

## 令和2年度動物用医薬品の事故防止・被害対応業務における病性鑑定由来ウイルスの性状調査成績概要

動物医薬品検査所では、平成7年度から動物用医薬品の使用に伴う事故防止・被害対応業務として、変異や変遷が生じやすい微生物あるいは野外微生物環境変化の指標となる微生物を対象として、関係機関から各種微生物株の収集を行っている。収集した微生物株については、各種試験等を実施し、それら試験成績に関する情報提供をしており、令和2年度に収集（令和元年～令和2年の間に収集されたもの）した豚サーコウイルス2型（PCV2）、豚サーコウイルス3型（PCV3）及び豚繁殖呼吸障害症候群ウイルス（PRRSV）について調査成績をまとめたので、その概要を報告する。

分子系統樹解析は、サンガーシーケンス法により得られた塩基配列の分子系統樹解析（MEGA X ソフトウェア、近接結合法（1000ブートストラップ））を行い、遺伝子型又はクラスター分類を行った。

### 1. 豚サーコウイルス2型（PCV2）

22農場30個体由来のサンプルからPCRにより検出したPCV2について、open reading frame（ORF2）の塩基配列の分子系統樹解析を行い、遺伝子型分類を行った。その結果、個体ごとの各遺伝子型の割合は、PCV2d-2が最も多く83.3%（25/30）、次いでPCV2b 10%（3/30）、PCV2a 6.7%（2/30）であった。また、農場単位では、PCV2d-2 77.3%（17/22）、次いでPCV2b 13.6%（3/22）、PCV2a 9.1%（2/22）であった。なお、収集期間において、同一農場で異なる遺伝子型の発生したものはなかった。PCV2d-2が最も多い結果は、既報（小池ら、2018）における近年国内で浸潤している遺伝子型の傾向と一致するものであった。

### 2. 豚サーコウイルス3型（PCV3）

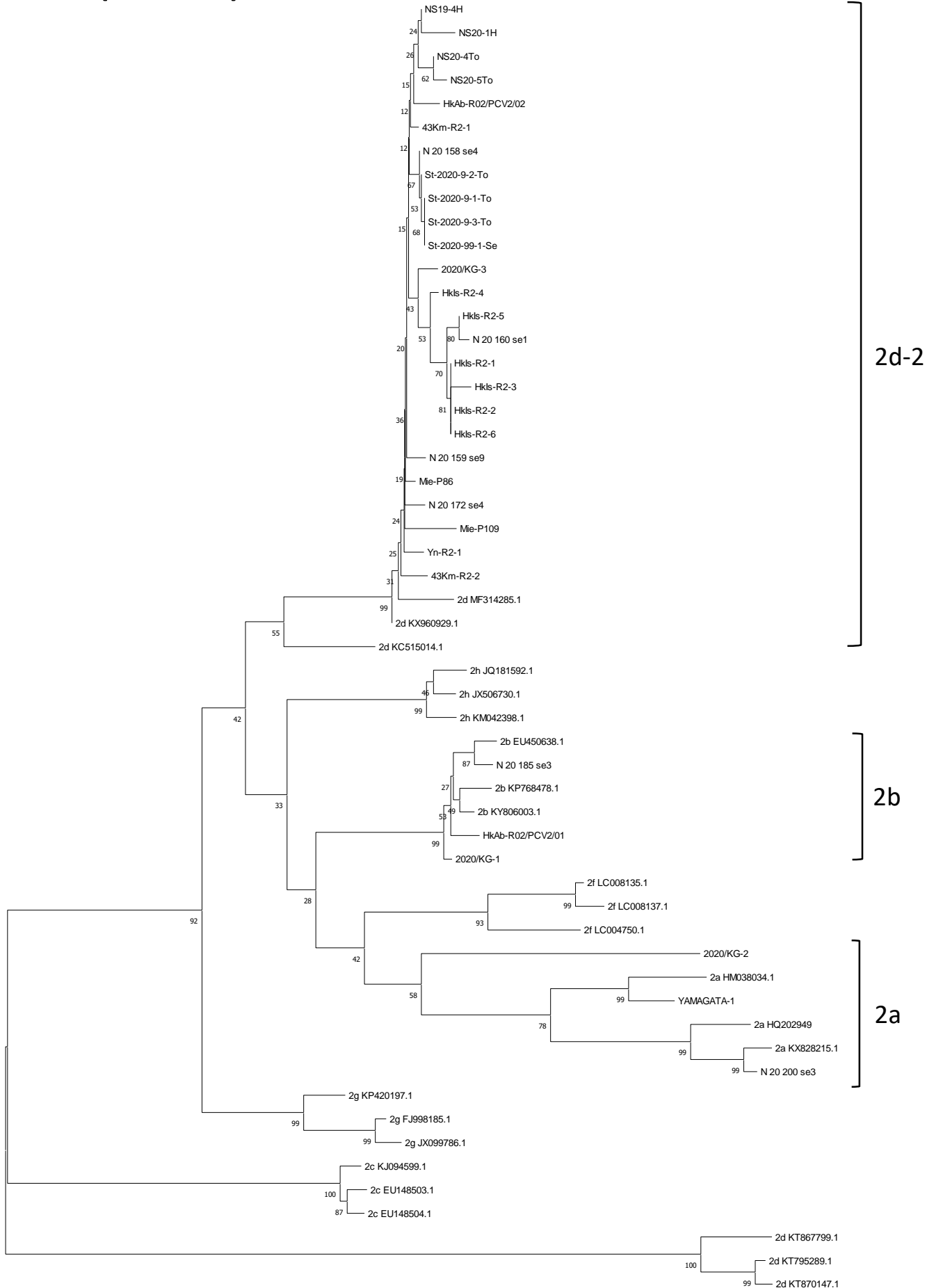
5農場9個体由来のサンプルからPCRにより検出したPCV3について、ORF2の一部の塩基配列の分子系統樹解析を行い、遺伝子型分類を行った。その結果、個体ごとの各遺伝子型の割合は、PCV3a2が最も多く55.6%（5/9）で、このほかのサンプルはPCV3a1（4/9）に分類された。農場単位ではPCV3a2 60.0%（3/5）、PCV3a1 40.0%（2/5）であった。なお、収集期間において、同一農場で異なる遺伝子型の発生したものはなかった。

### 3. 豚繁殖・呼吸障害症候群ウイルス（PRRSV）

14農場24個体由来のサンプルからPCRにより検出したPRRSVについて調査した。その結果、全てのPRRSVは北米型であるBetaarterivirus suid2であった。また、ORF5の塩基配列の分子系統樹解析によるクラスター分類では、個体ごとの各クラスターの割合は、多いものからクラスターII 45.8%（11/24）、クラスターIV 37.5%（9/24）、クラスターIII 12.5%（3/24）、クラスターI 4.2%（1/24）であった。また、農場単位では、多いものからクラスターIV 57.1%（8/14）、クラスターIII 21.4%（3/14）、クラスターII 14.3%（2/14）、クラスターI 7.1%（1/14）であった。なお、収集期間において、同一農場で異なる遺伝子型の発生したものはなかった。

1. 小池郁子, 村田 知, 大井宗孝, 村上 賢: 2009～2016年に国内の健康豚から検出された豚サーコウイルス2型の遺伝子型の変化, 日獣会誌, 72 481～486 (2019)

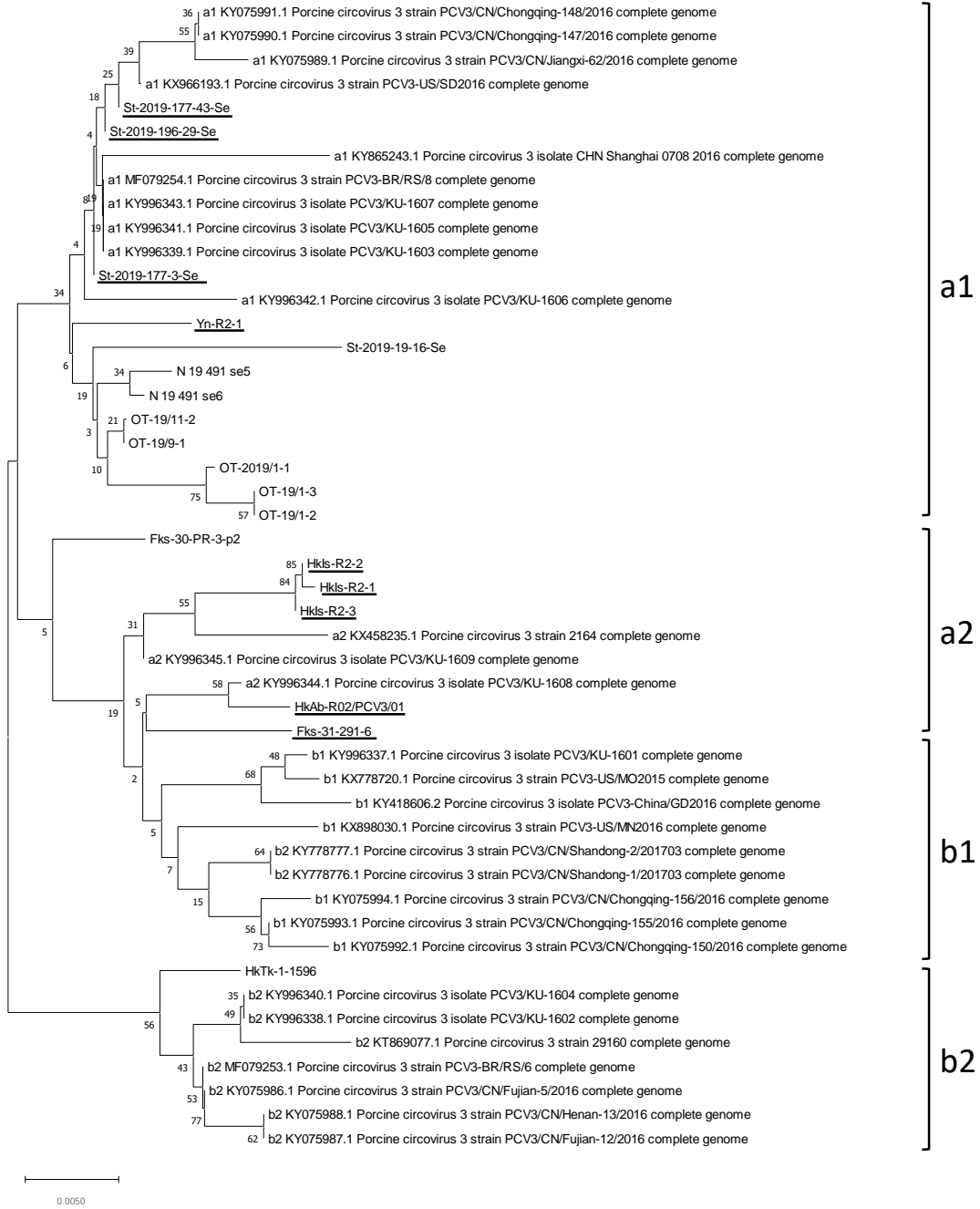
# PCV2(ORF2)



0.020

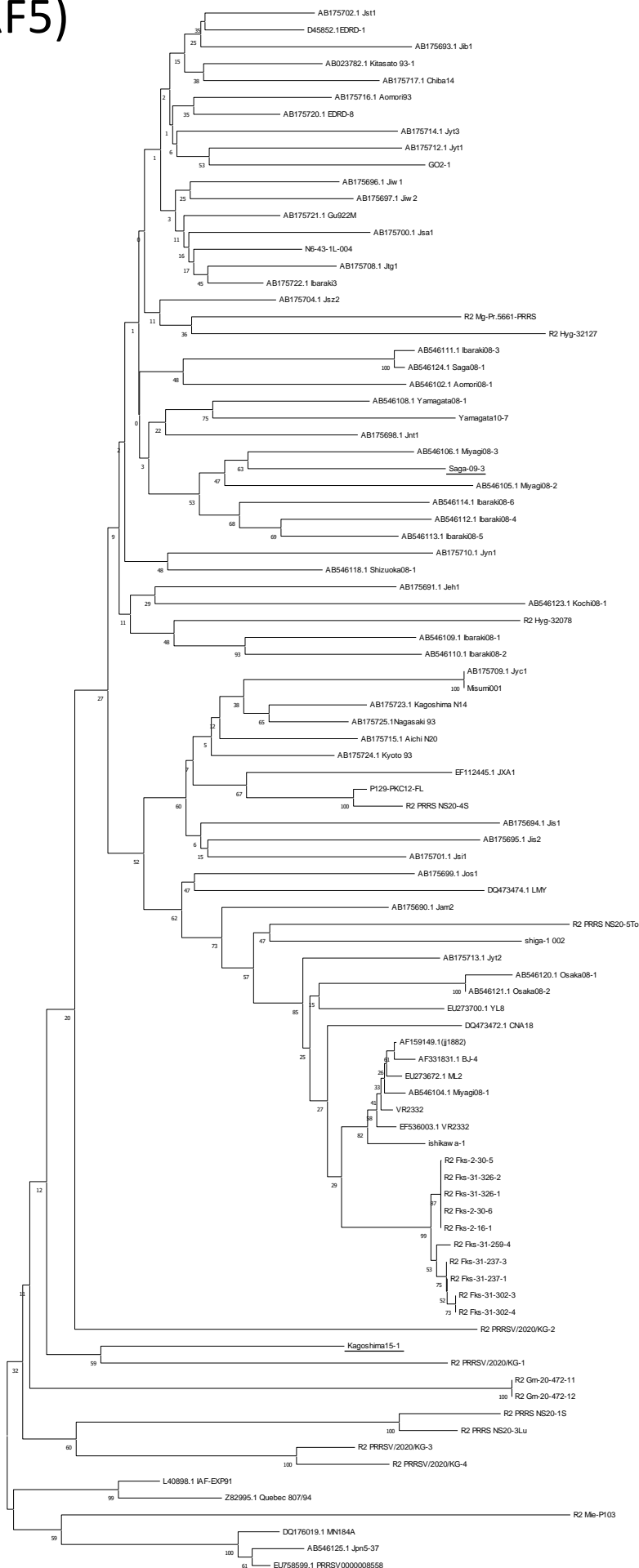
※ MEGA X (近接結合法、1000bootstrap)による

# PCV3(ORF2の一部)



※ MEGA X (近接結合法、1000bootstrap)による  
 ※ 下線：R2年度収集株 (系統樹作成のため、R1年度収集株も使用)

# PRRS(ORF5)



Cluster III

Cluster I

Cluster V

Cluster II

Cluster IV

※ MEGA X (近接結合法、1000bootstrap)による  
 ※下線の株は国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構動物衛生研究部門より提供を受けたものである