

(参考) 口蹄疫ウイルスの遺伝子解析の結果

我が国の発生農場の患畜から分離された口蹄疫ウイルスについて、(独)農研機構動物衛生研究所が実施したウイルス遺伝子の解析データを、同研究所及び国際獣疫事務局(OIE)から口蹄疫の確定診断機関として認定されている英国国家畜衛生研究所(英国、パーブライト)が分析した結果、当該ウイルスがアジア地域で確認されている口蹄疫ウイルスと近縁のウイルス(O/JPN/2010)であると確認された。

口蹄疫ウイルスには、7種の血清型(O型、A型、C型、Asia1型、SAT1型、SAT2型及びSAT3型)があり、これまでアジア地域では、主にO型、Asia1型、A型が発生している。今回、宮崎県で発生が確認されたウイルスはO型であり、O型のウイルスは、今年になって2～3月に香港、2～8月に中国、2、6、8月に台湾、4～6月に韓国、4～6、8～9月にモンゴル、7～8月にロシアにおいても確認されている。(資料3を参照)

遺伝子解析の結果、当該ウイルスは、血清型O型であり、ロシア、香港、韓国で確認された株と非常に近縁で、香港株(O/HKN/13/2010等)とは99.22%、ロシア株(O/RUS/2010)とは98.90%、韓国株(O/Ganghwa/SKR/2010)とは98.59%の相同性であった。

【我が国で今回分離されたウイルス株と相同性の高い分離株】

