

豚熱ウイルスの全ゲノム情報を用いた遺伝子解析 (100 例目について)

全国の野生イノシシ由来株と 100 例目までの発生農場に由来する株について解析した。

解析の方法

(1) 使用データ

日本分離株 1063 株

発生農場由来株 108 株 (100 例目まで)

野生イノシシ由来株 955 株

(2) 遺伝子解析

- ・感染野生イノシシ由来のサンプルについては、都道府県ごとの株の解析状況、野生イノシシの発見地点、当該個体の抗体保有状況などから対象株を選定して解析した。
- ・血液や体組織のサンプルから次世代シークエンサー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。
- ・RAxML-NG で最尤系統樹を作成した (塩基置換モデル GTR、ブートストラップ検定 1000 回)。
- ・最尤系統樹のうち、ブートストラップ検定による支持率が 50% 未満の分岐を省略したあと、同一分岐に属する株を階層的に同一グループとして判定した。ただし、グループ内の株が全体の 1% 未満の場合は、そのグループ内のすべての株に共有され、系統樹の近傍株で共有されない塩基変異が認められた場合に限って、同一グループと判定した。
- ・発生農場由来株について、その株が属するグループを祖先側にたどり、当該株より前に確認された株のうち、その階層で当該株と同じグループに属し、その階層の一つ下の階層でどのグループにも属さない株を祖先株として特定した。特定された祖先株について、当該株に近い順に濃い色で地図上に示した。農場由来の株については農場番号 (「100 例目」など) のラベルを付した。ラベルのない株は野生イノシシ由来の株であることを示す。また、発生農場が密集している場合は、ラベルが表示されない場合がある。

解析：農研機構 動物衛生研究部門

1. 100 例目 (群馬県) に関する解析



100 例目（群馬県）由来株と当該農場の前回発生時の株との比較

100 例目（2025 年 10 月）の発生農場由来株について、前回発生時（2021 年 8 月、71 例目）の株と比較したところ、両者は大きく異なっており、今回の発生では新たに農場周辺の野生イノシシ由来のウイルスが侵入したものと考えられた。

