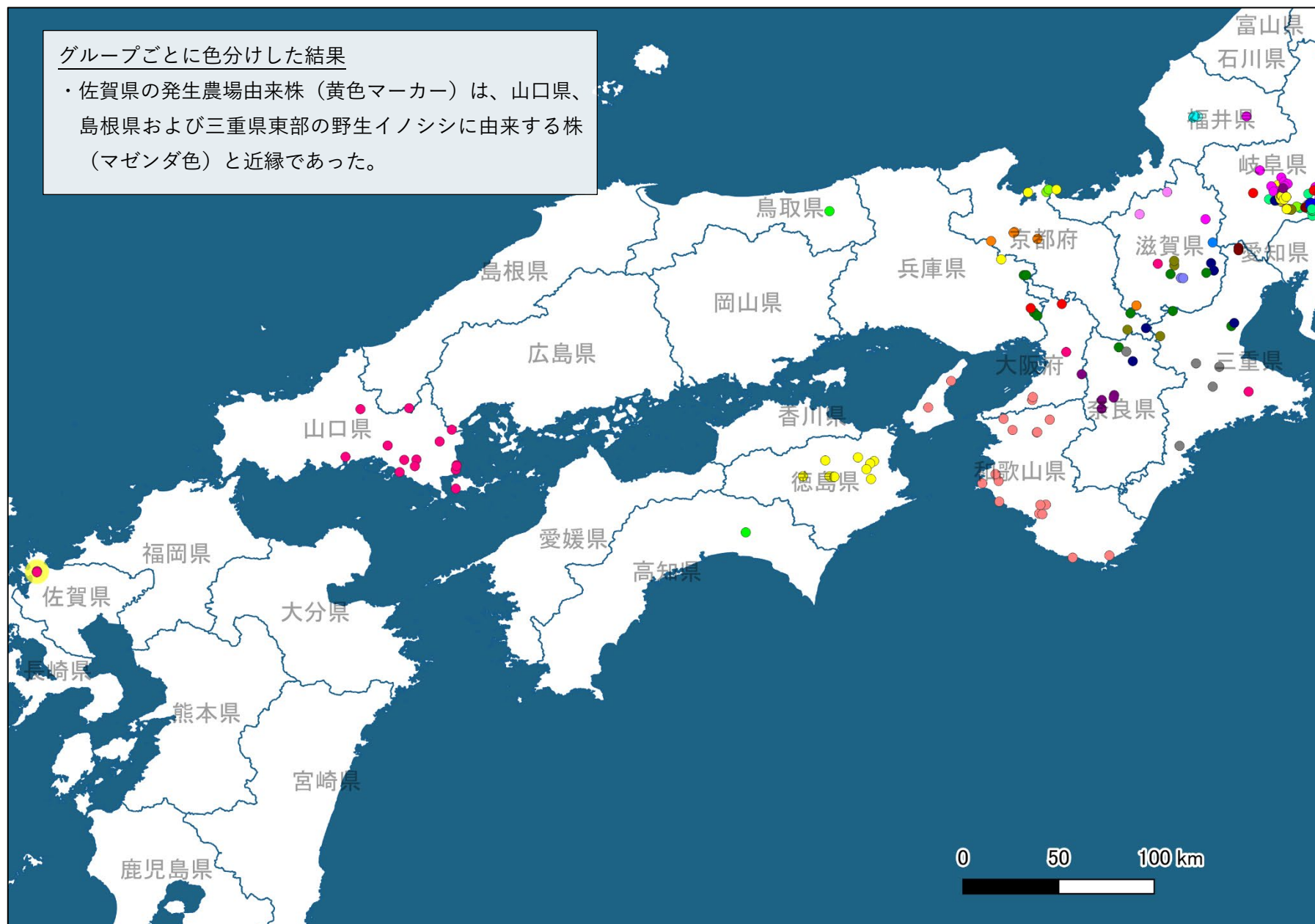
発生農場由来株 95 株（89 例目まで（関連農場を含む、84 例目を除く））

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



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。



佐賀県の発生農場由来株（88 例目、89 例目）から分離されたウイルスと 山口県の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】

- ・ 88 例目の農場由来株 3 株、89 例目の農場由来株 7 株と、これらの株にもっとも近縁の山口県の野生イノシシ由来株の全ゲノムを比較した。
- ・ 全ゲノムのうち、上記の 11 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。なお、これらの座位はいずれも連続していなかった。

【結果】

- ・ 88 例目および 89 例目の農場由来株は、山口県のイノシシ株と比較して多くの変異が入っており、そのほとんどは両農場由来株の全てに共通していた（青色）。
- ・ 88 例目由来の 3 株に共通する変異が 4 箇所認められ（赤色）、これらの変異は 89 例目のいずれの株にも認められなかった。
- ・ 88 例目と 89 例目の全ての分離株に共通している変異（青色）以外の変異は、88 例目または 89 例目のそれぞれの中で排他的に認められた。

【考察】

- ・ 以上のことから、89 例目由来のウイルスは 88 例目由来のウイルスよりも流行の上流に位置すると考えられた。

遺伝子	F_UTR	NPpro	Core	Erns		E1		E2	NS2		NS3		NS4B	NS5A		NS5B	
山口イノシシ (221005)				C				T	T		T			G	T	G	
佐賀89例目	C			G		T	A	C	C	T		T	G	C			T
	C	G		G		T	A			T			G				
	C			G		T	C	A		T			G		G	T	
	C			G		T	A			T			G			T	
	C			G		T	A			T			G		C		
	C			G		T	A			T			G		C	T	
	C			G	C	T	A		G	T	T	A	T		T	G	
佐賀88例目	C		G	G		T	A			T			G		T		
	C	C	T	G		T	A			T			G		T		
	C	C	T	G		T	A			T			G	G		T	