

遺伝学的に近縁な亜集団による急性型豚丹毒の発生

豚丹毒は、グラム陽性の豚丹毒菌の感染により、豚に急性の敗血症、亜急性のじん麻疹、および慢性の関節炎・心内膜炎を主徴とする感染症です。近年は豚丹毒の発生頭数が増加傾向にありますが、その発生要因は分かっていません。そこで、2008年以降に国内で急性型の豚丹毒が増加している要因探索の一助として、国内分離菌の全ゲノム解析に基づく系統解析を行い、流行遺伝子型を探索しました。その結果、2007年以降に分離された株は、近年中国で分離された株と遺伝学的に近縁であり、それらは系統学的に大きく分けて九州型と本州型とに分類されることが明らかになりました。

☆ 技術の概要

- 1990年から2011年の間に国内の16県で（亜）急性型豚丹毒を発症した豚から分離された合計34株、および、弱毒生ワクチン株であるKoganei 65-0.15株のドラフトゲノム配列を取得し、また、中国分離株2株のゲノム配列はデータベースより取得しました。得られたゲノム配列を、完全ゲノム配列が決定されているFujisawa株の配列と比較ゲノム解析を行うことで、上記株のゲノム全体にわたる一塩基多型(SNP)を決定し、それを基に系統樹を作製しました(図)。
- 国内分離株および中国分離株はすべて、遺伝学的に近縁であることが明らかになりました(図)。
- 図のように国内分離株は年代毎にI、II、III、IVの系統集団を構成しました。また、2007年以降に分離された株はすべて系統IVに属し、さらに、九州株と本州株とでそれぞれ亜集団IVb-1及びIVb-2に分類されることが明らかになりました。

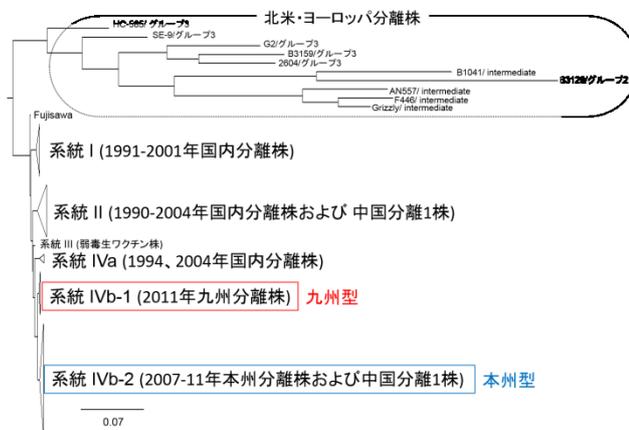


図 ゲノム全体にわたるSNPに基づく最尤法による系統樹
アウトグループとしてForde et al., (2016)の報告した北米・ヨーロッパ分離株を用いました。(農研機構成果情報より引用)

☆ 活用面での留意点

- 本成果は国内の豚丹毒発生の疫学解析に利用することができます。
- 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。