

## 地理系統解析を用いた

# 鳥インフルエンザウイルス伝播の視覚化

インフルエンザウイルスの伝播状況の解析には、各事例で分離されたウイルスの遺伝子情報をもとに系統樹を作成し、遺伝子変異の蓄積からウイルス同士の関係を調べる必要がある。従来の方法では、インフルエンザウイルスの8つの遺伝子分節のうち1分節のみを解析に用いるため、遺伝子変異が少ない短期間でのウイルス伝播については詳細に解析することが困難であった。そこで、複数の遺伝子分節に起こった遺伝子変異とウイルス分離時期、分離場所を合わせて解析することで短期間での鳥インフルエンザウイルスの地域内での伝播の様子を詳細に解析する方法を確立したので紹介します。

### ☆ 技術の概要

1. 茨城県で2016年から2017年に発生した野鳥の死亡事例において、インフルエンザウイルスが有する7分節の遺伝子を用いて、分離株の時系列情報および地理情報とともに解析することにより、高病原性鳥インフルエンザウイルスの県内での伝播の様子を詳細に推定することが可能となった(図)。
2. 茨城県の事例では、1種類のウイルスが県外から侵入したのではなく、複数回のウイルスの侵入があったことが明らかとなった。また、県内では、地域内の短い距離への拡散だけでなく、約40km離れた場所へもウイルスの伝播が起きていることが分かった。

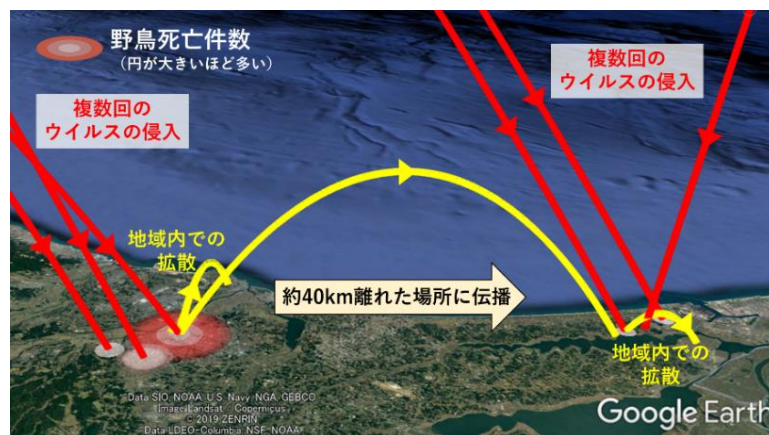


図 伝播状況の解析例 (2016-2017年の茨城県の事例、赤線は県外からの伝播、黄線は県内での伝播)

### ☆ 活用面での留意点

1. 茨城県の事例では、野鳥でのウイルスの伝播は広範囲に高い頻度で起きていることから、野鳥で1例でも発生が報告された場合は、発生地域から距離がある農場においてもウイルスの侵入の可能性が高くなっていることを考慮する必要がある。
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 常國良太)