

豚熱ウイルスの全ゲノム情報を用いた遺伝子解析

(101～105 例目及び鹿児島県、長崎県、宮崎県及び静岡県野生イノシシ由来株について)

全国の野生イノシシ由来株と 105 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 1250 株

発生農場由来株 113 株※ (105 例目まで)

野生イノシシ由来株 1137 株

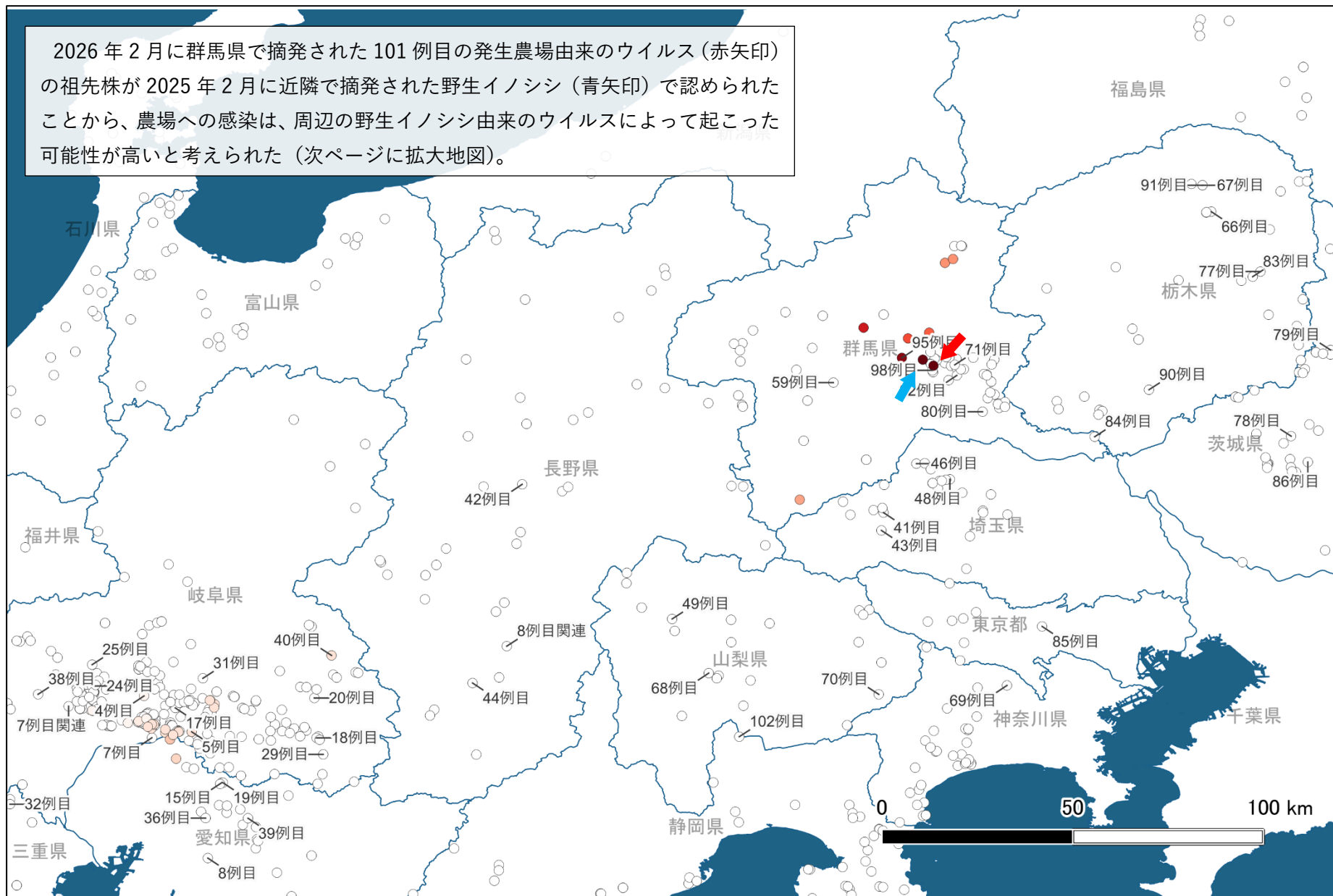
※ 静岡県の発生農場間の関係の検討では、上記の 113 株とは別に、当該農場由来の株を同一農場から複数追加して解析した。

(2) 遺伝子解析

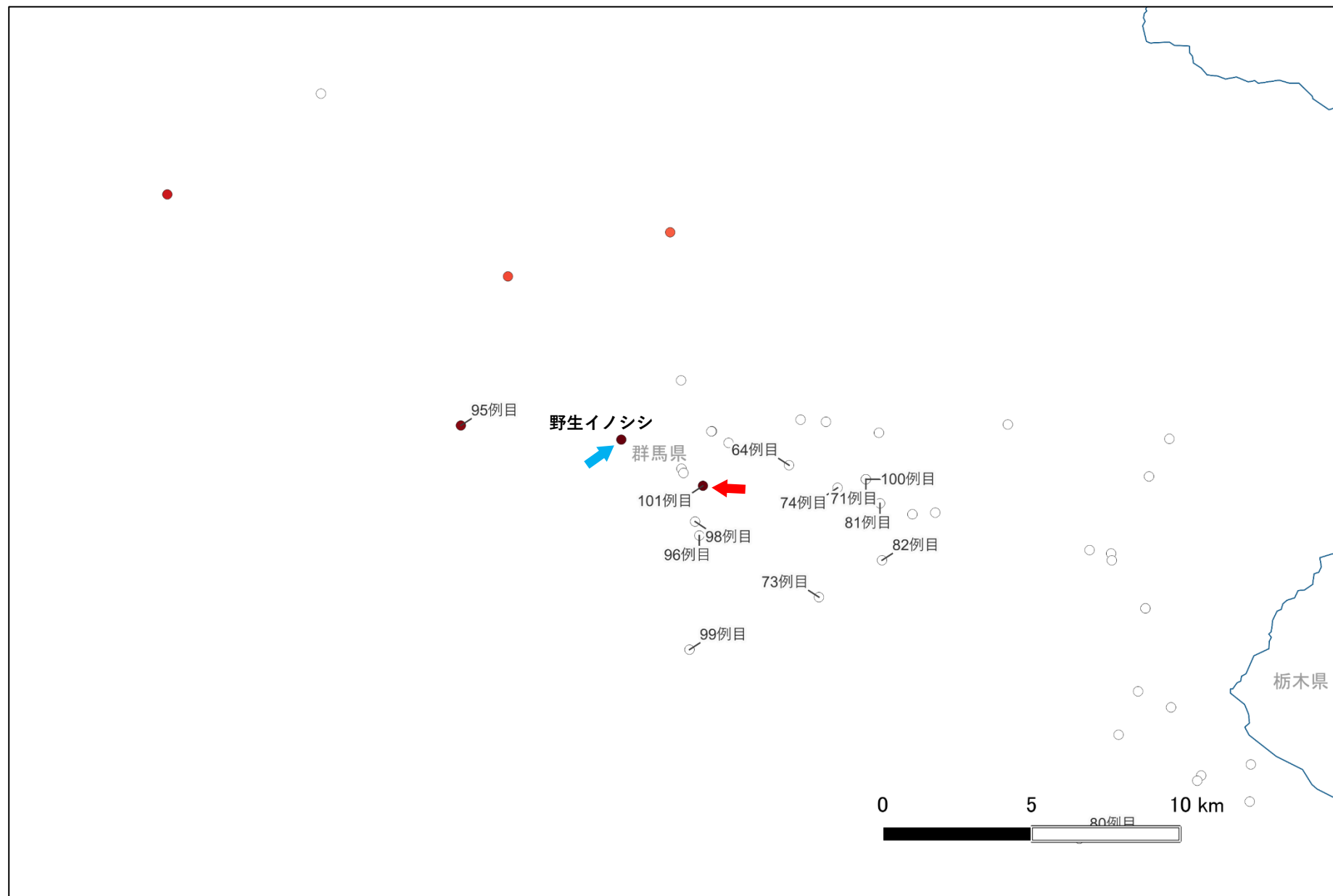
- ・感染野生イノシシ由来のサンプルについては、都道府県ごとの株の解析状況、野生イノシシの発見地点、当該個体の抗体保有状況などから対象株を選定して解析した。
- ・血液や体組織のサンプルから次世代シーケンサーを用いてウイルスゲノムのほぼ全長の配列を決定した。
- ・MAFFT でアライメントを行い、11,826 塩基 (3,884 アミノ酸) を解析に利用した。
- ・RAxML-NG で最尤系統樹を作成した (塩基置換モデル GTR、ブートストラップ検定 1000 回)。
- ・最尤系統樹のうち、ブートストラップ検定による支持率が 50%未満の分岐を省略したあと、同一分岐に属する株を階層的に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 (shared SNV) 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 (株の由来を検討する上での指標となる株であり、実際にこの株が祖先であることを示すわけではない)。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. 101 例目（群馬県）に関する解析



101 例目（群馬県）由来株の摘発地域の拡大地図



2. 102、104、105 例目（静岡県）に関する解析

102 例目（2026 年 3 月）、104 例目（2026 年 5 月）及び 105 例目（2026 年 7 月）に静岡県で摘発された発生農場由来のウイルス（赤丸）は互いに近縁であり、これらと最も近縁の祖先株（青矢印）は 2024 年 12 月に農場から約 40 km 離れた山梨県内で摘発された野生イノシシで認められたが、農場周辺には祖先株が認められなかったため、引き続き解析を進める必要があると考えられた。この祖先株よりも発生農場由来株に近縁な株（緑丸）が、当該発生農場により近い場所で確認された野生イノシシで認められたが、これらの株には発生農場由来株にはない変異（shared SNV）が認められており、発生農場由来株の祖先株とは言えなかった（次ページの系統樹も参照）。



静岡県 102、104、105 例目の系統樹解析（関連部分のみの抜粋）



<前ページの系統樹について>

系統樹からは以下のように推定されたが、豚熱ウイルスの全ゲノム解析の結果が得られているのは地域に生息していた感染野生イノシシのごく一部であるため、実際には、現時点では観測されていない、102、104 及び 105 例目の感染源となった株が存在した可能性があることに注意が必要であり、引き続き検査・分析を進める必要がある。

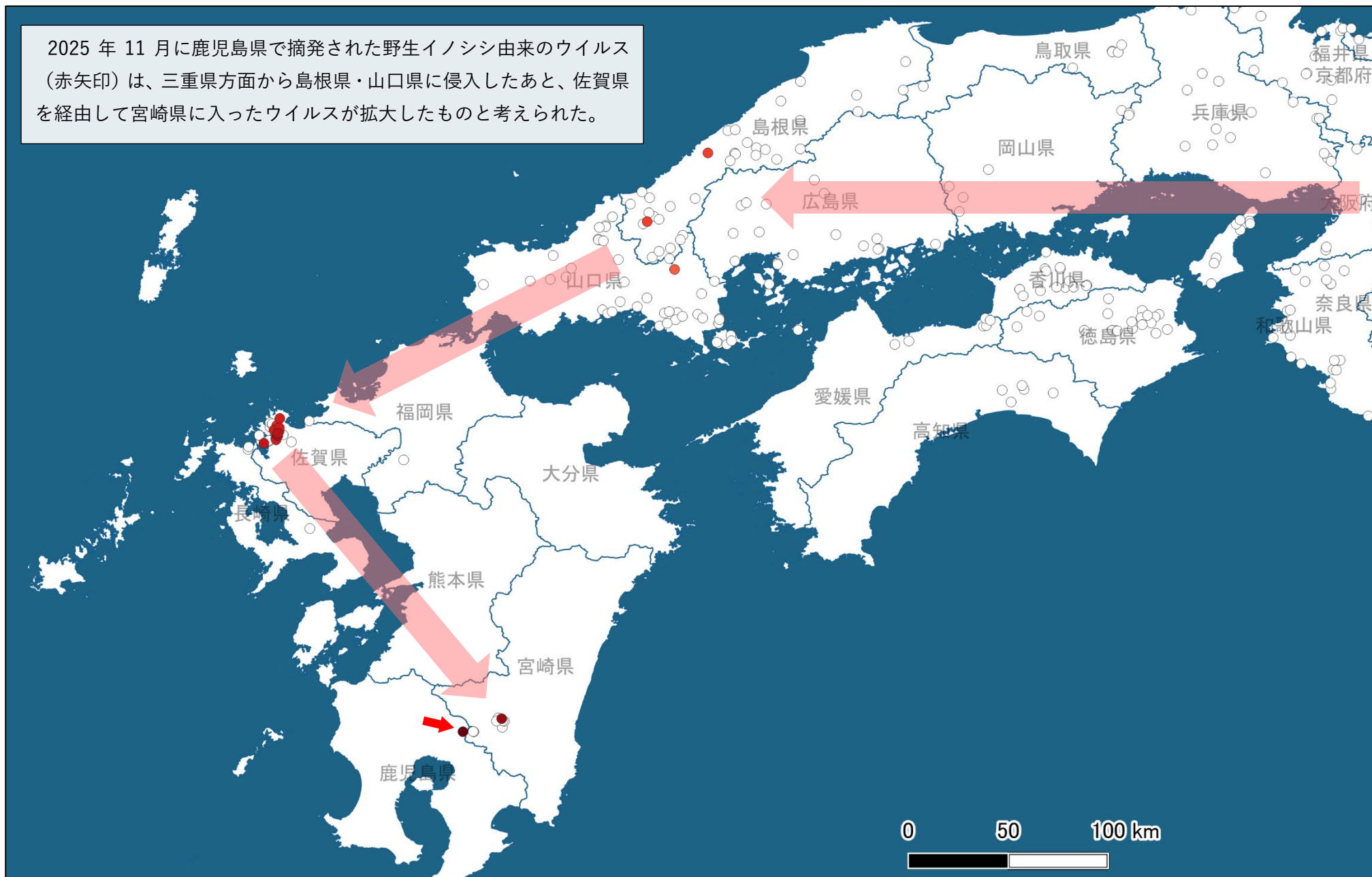
系統樹解析の結果、102 例目由来のウイルスと 104 例目由来のウイルスは共通の祖先（オレンジ矢印）を持ち、さらにこの共通祖先は、105 例目のウイルスと共通の祖先（赤矢印）を持つと推定された。こうした祖先にあたる野生イノシシ由来のウイルスは認められていないことから、105 例目の農場が 102 例目と 104 例目の感染源となった可能性や、104 例目の農場が 102 例目または 105 例目の農場から感染した可能性が考えられた。この場合、105 例目の農場由来のウイルスが、102 例目、104 例目と 105 例目の共通祖先にあたる株から相当変異している（105 例目の株に至る横方向の枝が長い）ことについては、農場内で数か月前から流行が続き、農場内で相当変異が起こったあと、最近になって感染を起こしたウイルスを採取した結果と考えることで説明できる。また、このように長い感染経過が想定されるにもかかわらず、105 例目農場由来の 2 株が同じ塩基配列を有していた（それぞれの株に直接至る横方向の枝がない）ことについては、これらの株が同一豚房内で同居する離乳豚 2 頭に由来しており、同じ遺伝子配列を有するウイルスに相次いで感染したと考えられることで説明できる。

なお、静岡県の 3 例の祖先株（青色の注釈）と発生農場由来株の間には発生農場周辺で確認された野生イノシシ由来株（緑色の注釈）があるが、これらの株は発生農場由来株には認められない変異（shared SNV）を有しており、発生農場由来株の祖先株とはいえなかった。

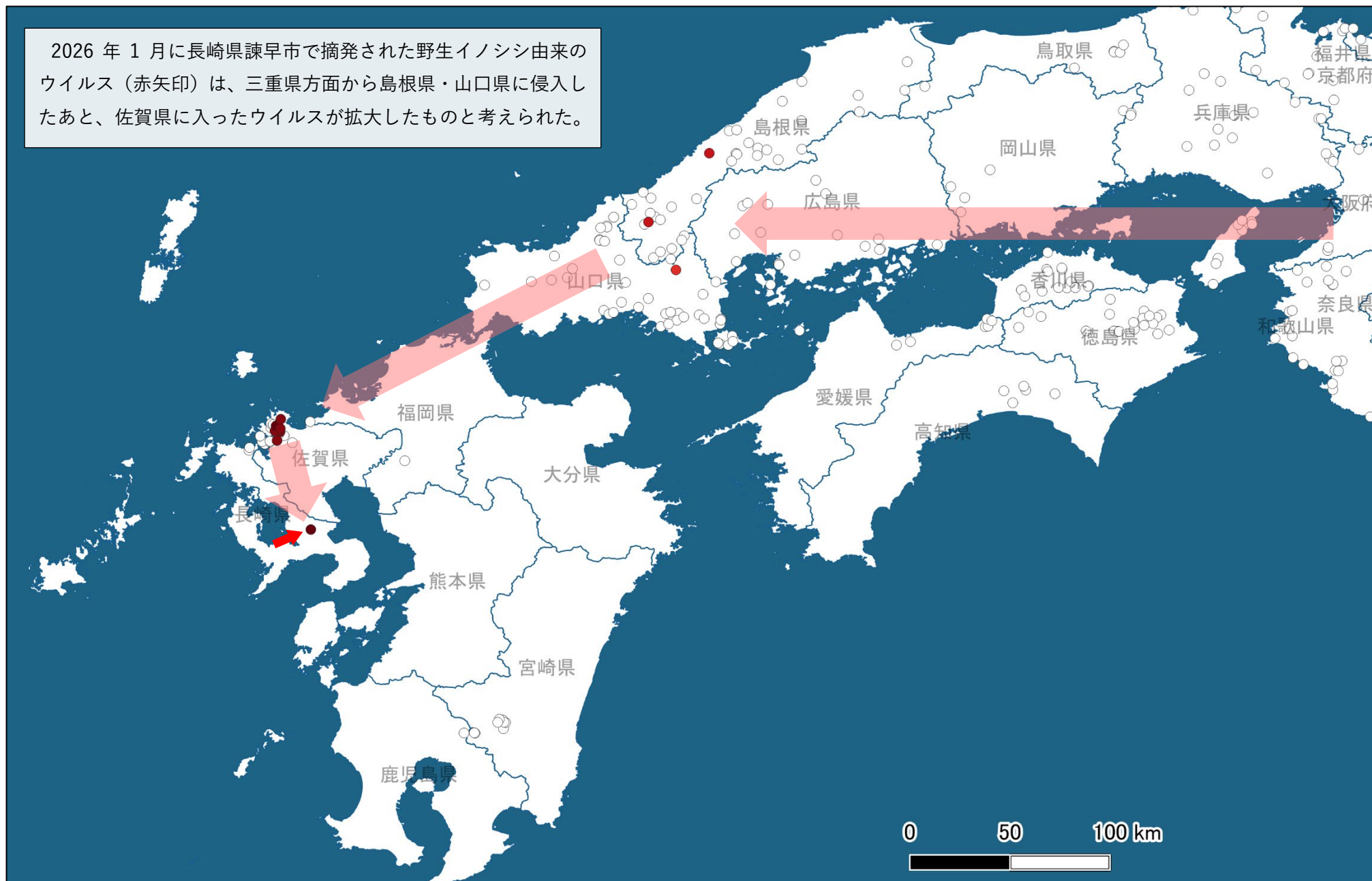
3. 103 例目（宮崎県）に関する解析



4. 鹿児島県の野生イノシシに関する解析



5. 長崎県諫早市の野生イノシシに関する解析



6. 宮崎県北部の野生イノシシに関する解析

