

野鳥が保有するニューカッスル病ウイルスに関する研究

研究期間	平成 23 年度～平成 24 年度
課題番号	2306
研究実施機関	(独)農業・食品産業技術総合研究機構(動物衛生研究所)
研究概要	<p>ニューカッスル病は高病原性鳥インフルエンザと同様、野鳥による伝播が主要な感染ルートとして考えられているが、我が国では野鳥のサーベイランスがあまり行われていないことから、野鳥におけるウイルス保有状況と発生との関連性は明らかになっていません。</p> <p>そこで、本研究では、</p> <ul style="list-style-type: none"> (1)全国規模の野鳥におけるニューカッスル病ウイルスのサーベイランスを実施 (2)分離されたニューカッスル病ウイルスについて、遺伝子レベルでの解析ならびに国際基準に沿った病原性試験を実施 <p>することにより、我が国の野鳥内における本ウイルスの保有状況及びその性状を分析しました。</p>
研究成果の概要	<p>2011～12 年の 2 年間の調査で、1021 検体のハトの糞便から 1 株、614 検体の水禽類糞便から 5 株のニューカッスル病ウイルスを分離しました。</p> <p>ハトから分離されたウイルスは、分子系統樹解析の結果、Class II Genotype6 であり、ロシアや韓国で分離されたウイルスに近縁であることがわかりました。また、当該株は、野外ハト間で維持されている可能性が示唆されました。</p> <p>一方、水禽糞便から分離された 5 株の NDV はその F 蛋白開裂部位のアミノ酸配列は全て非病原性株(弱毒型)の配列でした。同遺伝子を用いた分子系統樹解析の結果、平成 23 年度に分離された 3 株は Class II GenotypeI の系統であり、平成 24 年度に分離された 2 株は Class I Genotype5 の系統でした。ClassI に属する株の分離は我が国では初となります。今回分離された株は、ロシアや韓国で分離されたウイルスに近縁であることから、これらの国からウイルスの侵入が示唆されました。</p>

(注) 研究実施機関の名称は、研究終了時の名称を記載