

発生を引き起こしたウイルスの遺伝子解析



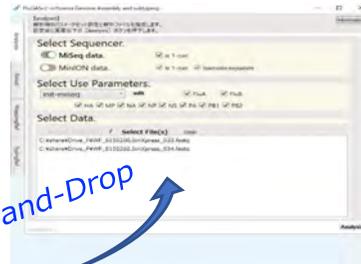
ウイルス遺伝子解読用
試料調整



NGSで解読

大量遺伝子データ

Drag-and-Drop



データ解析

A・B型別と亜型の出力
ウイルスゲノム情報への自動変換
データベース登録用ファイルの自動作成

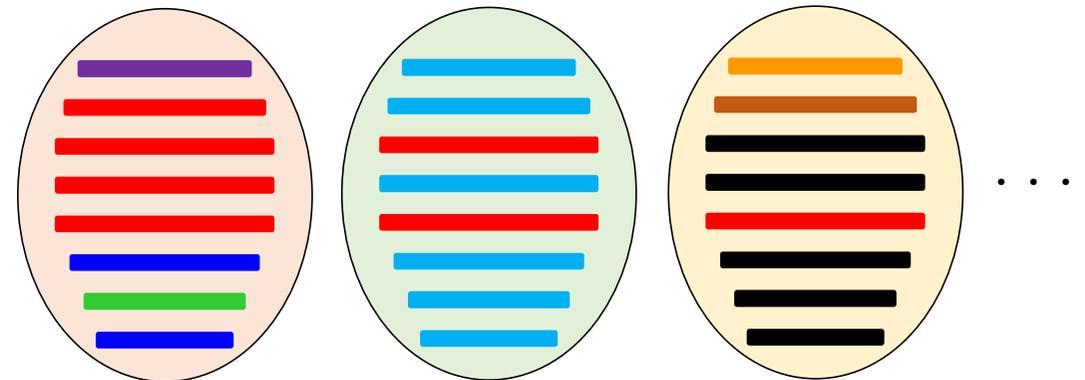
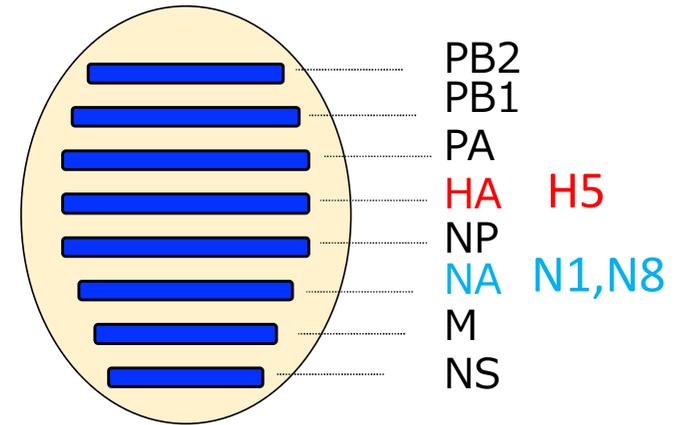
家畜衛生

- ・ウイルス遺伝型、伝播経路の推定
- ・鶏への病原性推定/人への感染リスク/薬剤耐性推定

公衆衛生

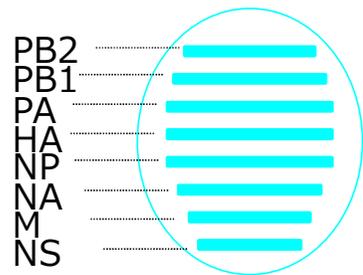
- ・地方自治体 衛生研究所への導入
- ・季節性インフルエンザ薬剤耐性ウイルス推定

A型インフルエンザウイルス
遺伝子分節構成



遺伝子分節の組み合わせで遺伝子型を決定

G2d



G2d-0

H5N1亜型 (10/11事例)



G2d-4

H5N5亜型

2種類

G2c



G2c-12

H5N6亜型 (1/11事例)

1種類

G2a



G2a-2

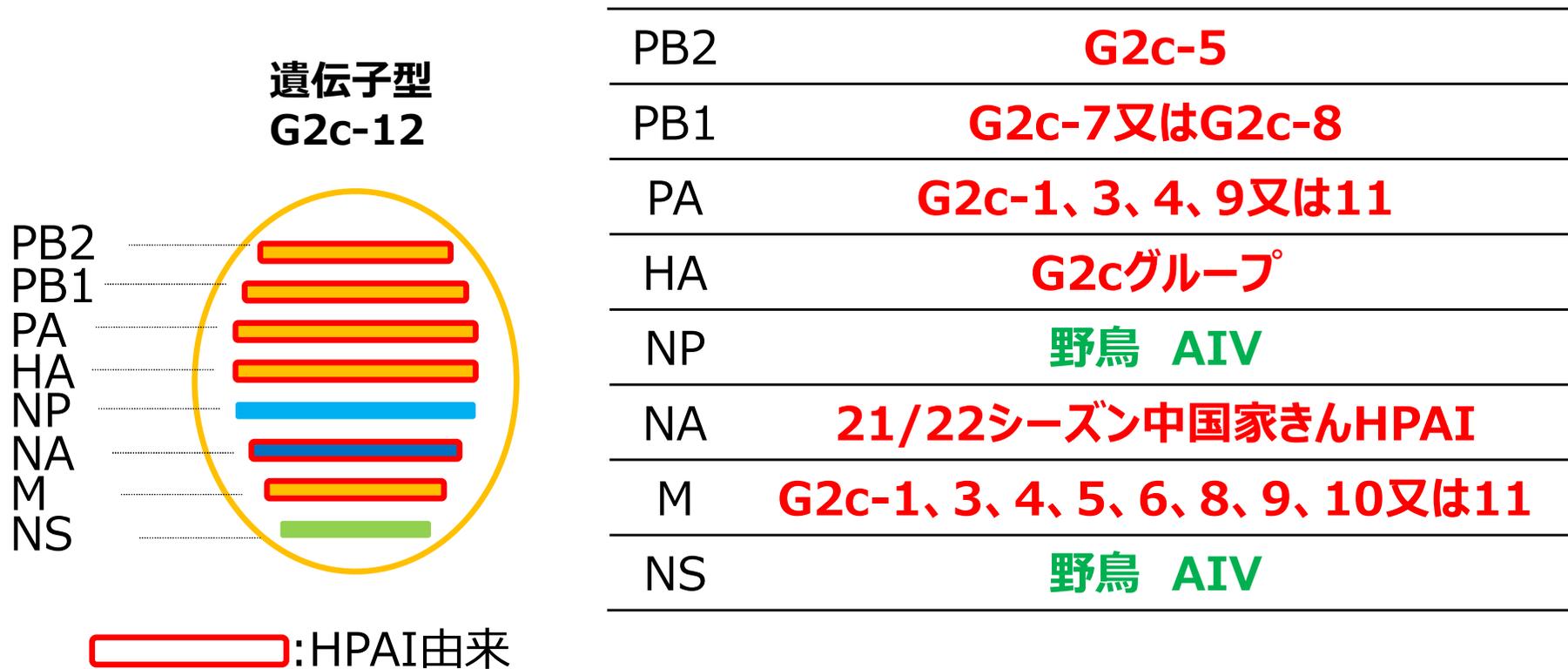
H5N5亜型

1種類

[] : 野鳥・環境試料のみ検出

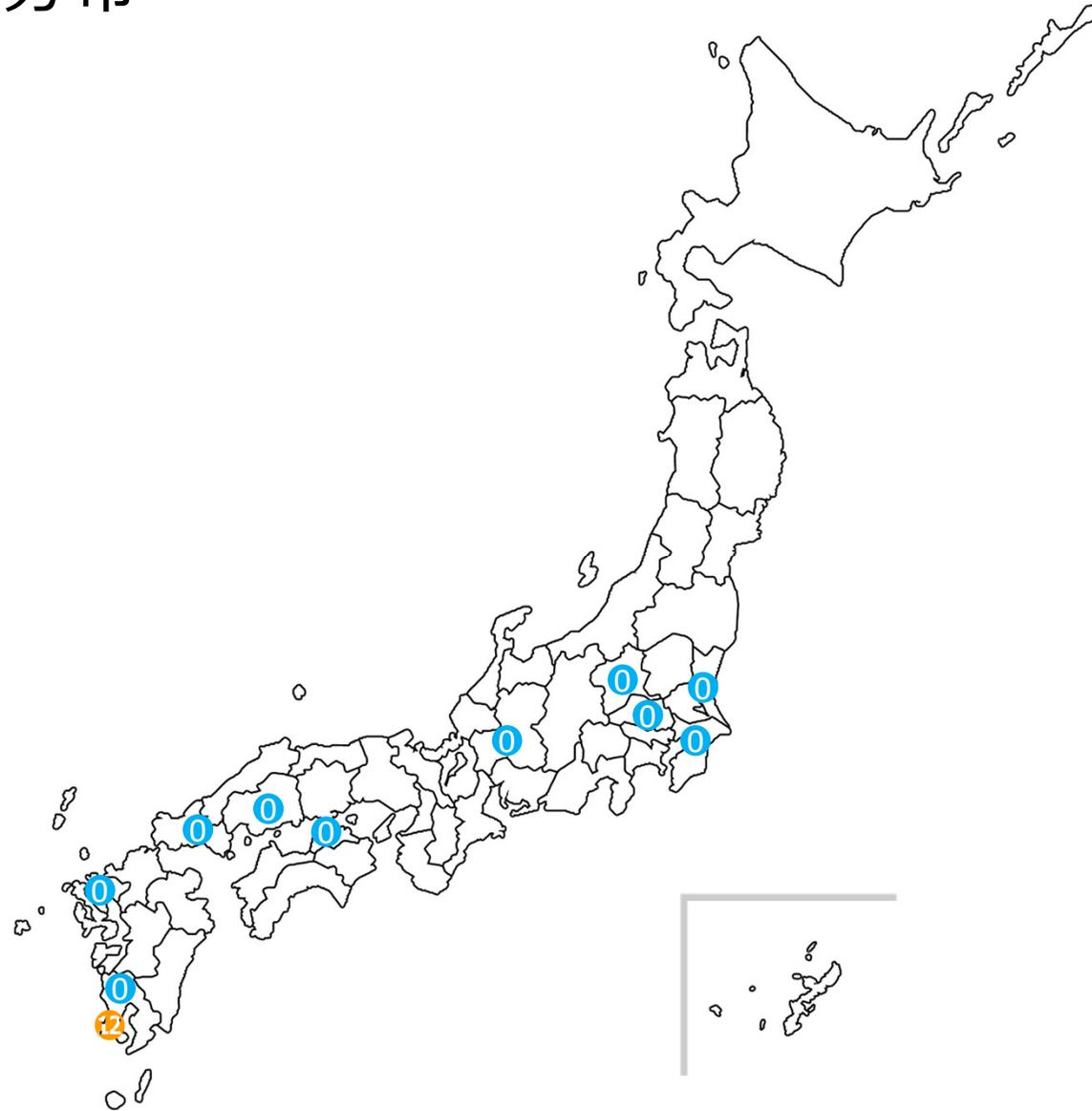
 : HPAI由来
 : HPAI由来
 : HPAI由来
 : AIV由来
 : AIV由来
 : AIV由来

23/24シーズンの国内の家きんで新たに検出された H5N6亜型HPAIVの遺伝子分節の由来



22/23シーズン国内ウイルスのHA遺伝子解析によりG2cグループに分類されたウイルスの遺伝子型はG2c-1からG2c-11に分類された。G2c-12はそれらと共通した遺伝子分節と国外のHPAIやAIVの遺伝子分節を保有していた。

発生農場由来の高病原性鳥インフルエンザウイルス の遺伝子型の分布

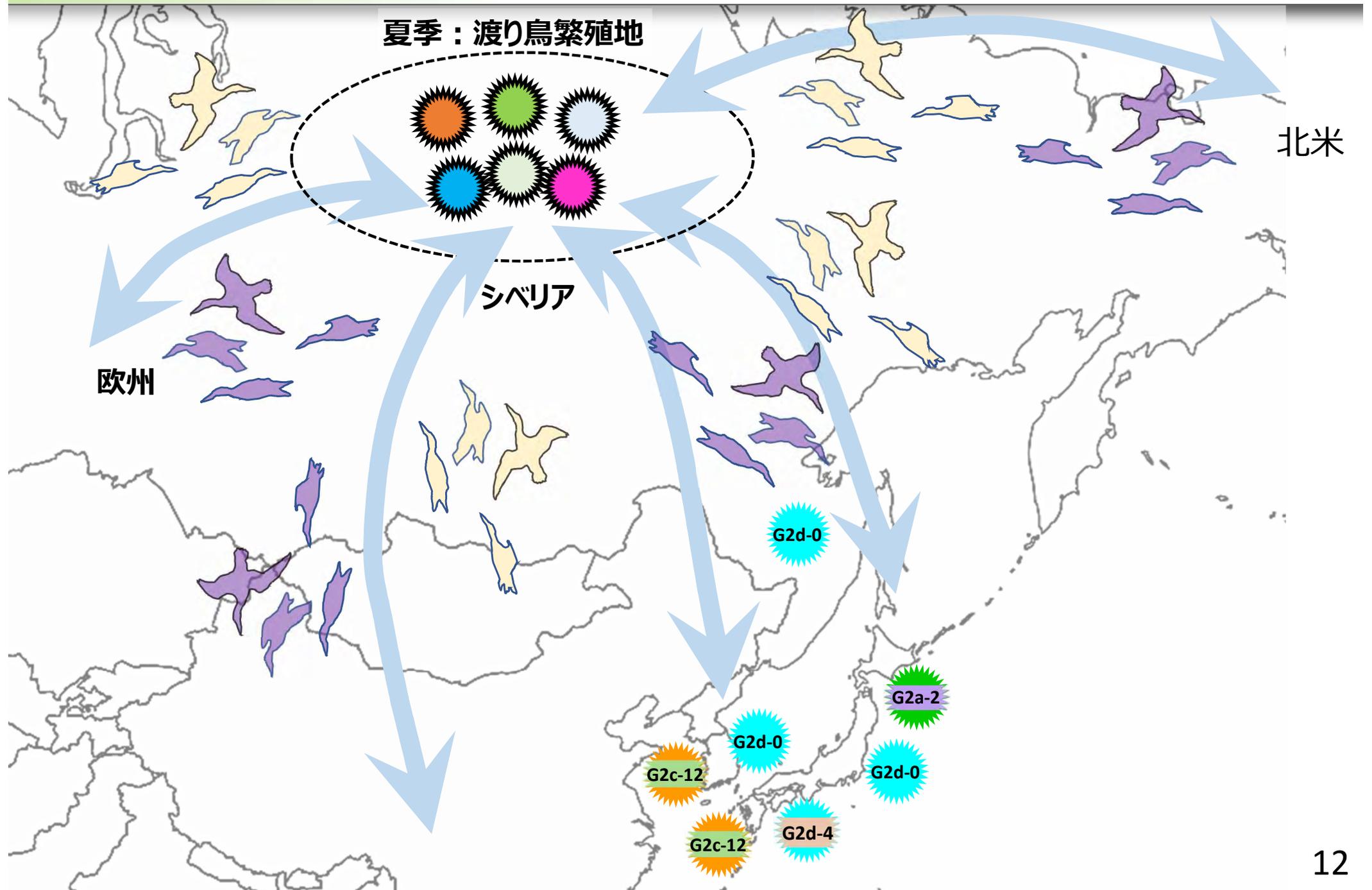


2023年11月25日-2024年4月29日

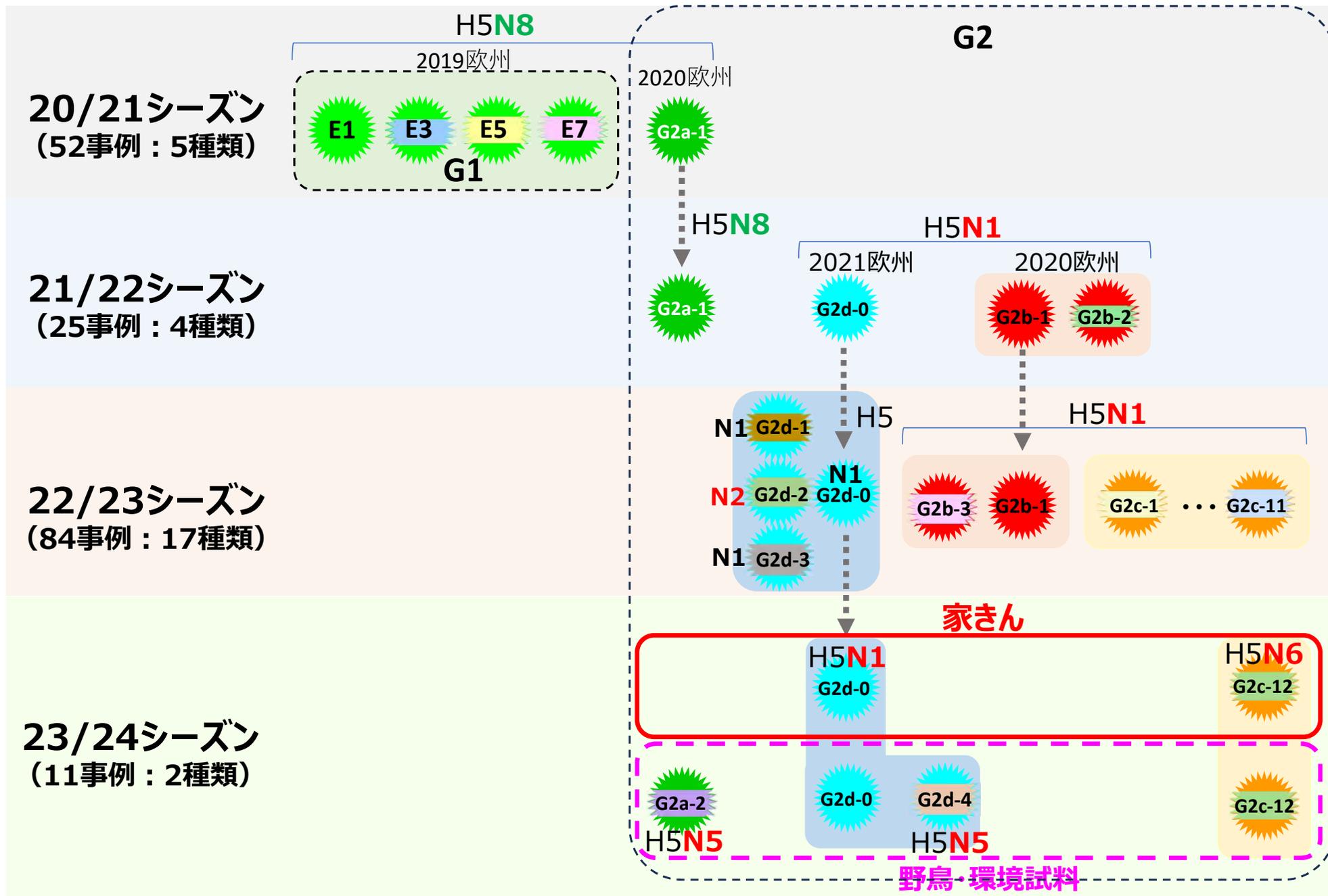
0 : G2d-0

12 : G2c-12

国内への高病原性鳥インフルエンザウイルスの 移動経路の推定



20/21から23/24シーズン発生ウイルス遺伝子分節組み合わせによる遺伝子型の推移



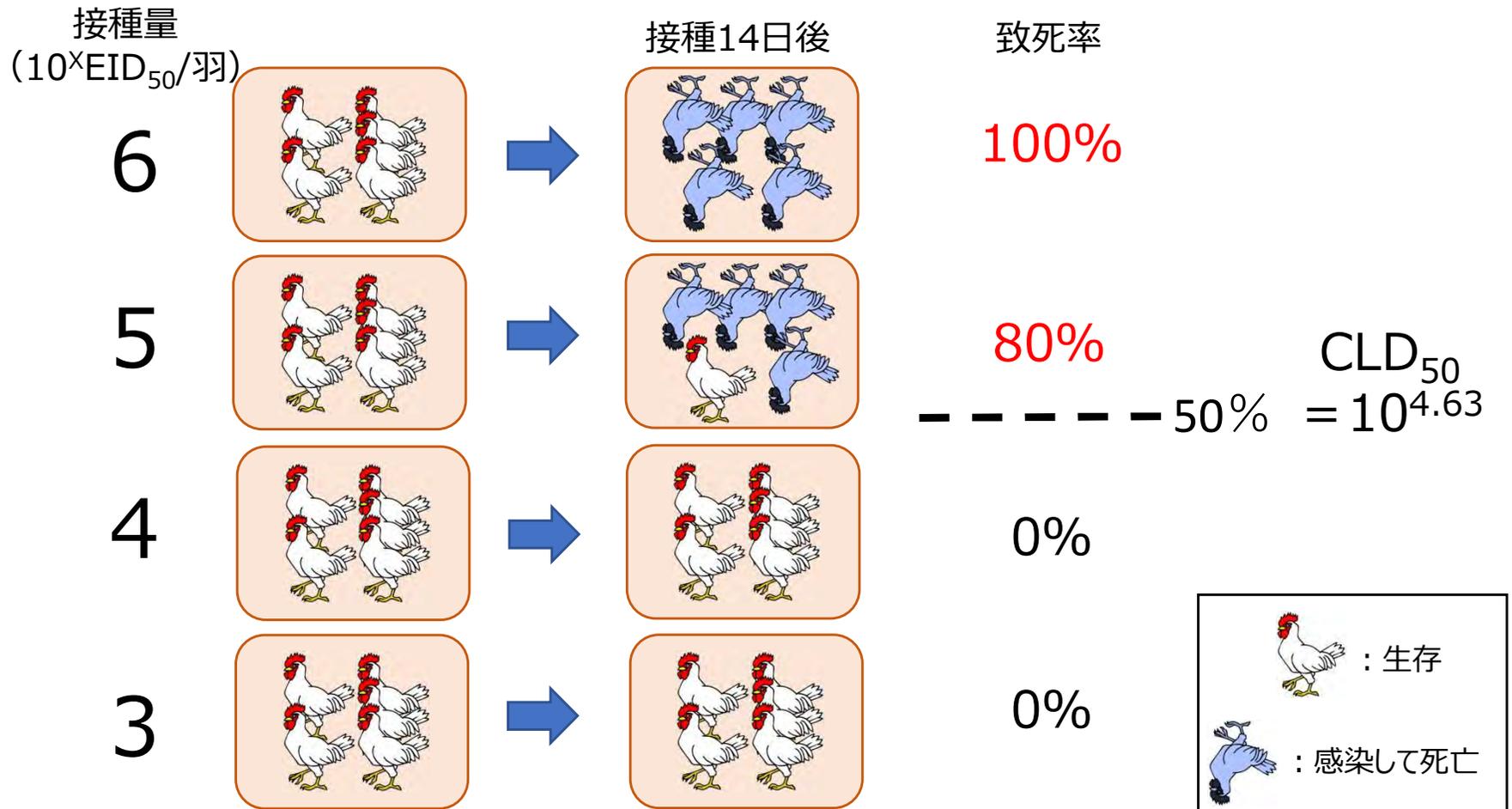
出典：令和2年度における高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書
 2021年～2022年シーズンにおける高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書
 2022年～2023年シーズンにおける高病原性鳥インフルエンザの発生に係る疫学調査報告書

発生農場の家きん及びその周辺で検出された ウイルスとの遺伝子相同性

事 例	検体	PB2	PB1	PA	HA	NP	NA	MP	NS
1事例目 (佐賀県)	家きんウイルス ハシブトガラスウイルス	99.6	99.8	99.8	99.9	99.7	99.7	99.6	99.7
4事例目 (鹿児島県)	家きんウイルス 発生前後環境水ウイルス 死亡野鳥ウイルス 発生後ハエウイルス	99.7 -99.9	99.7 -99.9	99.8 -99.9	99.5 -99.9	99.5 -99.7	99.9 -100	99.8 -100	99.8 -100
10事例目 (広島県)	家きんウイルス 隣鶏舎クマネズミウイルス 農場敷地内ハシブトガラスウイルス 発生後同市ハシボソガラスウイルス	99.5 -100	99.6 -100	99.3 -100	99.5 -99.8	99.4 -100	99.5 -100	100	99.6 -100

(%)

ウイルスの鶏への感染性確認
経鼻接種試験による50%鶏致死量の算出



鶏へのウイルス感染試験

	ウイルス名	遺伝子型	発生事例数	静脈内接種試験による致死率	6log ₁₀ EID ₅₀ 経鼻接種		鶏50%致死量 CLD ₅₀ (log ₁₀ EID ₅₀)
					生存率	平均死亡時間 (日)	
21/22 R3	岩手22株	G2d-0	9	100%	0%	2.2	4.7
	北海道2	G2d-0	7	100%	0%	3.0	
	北海道1	G2d-1	1		0%	2.0	
	大分1	G2d-2	1		0%	2.0	
	岩手1	G2d-3	1		0%	2.1	
22/23 R4	香川1	G2c-1	3		0%	2.0	
	茨城1	G2c-2	5		0%	2.0	
	和歌山1	G2c-3	1		0%	2.0	
	兵庫1	G2c-4	1		0%	4.1	
	宮崎1	G2c-5	1		0%	4.9	
	香川2	G2c-6	2		20%	3.1	5.5
	宮崎2				0%	2.0	
	千葉1	G2c-7	5		0%	2.0	
	愛知1	G2c-8	30		0%	2.7	4.6
	広島1	G2c-9	6		0%	6.2	4.8
	岡山4	G2c-10	2		0%	2.0	
	埼玉4	G2c-11	1		0%	2.2	
23/24 R5	佐賀1	G2d-0		100%	0%	2.7	4.5
	鹿児島2	G2c-12		—	20%	2.3	4.6

今のところ国内での発生ウイルスは、**国外から渡り鳥により運ばれてくる**と考えられる。

近年の世界での感染状況から、**今年度もウイルスの侵入は大いにありうる状況**である。

これまでの解析により**多様なウイルス**が認められた。**野鳥を含めた環境中のウイルスの濃度が高まっており、様々な遺伝子再集合ウイルス**が出現する機会が増えている。様々な遺伝子再集合ウイルスの**動物に対する感染性や病原性も変化する可能性も高い**。

家きんでの発生は、

- ①**野鳥の行動変化、感染状況などの環境要因**
- ②**ウイルスの性質（感染性、病原性の強さ）**
- ③**飼養衛生管理の対策状況**

など様々な要因が関与する。

これらの要因のうち、①や②について調査研究による情報提供、③については農場における飼養衛生管理の対策が重要となる。

本発表に当たり、ご協力いただきました方々に深謝いたします。

検体提供
10県家畜保健衛生所

診断及び遺伝子解析

人獣共通感染症研究領域・新興ウイルスグループ

宮澤 光太郎

常國 良太

峯 淳貴

佐久間 咲希

熊谷 飛鳥

高舘 佳弘

西浦 颯

農林水産省動物医薬品検査所

小林由佳

農林水産省動物検疫所

大水 萌

太田 麻未