

本県の野生いのしし豚熱感染状況

県央家畜保健衛生所

平野 幸子 永野 未晴
森本 真弓 高山 環
小菅 千恵子 仲澤 浩江
英 俊征

はじめに

豚熱 (Classical swine fever) とは、豚熱ウイルス (以下、CSFV) の感染によって引き起こされる豚といのししの感染症で、強い伝染力と高い致死率を示す¹⁾。平成30年9月、国内で26年ぶりに岐阜県の養豚場において豚熱が発生したことを受けて、野生いのししを対象とした全国的なサーベイランスが開始され、令和6年1月時点で34都府県において豚熱感染野生いのししが確認されている²⁾。本県においても平成30年9月から死亡いのししのCSFV PCR検査を開始し、令和元年10月からは捕獲いのししのPCR検査と豚熱抗体検査を開始した。さらに、豚熱に加え諸外国で発生が見られるアフリカ豚熱の検査についても令和元年10月から開始した。本稿では、本県の約5年間における野生いのししの豚熱感染状況について報告する。

また、追加調査として、国内流行野外株の浸潤状況を把握することを目的に、CSFV PCR陽性検体に対するCSFV Genotype1型識別検査を実施した。さらに、宿主の免疫抑制をすることが示唆される病原体である豚繁殖・呼吸障害症候群 (以下、PRRSV) 及び豚サーコウイルス2型 (以下、PCV2) について、野生いのししのCSFV感染への関与を調べるため、浸潤状況調査を実施したので、併せて報告する。

材料と方法

1 CSFV PCR検査

(1) 材料

死亡いのしし臓器 (扁桃・脾臓・腎臓) 106検体 (採材日: 平成30年9月～令和5年11月末)

及び捕獲いのしし（血清）1,837 検体（採材日：令和元年10月～令和5年11月末）を供試した。

(2) 方法

抽出は、High Pure Viral Nucleic Acid Kit(Roche)を用いて実施し、PCR検査は特定家畜伝染病防疫指針「豚熱の診断マニュアル」³⁾に従い実施した。また、検査開始当初から令和5年5月まではコンベンショナルPCR法で実施し、以降はリアルタイムPCR法（CSFV/ASFV Direct RT-qPCR Mix&Prime/Probe with ROX Reference Dye TaKaRa）で実施した。

2 豚熱抗体検査

(1) 材料

死亡いのしし（血清）2 検体（採材日：令和元年10月～令和5年11月末）及び捕獲いのしし（血清）1,834 検体（採材日：令和元年10月～令和5年11月末）を供試した。

(2) 方法

酵素免疫測定法（豚熱エライザキットII ニッポンジーン）により実施した。

3 CSFV Genotype1 型識別検査

(1) 材料

CSFV PCR陽性94 検体（採材日：平成30年9月～令和5年10月末）を供試した。

(2) 方法

抽出は High Pure Viral Nucleic Acid Kit(Roche) を用いて実施し、PCR検査は、CSFV(Genotype1)Direct RT-qPCR Mix & Primer/Probe (TaKaRa) によるリアルタイムPCR検査を実施した。

4 PRRSV及びPCV2の浸潤状況調査

(1) 材料

CSFV PCR陽性96 検体（平成30年9月～令和5年11月末）及びCSFV PCR陰性95 検体（令和5年4月～令和5年10月末）の計191 検体について実施した。

(2) 方法

抽出は High Pure Viral Nucleic Acid Kit(Roche)を用いて実施し、PRRSVはORF6-7 遺伝子を標的とした既報⁵⁾に従い、PCV2はORF2 遺伝子を標的とした既報⁴⁾に従いコンベンショナルPCR検査を実施した。遺伝子解析は、PCV2 のORF2 遺伝子の配列をダイレク

トシークエンス法により決定し、得られたORF2 遺伝子領域の塩基配列データと GenBank データベースに登録されているPCV2 遺伝子 a~e の株のORF2 配列データを基にして、GENETYX ソフトを用いて近隣結合法により系統樹解析を実施した。

検査結果

1 CSFV PCR検査

死亡いのししで106 検体中38 検体、捕獲いのしし1,837 検体中60 検体の計98 検体で陽性となり、陽性率は死亡いのしし35.8%、捕獲いのしし3.3%で、死亡いのししの陽性率は有意に高い結果となった(表1)。

表1 CSFV PCR検査結果

検査年度	死亡いのしし			捕獲いのしし			総検体数 (n=1943)	
	検体数	陽性	陽性率	検体数	陽性	陽性率	陽性	陽性率
H30	7	0	0.0	-	-	-	0	0.0
R1	14	0	0.0	262	0	0.0	0	0.0
R2	14	3	21.4	573	16	2.8	19	3.2
R3	32	16	50.0	437	23	5.3	39	8.3
R4	34	19	55.9	343	19	5.5	38	10.1
R5	5	0	0.0	222	2	0.9	2	0.9
合計	106	38	35.8*	1,837	60	3.3	98	5.0

*P<0.01
カイ2乗検定

2 豚熱抗体検査

野生いのしし1,836 検体中291 検体で陽性となり、陽性率は15.8%であった(表2)。

表2 豚熱抗体検査結果

検査年度	野生いのしし		
	検体数	陽性	陽性率
H30	-	-	-
R1	262	1	0.4
R2	571 (1)	23	4.0
R3	438 (1)	102 (1)	23.3
R4	343	111	32.4
R5	222	54	24.3
合計	1836	291	15.8

※ () 内は死亡いのししの値

3 野生いのししの感染・免疫状況の推移

検査結果から、約5年間の月毎の野生いのししの感染状況と免疫状況の推移をグラフで示した(図1)。グラフから大きく3つの傾向が認められ、1つ目の傾向は令和元年9月から令和2年までの期間で、感受性個体(PCR陰性、ELISA陰性)が大部分を占めていた。また、その期間は、令和2年1月から経口ワクチン散布が開始され、3月に捕獲いのししでELISA陽性を初めて確認し、5月には死亡いのししでCSFV PCR陽性を初めて確認した。2つ目の傾向は令和3年から4年の期間で、感染個体(PCR陽性)及び免疫獲得個体(PCR陰性、ELISA陽性)の占有率の増加が認められた。この期間には令和3年7月に県内養豚場での発生が確認されている。3つ目の傾向は令和5年以降の期間で、感受性個体の急激な増加が認められた。

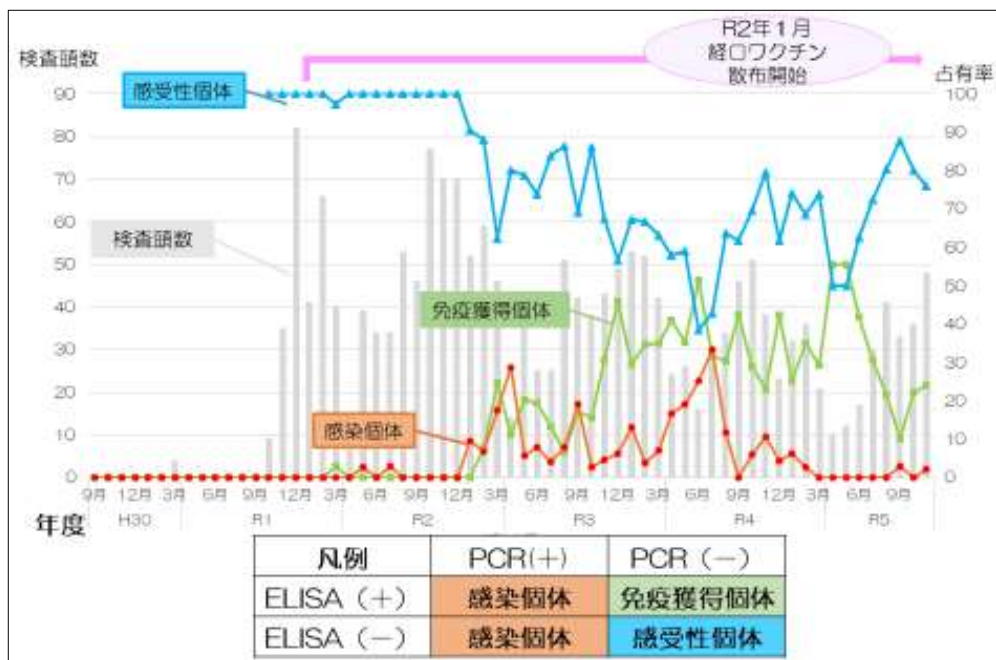


図1 野生いのししの感染・免疫状況の推移

4 県内の野生いのししCSFV感染の分布

令和2年5月に山梨県、東京都、本県の県境で初めて死亡いのししPCR陽性を確認し、その1年後、県央地域に感染が南下、2年後には県西地域に拡大し、令和5年11月末時点で県西地域の海側、静岡県との県境まで感染が拡大した。令和5年11月末時点で、33市町村中18市町村でPCR陽性個体が確認されている(図2)。また、R3年8月末までのPCR陽性検体のシーケンス解析の結果から、県内に侵入しているウイルスは2つのクラスターがあることを確認した。1つ目のクラスターは県北から県央へ、2つ目のクラスターは県西から県央へ感染の広がりが認められた(図3)。

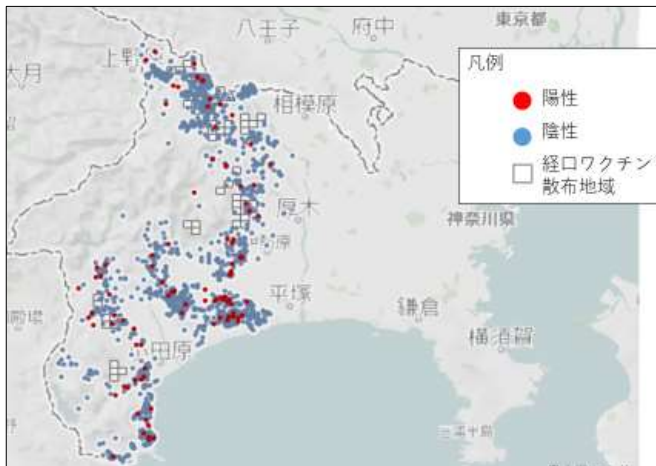


図2 県内の野生いのしし CSFV 感染の分布
(令和5年11月末時点)



図3 シークエンス解析結果 (令和3年8月末時点)

調査結果

1 CSFV Genotype1 型識別検査

PCR陽性94検体で実施し、全て非 Genotype1 型となり、国内流行野外株と判定した。

2 PRRSV及びPCV2の浸潤状況調査

PRRS特異遺伝子は、191 検体全て検出限界以下であった。PCV2 特異遺伝子は、191 検体中12 検体で陽性であった。この12 検体についてシーケンス解析を実施したところ、10 検体は、国内の豚で確認されている遺伝子型PCV2aとPCV2dの株と近縁であることを確認した(図4)。2 検体については、遺伝子量が少なく解析不可となった。また、検査を実施した191 検体を検体状況で比較したところ、PCV2 特異遺伝子は、CSFV PCR陽性検体と死亡いのしし検体で有意に検出された(表3)。

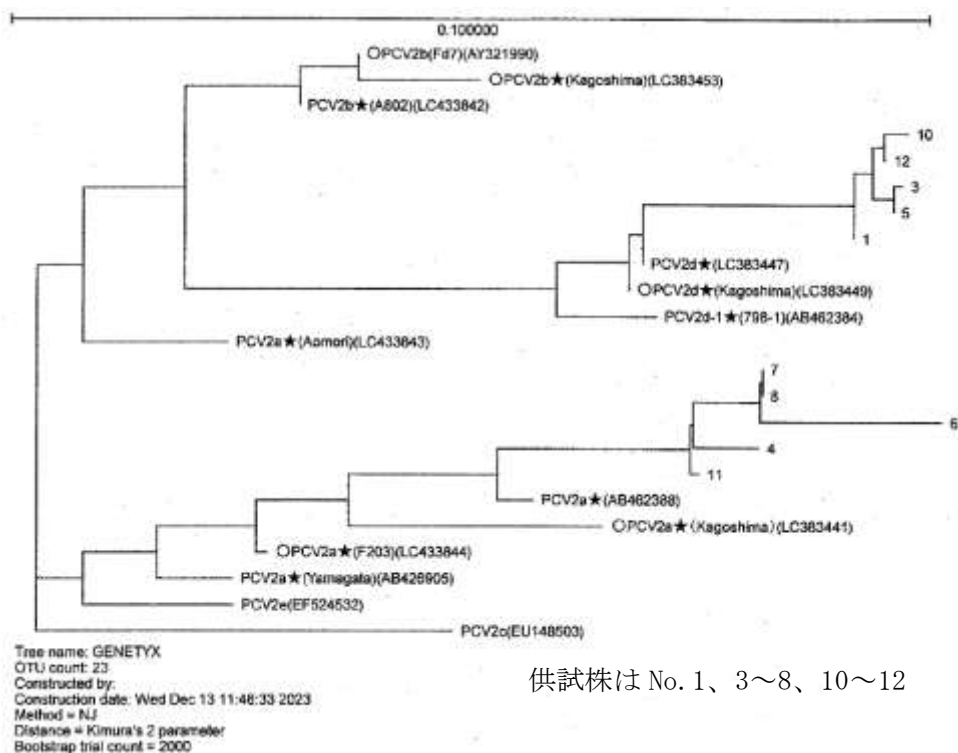


図4 PCV2のORF2領域の塩基配列に基づく分子系統樹

表3 PCV2の浸潤状況調査結果

検体状況	検体数 (n=191)	PCV2		P値
		+	-	
CSFV PCR	(+)	96	12	P<0.01
	(-)	95	0	
成長区分	成獣	141	11	NS
	幼獣	50	1	
採材状況	捕獲	150	3	P<0.01
	死亡	41	9	

Fisher's Exact test

考 察

CSFV PCR検査の結果から、死亡いのししの陽性率が有意に高いこと、また、陽性検体は全て国内流行野外株であったことから、CSFV感染は、豚と同様に野生いのししの衰弱または死亡に関与したものと推察した。

約5年間の月毎の野生いのししの感染状況と免疫状況の推移では、令和5年11月末時点において、

感染個体及び免疫獲得個体は減少傾向、感受性個体は増加傾向の状態であった。このことから病勢は小康状態に移行しており、新たな流行に注意が必要と考える。CSFV PCR陽性検体は県北・県央・県西地域で確認され、東京・埼玉方面及び山梨方面と一致する2つのクラスターを確認し、侵入経路は少なくとも2ルートと推察した。

また、PRRSV及びPCV2の浸潤状況調査の結果から、全ての検体でPRRSV特異遺伝子は、検出されなかったものの、PCV2特異遺伝子は、CSFV PCR陽性検体と死亡いのしし検体から、国内の豚で確認されている遺伝子型PCV2aとPCV2dの株と近縁である株が有意に検出されたことから、PCV2は、CSFVの感染、死亡に関与した可能性があると考えられた。この評価については、さらに検体数を増やし調査していく必要がある。

今後も、継続して県内の野生いのしし感染状況の早期把握に努め、農場への侵入防止対策に活用していく。

謝 辞

最後に、シーケンス解析の実施及びご指導を賜りました、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 越境性家畜感染症研究領域 疫学・昆虫媒介感染症グループ 山本健久先生、農林水産省 動物検疫所 精密検査部 病理・理化学検査課 福田史乃課長、下久保奈都美主任検疫官、岩崎俊輔主任検疫官に深謝いたします。

引用文献

- 1) 病性鑑定指針、平成27年3月13日付消安第4686号農林水産省消費安全局通知1201-1203
- 2) 農林水産省ホームページ 野生イノシシにおける豚熱対策 (2024.1.23 現在)
- 3) 豚熱及びアフリカ豚熱に関する特定家畜伝染病防疫指針、105-117
- 4) Kawashima K, et al. J. Comp. Patholo. 129:294-302 (2003)
- 5) Kono Y, et al. J. Vet. Med. Sci. 58:941-946 (1996)