日本政策金融公庫

技術の窓　№2285　　H 30. 6.25

2016-2017 年冬季に国内に初めて侵入した H5N6 亜型
高病原性鳥インフルエンザウイルスの由来

2016 年 11 月 28 日～翌年 3 月 23 日までに国内 9 道県（フランス鴨農場 2 戸、養鶏場 10 戸）で H5N6 亜型高病原性鳥インフルエンザ（HPAI）の発生が認められ、フランス鴨と鶏を合わせて約 166.7 万羽が淘汰されました。また、同シーズンには 22 都道府県の野鳥から 218 件の同亜型ウイルスが分離されています。農研機構動物衛生研究部門では、当該シーズンに国内に侵入した H5N6 亜型 HPAI ウイルス（HPAIV）の由来を解明するため、国内の家禽及び野鳥分離株の全ゲノム配列解読と各遺伝子の系統学的解析を行いました。

☆　技術の概要

1．家禽及び野外飼育のコブハクチョウから分離された合計 89 株の H5N6 亜型 HPAIV の全ゲノム配列を決定して、8 つの遺伝子分節の遺伝的由来をそれぞれ同定しました。
2．8 分節のうち、6 分節（HA、NA、PB2、PB1、NP、M 遺伝子）は、2013 年以降に中国の家禽で流行していた HPAIV に由来していることがわかりました。
3．PA 遺伝子は、遺伝的に 4 つのグループに分類されました。1 つは中国の家禽で流行していた HPAIV、残り 3 つはユーラシア大陸の野鳥で流行していた鳥インフルエンザウイルスに由来しています。
4．NS 遺伝子は、遺伝的に 2 つのグループに分類され、いずれも中国の家禽で流行していた HPAIV に由来していることが示されました。
5．これらの遺伝子分節の違いから、2016-2017 年冬季に国内に侵入した H5N6 亜型 HPAIV は、5 つの遺伝型に分類されることがわかりました（図）。

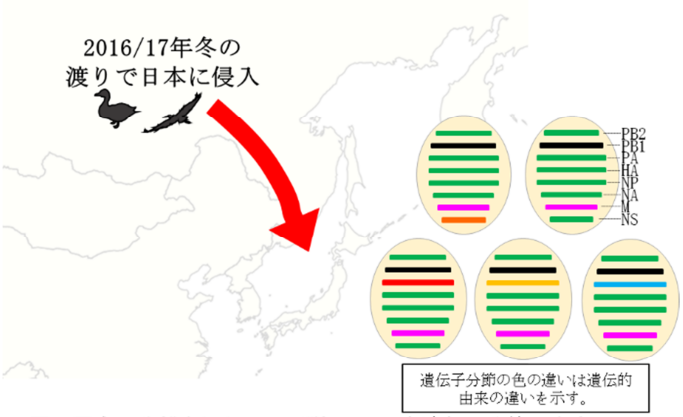

図　国内で分離されたH5N6亜型HPAIVの各遺伝子分節の由来
（農研機構成果情報より引用）

☆　活用面での留意点

1．　例年秋以降の渡り鳥の飛来に伴い HPAIV が国内に持ち込まれる可能性があることから、HPAI の発生防止には家禽の飼養衛生管理の徹底が重要です。
2．詳細については、農研機構「お問い合わせ窓口」
（https://www.naro.affrc.go.jp/inquiry/index.html）までお問い合わせください。

（農研機構動物衛生研究部門　越境性感染症研究領域　竹前喜洋）