

国内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

1. 方法

(1) 使用データ

日本分離株 262株
農場由来株 73株
(65例目まで (関連農場を含む))
イノシシ由来株 189株
中国由来参照株 1株

(2) 遺伝子解析

- ・日本分離株については、ウイルス分離の後、Ion PGMを用いて遺伝子全長の配列を決定
- ・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
- ・RaxML-NGで最尤系統樹を作成
- ・中国株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 (1層～12層) で68グループに分類
- ・第4層の47グループで色分けした (地図も同じ)
(色の種類が多すぎると識別できないため)

2. 結果

- ・和歌山県で確認された62例目、奈良県で確認された63例目、及び三重県で確認された65例目の発生農場から分離されたウイルスはいずれも、これらの農場の周辺と、岐阜県から近畿地方にかけて確認された感染野生イノシシ由来のウイルスと近縁であった。
- ・群馬県で確認された64例目の発生農場から分離されたウイルスは、関東地方で確認された感染野生イノシシ由来のウイルスと近縁であった。

3. 考察

- ・62例目から65例目までの発生は、周辺地域の野生イノシシへの感染拡大によるものと考えられた。

解析：農研機構 動物衛生研究部門

国内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系統樹

比較対象とした中国分離株（2017年）

（系統樹の株名の表記の例）

● Case_46_Saitama_Honjo_191011[1-2-5-18: Gr 18]

県名 市町村 採材日

第4層のグループによる色

事例番号
農場：Case
イノシシ：WB

各層の塩基変異の識別番号
（この株は4層まで）

第12層のグループ番号

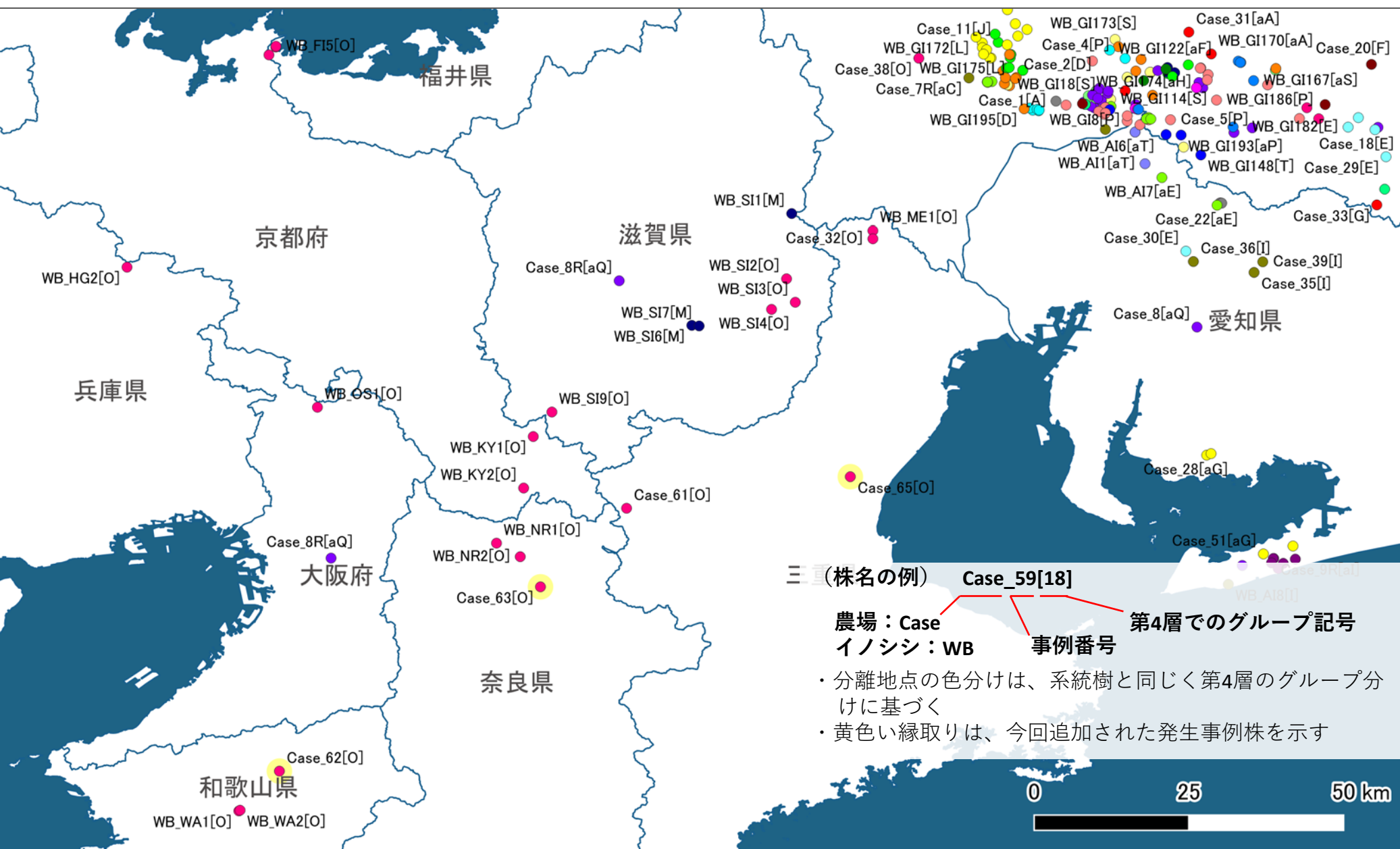
近畿地方関連

近畿地方で確認された、62、63、65例目の分離株は、いずれも周辺で確認されたイノシシ由来の株と近縁

群馬64例目関連

群馬県で確認された、64例目の分離株は、周辺のイノシシ由来株と近縁

近畿地方関連



関東地方関連

