

委託プロジェクト研究
「食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト」
平成29年度 最終年度報告書

13405871

重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発

研究実施期間	平成25年度～平成29年度（5年間）
代表機関	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
研究開発責任者	筒井 俊之
共同研究機関	国立大学法人 東京農工大学農学部附属国際家畜感染症防疫研究教育センター
	ニュージーランド・マッセー大学 EpiCentre
	国立大学法人 宮崎大学農学部
	学校法人酪農学園 酪農学園大学獣医学群
研究開発責任者 連絡先	TEL : 029-838-7769 FAX : 029-838-7793 E-mail : tsutsui@affrc. go. jp

別紙様式 3. 最終年度報告書 1頁 ～ 27頁

<別紙様式3. 最終年度報告書>

I-1. 年次計画

研究課題	研究年度					担当研究機関・研究室	
	25	26	27	28	29	機関	研究室
1. 家畜伝染病発生時防疫対応における意思決定のためのシミュレーションモデルの応用に関する研究 (1) 口蹄疫等の急性家畜伝染病の汎用型家畜伝染病伝播シミュレーターの開発						動物衛生研究部門	疫学ユニット
	伝播シミュレーターの開発						
(2) 早期摘発が困難な家畜伝染病を対象にしたシミュレーションモデルの開発						動物衛生研究部門	疫学ユニット
	ヨーネ病モデルの開発						
2. 家畜伝染病発生時の防疫対策を支援する情報分析技術の高度化 (1) 節足動物媒介性感染症の監視・予察技術の高度化						動物衛生研究部門	暖地疾病防除ユニット 疫学ユニット
	牛結核病モデルの開発						
(2) 重要家畜伝染病発生時の経済評価システムの開発						マッセー大学	EpiCentre
	疫学解析、診断法開発、 節足動物ウイルス媒介能試験						
(3) 重要家畜伝染病の発生が及ぼす社会的影響に関する実地疫学研究						宮崎大学	産業動物伝染病防疫学研究室
	経済評価の実施						
3. 新型疾病発生時の迅速診断法の開発 (1) 新興ウイルス感染症の網羅的検出法の開発						酪農学園大学	獣医疫学ユニット
	飼養衛生管理と社会的因子の調査分析						
(1) 新興ウイルス感染症の網羅的検出法の開発						東京農工大学	国際家畜感染症防疫研究教育センター
	迅速診断法の開発						
						動物衛生研究部門	ヨーネ病ユニット
異なる機種による検証							

I-2. 実施体制

研究項目	担当研究機関・研究室		研究担当者
	機関	研究室	
研究開発責任者	動物衛生研究部門	ウイルス・疫学研究領域	◎ 筒井俊之
1. 家畜伝染病発生時防疫対応における意思決定のためのシミュレーションモデルの応用に関する研究	動物衛生研究部門	疫学ユニット	○ 山本健久
(1) 口蹄疫等の急性家畜伝染病の汎用型家畜伝染病伝播シミュレーターの開発	動物衛生研究部門	疫学ユニット	△ 早山陽子 筒井俊之 室賀紀之 (～2015.3) 村井清和 (2015.4～2017.10)
(2) 早期摘発が困難家畜伝染病を対象にしたシミュレーションモデルの開発	動物衛生研究部門 マッセー大学	疫学ユニット EpiCentre	△ 山本健久 小林創太 (～2017.3) 清水友美子 (2017.4～) 肥田野新
2. 家畜伝染病発生時の防疫対策を支援する情報分析技術の高度化	動物衛生研究部門	ウイルス・疫学研究領域	○筒井俊之
(1) 節足動物媒介性感染症の監視・予察技術の高度化	動物衛生研究部門	暖地疾病防除ユニット 疫学ユニット	△梁瀬徹 白藤浩明 早山陽子 筒井俊之 森口紗千子 (2014.6～2015.3)
(2) 重要家畜伝染病発生時の経済評価システムの開発	宮崎大学	産業動物伝染病防疫学研究室	△関口敏
(3) 重要家畜伝染病の発生が及ぼす社会的影響に関する実地疫学研究	酪農学園大学	獣医疫学ユニット	△蒔田浩平
3. 新型疾病発生時の迅速診断法の開発	東京農工大学 動物衛生研究部門	国際家畜感染症防疫研究教育センター	○水谷哲也 大松勉 長井誠 (～2015.3)
(1) 新興ウイルス感染症の網羅的検出法の開発		ヨーネ病ユニット	大崎慎人

(注1) 研究開発責任者には◎、小課題責任者には○、実行課題責任者には△を付すこと。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
大課題名	食品の安全性と動物衛生の向上のためのプロジェクト		
中課題名	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
代表機関・研究開発責任者名	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・筒井俊之		

I-1. 研究目的

近年、日本ではBSE、高病原性鳥インフルエンザ、口蹄疫など重要家畜伝染病が相次いで発生した。特に、2010年に発生した口蹄疫では、約3ヵ月間で292戸の感染農場が摘発され、感染家畜とワクチン接種家畜を含め約30万頭の家畜が殺処分された。このような重要家畜伝染病の発生は、国内の畜産業に甚大な被害を与えるだけでなく、社会的・経済的にも大きな影響を及ぼすことから、重要家畜疾病に対する危機管理の充実・強化が望まれている。重要家畜伝染病の発生に備えた危機管理対応としては、疾病発生時に迅速・的確な防疫措置を実行できる体制を構築することが重要である。そのためには、発生を想定して地域レベルにおける感染拡大や効果的な防疫対策、あるいは経済的被害を事前に把握できる評価システム、畜産農家や畜産関連業者を含め地域一体となって危機管理意識を向上させるコミュニケーション手法など、発生に備えた平時からの取り組みを支援できるシステムや技術の開発が望まれている。

近年発生した社会的インパクトの大きい家畜伝染病の他にも、国内には家畜衛生上重要な疾病は多い。例えば、牛結核病やブルセラ病は、発生件数は減少したものの、人畜共通感染症として家畜衛生及び公衆衛生上重要であり、再興感染症としてのリスクを常に警戒しなければならない疾病である。ヨーネ病や牛白血病は発生件数の増加に伴い、畜産経営に大きな影響を及ぼしている。これらの疾病は慢性経過をとることから早期摘発が困難であり、ひとたび清浄地域に浸潤すると、清浄化が非常に難しい。したがって、これらの疾病の清浄化は、畜産農家のみならず地域における社会的・経済的負担が大きいことから、早期摘発や清浄化対策など戦略的な防疫対策の立案が不可欠である。また、アカバネ病をはじめとするアルボウイルス感染症は、毎年のように発生が確認され、畜産業に大きな影響を及ぼしている。アカバネ病などのアルボウイルス感染症は、媒介節足動物であるヌカカとともに海外から侵入すると考えられており、国内を清浄化しても再発するおそれがあることから、国内外の疾病発生動向の分析による疾病の侵入・流行リスクの分析、疾病の侵入を予察する効果的な監視システムの構築が望まれている。

また、家畜伝染病の発生による経済的被害は、発生時の防疫対策に係る直接的な費用や移動制限などによって生じる地域経済への間接的な影響のみならず、地域産業の経済活動が回復するまでの復興に要する費用など様々な要素が含まれる。一般に、家畜伝染病の発生による経済的損失や防疫対策の費用対効果に関する報告は、発生時の被害を包括的に把握することを目的としており、個別の経営体で具体的にどのような被害が生じ、経営再開までにどの

ような負担が生じているのかは明らかにされていない。さらに、家畜伝染病の発生予防には各農場における日頃の衛生対策が重要であるが、こうした衛生管理の徹底には各農場経営者の疾病予防に対する意識が大きく影響していると考えられる。

一方で、従来とは異なる新型の感染症、いわゆる、新興感染症の発生は、家畜衛生及び公衆衛生上の脅威である。例えば、2002年に発生したSARSは、動物由来ウイルスであったにもかかわらず、人から人への伝播力が強力であり、世界的な感染の広がりを見せた。また、蚊が媒介するウエストナイルウイルス感染症は、1999年に米国で確認されて以降、現在では米国全域に感染が拡大し、人や野鳥、馬での発生が多数報告されている。グローバル化に伴い人・物・動物の移動が活発になった現代、国内に新興感染症が侵入するリスクは避けられない。このような新興感染症に即座に対応するためには、迅速かつ確実な検査法の確立が重要な課題となっている。

以上に掲げた重要家畜伝染病の防疫対策に必要な課題を踏まえ、重要家畜伝染病に対する危機管理対応の充実・強化を支援することを目的として、本研究では、

1. 家畜伝染病発生時の防疫対応における意思決定のためのシミュレーションモデルの応用に関する研究
2. 家畜伝染病発生時の防疫対策を支援する情報分析技術の高度化
3. 新型疾病発生時の迅速診断法の開発

からなる研究課題に取り組み、重要家畜伝染病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術を開発する。

I-2. 研究結果

小課題1-(1)では、口蹄疫と豚コレラのシミュレーション機能を統合させた伝播シミュレーターを完成させた(図1-1-1)。このシミュレーターは、国や都道府県等の家畜防疫担当者が利用可能な汎用性の高いシミュレーションシステムであり、地域の農場の地理的配置や飼養している家畜の種類・頭数に応じて、感染拡大の状況をシミュレーションすることができる。特徴として、移動制限前と移動制限後を想定した感染拡大のシミュレーションが可能である。移動制限前の感染拡大では、畜産地域における人や車両の移動に関する調査実績に基づき、移動に伴う感染拡大をモデル化した。特に、人や車両の移動に関するデータがない地域であっても、移動距離が推定できるよう、農場間移動に関する調査データを用いて、農場の分布が異なる地域で移動距離を推定する手法を開発し、システムに組み込んだ。移動制限後の感染拡大については、人や車両の移動に伴う感染拡大を移動制限の実態に合わせて反映させるとともに、発生農場からの距離に応じて感染が広がると仮定してモデル化した。また、殺処分やワクチン接種等の防疫措置の条件を柔軟に設定でき、様々な防疫措置の条件を比較することが可能である。そして、ユーザーがシミュレーション条件の設定から計算結果の出力までの一連の作業をスムーズに行えるよう、入力・出力画面を設計した。計算結果の出力は、地図やグラフで視覚的に表現され、疾病の感染拡大の状況を示すのはもちろんのこと、疾病流行時に要する人員や被害額等の推定が可能である。伝播シミュレーターを用いることで、口蹄疫や豚コレラ発生時の防疫対策の検討に活用することができる。

小課題1-(2)では、牛の重要慢性感染症であるヨーネ病と牛結核病に関するシミュレーションモデルを構築し、様々なサーベイランス戦略の有効性の評価を行った(図1-2-2, 図1-2-4)。ヨーネ病については、まず、野外におけるヨーネ病感染牛の摘発データを基に、ヨーネ病の病態に関わるパラメーター(感染から排菌までの期間等)を推定し、この値を用いて農場

内におけるヨーネ病の感染拡大を個体レベルで再現するシミュレーションモデルを構築した。次に、このシミュレーションモデルを用いて、ヨーネ病の様々なサーベイランス手法（血清検査や糞便を用いた環境検査）について、その有効性を比較・検討した。さらに、このシミュレーションモデルにニュージーランドの乳用農場における飼養管理方法や牛の飼養期間を反映させることで、同国におけるヨーネ病のサーベイランスについても比較・検討した。一方、牛結核病については、牛の移動に伴う農場間伝播の基礎モデルとするため、NZでの牛の移動に関する膨大なデータを解析し、農家間の牛の移動状況を再現できるシミュレーションモデルを構築した。次に、農場間及び農場内における家畜間での、また野生動物から家畜への感染拡大を個体レベルで再現するシミュレーションモデルを構築し、このモデルを用いて、NZにおける牛結核病の様々なサーベイランス（検査頻度や検査法）の有効性を比較・検討した。さらに、日本における牛の飼養形態や牛の移動パターンを考慮して牛結核病のモデルを改変することで、日本に牛結核が侵入した場合の農場内・農場間における伝播を再現し、様々なサーベイランスについて、侵入から発見までの期間について比較・検討した。

小課題2－(1)では、気象モデルを用いた解析や遺伝子マーカーを用いた解析により、東アジア及び東南アジアからのウシヌカカの飛来の可能性を明らかにした(図2-1-1)。気象モデルを用いた解析では、2012年に八重山地域で発生した牛流行熱について後方流跡線解析を行ったところ、東南アジアから飛来した媒介昆虫によってもたらされたウイルスが原因である可能性が示唆された。遺伝子マーカーを用いた解析では、国内外で採集されたウシヌカカについて、国内と東アジア及び東南アジアの北部の個体群との間ではウシヌカカの遺伝的差異が小さいことを明らかにし、ウシヌカカがこれらの地域から日本に飛来侵入している可能性を示した。また、蚊類へのアルボウイルスの感染実験を通じて、蚊類のアルボウイルス媒介能を評価した(図2-1-2)。これにより、牛流行熱ウイルスとアカバネウイルスはコガタアカイエカの体腔内で増殖可能であること、アカバネウイルスはコガタアカイエカの体内で増殖し、唾液からもウイルス遺伝子が確認されたことなどを明らかにし、コガタアカイエカがアカバネウイルス媒介能を持つ可能性を示した。過去の発生データや調査データを用いた疫学的解析では、アルボウイルス感染症の伝播に関する地理的・気象学的要因を明らかにした。具体的には、農用地や水田などの地理的要因や、冬期の気温や春期の降水量などの気象学的要因が、アルボウイルス感染症の伝播に関わる要因として示唆された。さらに、アルボウイルスの検査手法の開発では、既知のアルボウイルスの病態の変化や遺伝子の変異ならびに、侵入が危惧される新たなアルボウイルスに対応できる診断技術を開発した(図2-1-3)。ここでは、アカバネウイルスなど国内で既知のアルボウイルスや、国内では未だ確認されていないシュマレンベルクウイルス及びこれらのリアソータントウイルスについて、特異的に検出が可能な遺伝子検出法(RT-PCRおよびリアルタイムRT-PCR)を開発した。さらに、これらの結果を踏まえ、アルボウイルスに係る一般的な取扱法や検査手法ならびに、グループ特異的および、それぞれのウイルスに特異的な遺伝子検出法を記載した検査マニュアルを作成した。

小課題2－(2)では、地域の畜産の特徴に応じた重要家畜伝染病発生時の経済的損失を推定するシステムを開発した。すなわち、宮崎県の統計データベースや調査結果を基に、口蹄疫や高病原性鳥インフルエンザの発生地域における直接的被害および間接的被害額を算出した。宮崎県内の肉用鶏農場1戸で高病原性鳥インフルエンザが発生した場合の直接的被害について、統計データベース等の公開情報を用いて産業連関分析により解析した。また、宮崎県や県内市町村、農業協同組合、農業共済組合と口蹄疫や高病原性鳥インフルエンザの発生時の防疫対策の内容に関する意見交換会を実施し、防疫作業に関する情報を収集するとともに、関係機関か

ら入手した防疫マニュアル等の資料から、防疫作業に必要な資材を抽出し、各品目をリストアップした。以上の調査で得られた情報を基に、宮崎県内の肉用牛肥育農場（600頭規模）で口蹄疫が発生したことを想定し、防疫対策に係る費用を算出したところ、例えば防護服関係資材に合計で約170万円（最小値）、防疫作業関係資材に約330万円（最小値）が必要であることが明らかとなり、これら基本経費として、2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の経験を基に予備資材の確保や予算超過等を考慮すると、今回のシナリオでは少なくとも約1千万円の防疫対策費を確保することが必要であることが判明した。

小課題2－（3）では、特に飼養衛生管理基準の遵守に焦点を当て、異なる畜種において遵守に影響を与えていると考えられる社会学的因子、また遵守がもたらす影響について推定した。すなわち、酪農、肉用牛、養豚、採卵鶏については主要畜産地域である北海道と都市近郊畜産地域である埼玉県において、めん羊については北海道のみで、さらに肉用鶏については全国の生産者を対象として、参加型手法と質問票調査を用いて農場衛生対策に影響する因子について疫学調査を行い、その結果について統計学的解析を行った。その結果、飼養衛生管理基準の項目のうち遵守されている項目数を遵守率とした場合、畜種別では遵守率の高さは、ブロイラー、地鶏、養豚、めん羊、採卵鶏、酪農、肉用牛の順に高く、飼養衛生管理基準の遵守率と、飼養管理者の意識や農場の状況などの社会学的因子との関係を明らかにした。また、急性家畜伝染病発生時の防疫活動による精神的ストレスは防疫従事者、農家、地域住民にとって大きな社会的影響を及ぼすので、そのような被害を最小限に抑えることを目的に、家畜防疫メンタルヘルスマニュアルを作成した。

小課題3－（1）では、家畜の疾病等の問題の原因となっているウイルスが未知の場合であっても、当該ウイルスを検出することが可能な、迅速かつ網羅的なウイルス検出システムを構築した（図3-1-2）。まず、ウイルスを単離することなく、宿主の遺伝子等が存在した状態で原因ウイルスの遺伝子を検出するため、血液等の検体に大量に含まれる宿主由来の遺伝子を効率的に除去する技術を開発した。多様なウイルスに対応するため、当該手法は、一本鎖DNAウイルス、一本鎖RNAウイルス及び二本鎖RNAウイルスのそれぞれに対応できるように開発した。次に、この処理を行った検査材料から、既知のウイルスとの類似性に基づいて、病原ウイルスに特異的な遺伝子のみを効率的に抽出する技術を開発した。この際、一度の検査で多様なウイルスに対応できるよう、既知の病原ウイルスを畜種ごとにリストアップした上で、これらのそれぞれのウイルスを選択するプローブを作成し、混合して使用することとした。牛、豚、羊および山羊については、一部の病原体に重複があること、包括的な選択プローブの作成で検査に支障がないことが確認されたことから、これらの畜種については同一のプローブセットにより検査できるようにした。前述の宿主遺伝子の除去と、病原ウイルス遺伝子の選択的濃縮を行った検体について、膨大な遺伝子の解析を短時間で行うことができる、次世代シーケンサーを用いて解析することで、検体中の病原体の遺伝子情報を取得した。牛の糞便などの野外材料を用いて検証したところ、既存の方法と比べターゲットとなるウイルスの検出感度が飛躍的に向上すること、また、検体中に複数の病原ウイルスが存在した場合でも、それらを全て検出できることが確認できた。さらに、次世代型シーケンサーで得られた膨大なデータを解析し、検出された遺伝子情報に該当する病原ウイルスを特定するため、既知のウイルスの遺伝子情報を網羅した比較ライブラリーを整備することなどにより、検体に含まれるウイルスを短時間で効率的に特定する技術を開発した。これらの取り組みにより、牛、豚及び山羊では合計865種類、鶏では151種類のウイルスを網羅的に探索することが可能となり、検査開始からウイルス遺伝子の配列を得るまでの全ての工程を18時間以内に完了できる一連の検査手法を確立

した（図3-1-1, 図3-1-2）。ここまでに確立した手法は、Illumina社のMiSeqシーケンサーの使用を前提としていたが、手技の汎用性を確保するため、ThermoFisher社のIon PGMシーケンサーを用いた場合の手法についても検討した。その結果、使用する試薬や検査手順に変更が必要であり、また、検査に必要な時間が若干延長するものの、48時間で同様の検査を実施できることが確認できた。また、本システムを開発する過程において、家畜由来の新規ウイルス（エンテロウイルスとトロウイルスのゲノム組み換えウイルス等）を発見するなど、多くの学術的成果を得た。

I-3. 今後の課題

小課題1では、伝播シミュレーターについては、システムの不具合やユーザーからの要望があれば、シミュレーターを改良する必要がある。ヨーネ病の感染拡大シミュレーションについては、牛の飼養年齢分布などのモデルで使用しているパラメーターの値について、より適切な値を検討する必要がある。また、シミュレーションを用いて比較する対策について、今後の防疫対策の検討の方向性を踏まえて、都道府県や農林水産省の意見を聞いて多角的に検討する必要がある。牛結核病の感染拡大シミュレーションについては、より精度の高い評価を行うためにはベクターとなりうる野生動物の分布状態についての科学的知見が必須である。また、牛結核病は生物学的にもいまだ不明なパラメーターが多いため、十分な感度分析を行い、得られた結果がパラメーターによって大きく変動しないことを確認する必要がある。

小課題2では、アルボウイルスの国外からの侵入リスクが高い地域、ならびに伝播が起りやすい環境を精査して、選択的かつ重点的にウイルスの監視を行うことを検討する必要がある。各種のアルボウイルス感染症の特性（臨床症状、発症率、病原ウイルスの特徴）と実用可能な診断法の種類に基づいて、感度の高いサーベイランスの手法を選択することが重要である。また、サーベイランスによって得られた結果や、アルボウイルス感染症の発生状況を、いち早く生産者や家畜衛生関係者に通知する方法が必要である。

小課題3では、開発した迅速かつ網羅的なウイルス検出システムは、現状のままでは検査に必要な機械及び試薬にかかる費用がいずれも高額で、実施できる機関が限られる。今後は同様の性能を維持しながら、より安価な方法を開発することにより、各地域の診断施設でも実施可能なシステムとすることが望まれる。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
小課題番号	1 - (1)	研究期間	平成25～29年度
中課題名	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
小課題名	1. 家畜伝染病発生時の防疫対応における意思決定のためのシミュレーションモデルの応用に関する研究 (1) 口蹄疫等の急性家畜伝染病の汎用型家畜伝染病伝播シミュレーターの開発		
小課題責任者名・研究機関	早山陽子・農研機構動物衛生研究部門ウイルス・疫学研究領域疫学ユニット		

1) 研究目的

口蹄疫など急性家畜伝染病の早期封じ込めには、発生時の迅速な初動防疫が重要である。疾病の感染拡大は地域における家畜の種類構成や飼養密度によって影響を受けることから、地域の特性に応じた防疫対策を講じることが重要であり、そのためには防疫対応に必要な人員と資材を事前に整備する必要がある。本研究課題では、2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の流行データを用いて、研究総括者らが構築した口蹄疫伝播モデルをベースに、国内の様々な地域における口蹄疫の感染拡大の再現や、疾病流行時に要する人員やコスト等の推定が可能なシミュレーターを構築する。また、同様に、豚コレラや高病原性鳥インフルエンザなどの重要家畜伝染病のシミュレーターの開発も行う。

2) 研究成果

家畜の重要家畜伝染病である「口蹄疫」と「豚コレラ」について、両疾病のシミュレーション機能を統合させた、家畜伝染病伝播シミュレーター（JSMIN, Japan Simulation Model of Infectious animal diseases）を開発した（図1-1-1）。このシミュレーターは、国や都道府県等の家畜防疫担当者が利用可能な汎用性の高いシミュレーションシステムであり、地域の農場の地理的配置や飼養している家畜の種類・頭数に応じて、感染拡大の状況をシミュレーションすることができる。その特徴として以下の点があげられる。

① 移動制限前と移動制限後の感染拡大をモデル化

移動制限前の感染拡大のモデル化に必要な基礎データを収集するため、畜産地域における人や車両の農場間移動に関する調査を行った。調査結果を用いて移動距離や移動頻度などの分析を行い、人や車両の移動に伴う感染拡大のモデル化に利用した。さらに、人や車両の移動に関するデータがない地域であってもこれらの移動距離を考慮できるよう、調査データを用いて、農場の分布が異なる地域で移動距離を推定する手法を開発し、システムに組み込んだ。移動制限後の感染拡大については、人や車両の移動に伴う感染拡大を移動制限の実態に合わせて反映させるとともに、発生農場からの距離に応じて周辺農場に感染が拡大すると仮定した。

② 殺処分やワクチン接種等の防疫措置の設定

疾病発生時の防疫措置として、殺処分、予防的殺処分（発生農場から一定の距離の範囲にある農場を発生の有無にかかわらず殺処分する方法）及びワクチン接種の条件を設定できる。これらは、畜種や飼養規模に応じて対策の優先順位を付けられるほか、現実的な防疫対応を反映させるため、一日あたりに可能な対応頭数の上限を入力できる。また、疾病発生時に実施する、清浄性確認検査を再現する機能も組み込んだ。

③ ユーザーの使いやすさを意識した入力・出力画面

ユーザーがシミュレーション条件の設定から計算結果の出力までの一連の作業をスムーズに行えるよう、入力・出力画面を設計した。計算結果の出力は、地図やグラフで視覚的に表現される。計算結果は、疾病の感染拡大の状況を示すのはもちろんのこと、疾病流行時に要する人員や被害額等の推定が可能である。

都道府県の家畜衛生担当者や畜産農家等を対象とした研修会等を通じて、口蹄疫の伝播シミュレーターの普及を行った。

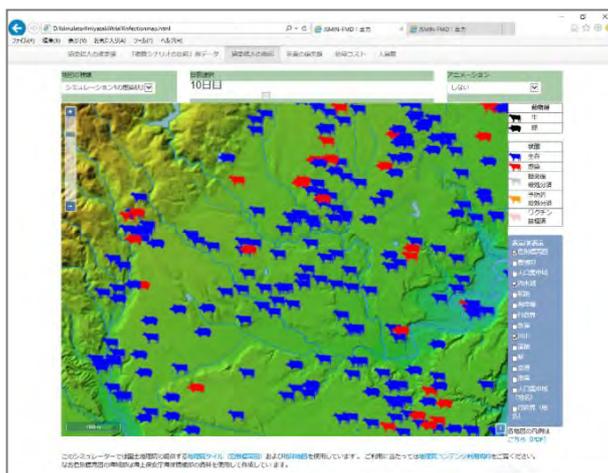


図1-1-1 口蹄疫の伝播シミュレーターの出力画面の例（感染拡大の地

3) 成果活用における留意点

伝播シミュレーターは、事業の終了後においても、都道府県を対象に無償で配布することとしている。この際、都道府県は家畜防疫マップシステム等を活用して、県内の農場の分布に関するデータを用意する必要がある。伝播シミュレーターを用いることで、口蹄疫や豚コレラ発生時の防疫対策の検討に活用することができる。ただし、疾病の感染拡大は、ウイルスの病原性や感染力、侵入地域の家畜の飼養状況、侵入から発見までの期間など様々な影響を受けることから、伝播シミュレーターは疾病発生時の感染拡大を必ずしも正確に予測するものではないことに留意する必要がある。

4) 今後の課題

システムの不具合やユーザーからの要望があれば、伝播シミュレーターを改良する必要がある。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
小課題番号	1－(2)	研究期間	平成25～29年度
中課題名	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
小課題名	1. 家畜伝染病発生時の防疫対応における意思決定のためのシミュレーションモデルの応用に関する研究 (2) 早期摘発が困難な家畜伝染病を対象にしたシミュレーションモデルの開発		
小課題責任者名・研究機関	山本健久・農研機構動物衛生研究部門ウイルス・疫学研究領域疫学ユニット		

1) 研究目的

牛結核やヨーネ病、牛白血病など感染から発症までの期間が非常に長い家畜伝染病は、感染家畜の早期発見が困難であり、清浄地域にひとたび侵入すると清浄化までに多大な労力・コストを要する。これらの疾病の防疫対策には、家畜の移動や飼養条件及び疾病の潜伏期間などの要因が大きく影響するため、これらの条件を考慮した上で、どのような防疫対策が有効かを検討する必要がある。こうした検討を行なう上では、感染拡大の状況を確率分布や関係式を用いてモデル化し、想定される防疫対策の効果を比較検討するコンピュータ・シミュレーションが非常に有効である。本研究では、牛結核病、ヨーネ病及び牛白血病など早期発見が困難な家畜伝染病の感染拡大を再現することができるシミュレーションモデルを構築し、こうしたモデルを用いて様々な防疫対策の比較・検討等を行う。

2) 研究成果

① ヨーネ病の農場内感染拡大シミュレーションモデルの構築

ヨーネ病のシミュレーションモデルの妥当性の検証に利用することを目的に、北海道におけるヨーネ病感染牛の摘発履歴のデータを解析した。その結果、農場別に見ると、乳用農場の7.9%、肉用農場の21.2%で再発が認められた。個体別に見ると、糞便検査でのみ、1歳頃に摘発される牛が多かった。次に、ヨーネ病感染牛の個体内での病態の進行に関する数理モデルを構築し、同データを用いて、糞便への排菌が起こる時期と抗体が陽転する時期を最尤推定法で推定した(表1-2-1)。その結果、約6割の感染牛で、感染後12か月でおよそ4か月の間、一過性に抗原検査が陽転すると推定された。その後、抗体陽転を伴う抗原陽転を起こすまでの感染後経過月数は約30か月(95%信用区間:7-84)と推定された。また、推定値を用いたモデルで推定された月齢別の摘発頭数は、十勝のデータから推定された結果とよく一致していた(図1-2-1)。

日本の乳用農場と肉用農場における、農場内でのヨーネ病の感染拡大を個体レベルで再現するシミュレーションモデル(individual based model, IBM)を構築し、上記で推定した、ヨーネ病の病態に関するパラメーターを投入して、様々なサーベイランス戦略の有効性を比較・検討した。この際、清浄農場の定期検査として、現在実施されてい

る血清全頭検査に代えて、農場環境中の糞便検査についても検討した（表1-2-2）。日本の200頭規模の乳用農場について、感染牛1頭の導入から40年間の農場内での感染をシミュレーションしたところ、農場が清浄化するまでの期間は、追加検査を行わない場合、大幅に増加したが、追加検査が実施されていれば、定期検査の方法にかかわらず現行と大きな差はなかった（図1-2-2のア）。発症した搾乳牛ののべ飼育期間（頭数×月数）は、追加検査を実施しない場合を除いて、極めて低い値に抑えられていた（図1-2-2のイ）。

次に、前述のシミュレーションモデルに、ニュージーランドの乳用農場における飼養管理方法や牛の飼育期間を応用して、ニュージーランドで同様の検査を実施した場合の有効性を検討した（図1-2-2のウとエ）。ニュージーランドにおいては、日本の飼育管理との違いとして、新生子牛を人工ほ乳して分離飼育しているほか、初回分娩までは別農場で放牧され、成牛農場から区分飼養されていた。このため、清浄農場の定期検査は成牛農場のみを対象として実施するものと仮定した。シミュレーションの結果、ニュージーランドでは、ヨーネ病の感染拡大が緩やかで、再感染がなければ、サーベイランスによる清浄化対策を行わなくても長期的には清浄化できると考えられた。同様に、各種のサーベイランスを実施した場合も日本と比べて有効性が高いと考えられた。一方、ニュージーランドでは、完全な季節繁殖が実施されているが、感染・発症と繁殖季節の関係は、現在のモデルでは正確に再現できなかったことから、繁殖季節を考慮した定期検査などの効果を検討する場合には、注意が必要と考えられた。

② 牛結核病の感染拡大シミュレーションモデルの構築

牛の移動に伴う牛結核病の農場間伝播のシミュレーションを行うための基礎となるデータを検討するため、ニュージーランド国内の個体識別システムを用いた、乳用牛の移動に関するデータを入手した。このデータを用いて、農場間の乳用牛の移動が、出荷元農場が所在する地域の結核感染ステータスに依存しないと仮定してシミュレーションした場合と、実際のデータから推定される移動状況を比較することにより、地域の感染ステータスが農家の牛の購買行動に影響しているかを検証した（図1-2-3）。その結果、ニュージーランドの乳牛農家は、一般的に、牛結核の感染リスクの低い地域から牛を購入する傾向があることが示唆された。しかしながら、少数ではあるが、高リスク地域から家畜を購入する傾向が、一部の低リスク地域で認められることが明らかとなった。

次に、乳用牛の牛結核について、農場間および農場内における感染拡大を個体レベルで再現するシミュレーションモデル（individual based model: IBM）を構築し、このモデルを用いて、ニュージーランドにおける様々な牛結核サーベイランスの有効性を比較・検討した。感染経路として、感染牛からの感染に加えて、結核の感染源として重要視されているポッサムからの感染を考慮した。その結果、牛結核の感染リスクに応じた地域区分により検査頻度を変える（地域により1年に一度から3年に一度）現行戦略（図1-2-4のCurrent）と比較し、全ての地域で1年に一度の検査をした場合（図1-2-4のEvery1y）、10年間の感染農家数は中央値で約10%減少した。逆に全ての地域で3年に一度の検査にした場合（図1-2-4のEvery3y）、現行法に比べて感染農家数の変化はあまり見られなかった。現行法に加えてインターフェロンガンマ検査などの積極的な併用により早期摘発を試みた場合（無病巣感染期の牛結核検出感度が50%から85%に上昇すると仮定）、感染農家数は低下した（図1-2-4のCur+Se）。しかしながら早期摘発のメ

リットは、全ての地域で検査間隔を3年に一度にした場合には消失することが分かった（図1-2-4のE3y+Se）。また、地域別にどのくらいの牛結核感染農家が摘発を免れているかを解析したところ、1年に一度の検査を実施しているにも関わらず、高リスク地域で多くの感染農家が摘発を免れていることが示唆された（図1-2-5）。これらの結果から、牛結核は感染源となる高度汚染地域での対策が重要であり、現状の検査法の感度がそれほど高くないことを考慮すると、検査頻度を上げるメリットは限られていると考えられた。

③ 牛白血病の感染動態に関わるパラメーターの推定

牛白血病について、牛が感染してから農場やと畜場で発症牛として摘発されるまでを再現した数理モデルを作成し、全国抗体検査の結果と、全国で報告された感染牛の年齢等に関する調査の結果から、本病の発症割合や発症までの期間に関するパラメーターを推定した。その結果、牛白血病の潜伏期間の平均値は7年と推定され、また、発症に至る感染牛の割合は1.4%（95%信頼区間：1.2%-1.6%）と推定された。

表1-2-1 数理モデルを用いた最尤推定法で推定されたヨーネ病の感染に関するパラメータ

パラメーター名	平均値	分散	分布
感染から一過性の排菌まで（月）	12.0	2.0*	ガンマ分布
一過性の排菌期間の長さ（月）	3.7	2.0*	ガンマ分布
一過性の排菌を示す個体の割合	0.6		
感染から持続的の排菌までの期間（月）	33.9	20.3	ガンマ分布
持続性の排菌から抗体陽転までの期間（月）	7.2	1.0*	ガンマ分布
排菌・抗体陽転牛の1か月あたりのとう汰率	0.1		

*仮定値

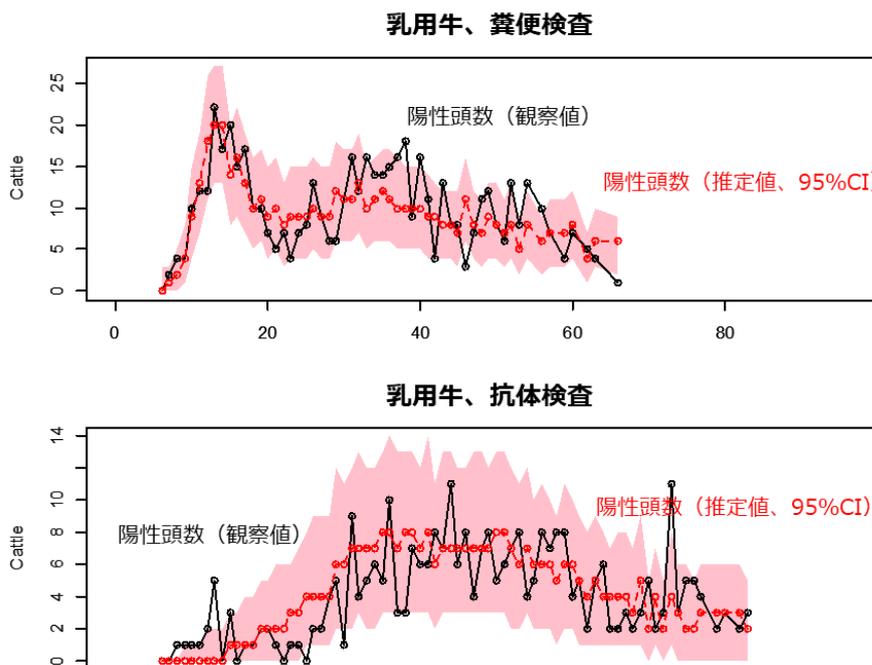
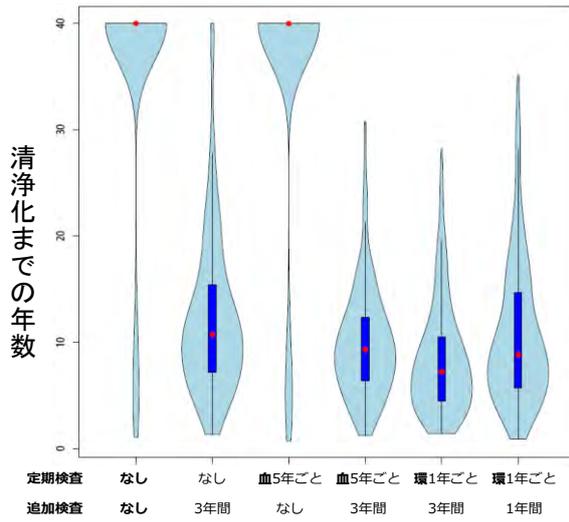
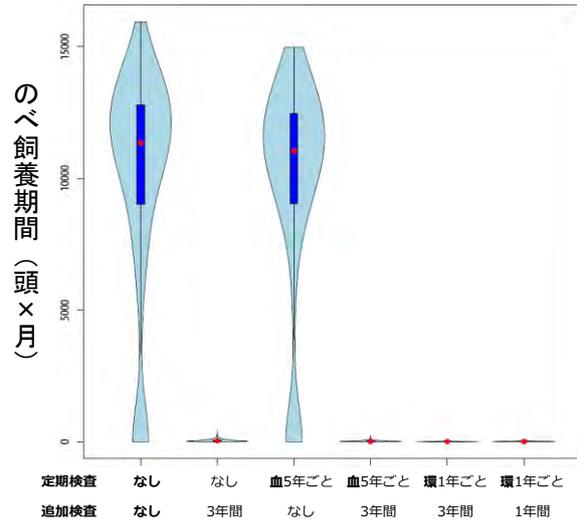


図1-2-1 十勝のデータから推定された陽性頭数（黒線）とパラメーターの最尤推定値を用いたシミュレーションによる推定値（赤線、赤網掛けは95%信用区間）

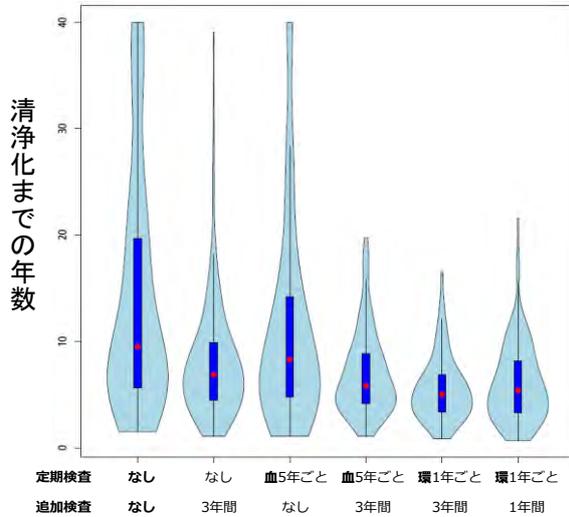
ア、日本・清浄化までの年数



イ、日本・発症牛の飼養期間



ウ、NZ・清浄化までの年数



エ、NZ・発症牛の飼養期間

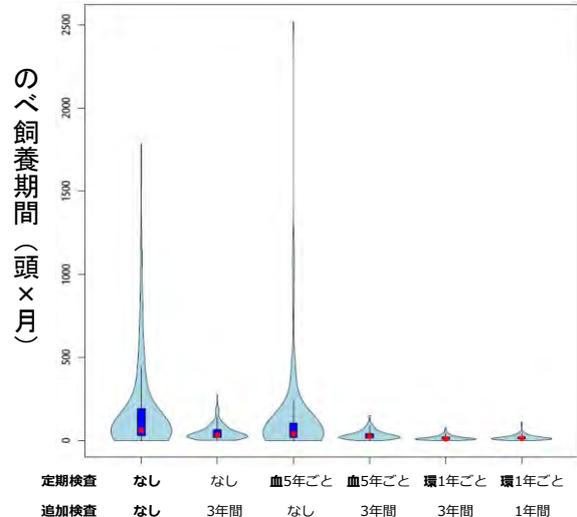


図1-2-2 IBMを用いた、200頭規模の酪農場におけるヨーネ病の感染拡大と、シミュレーション（1000回）の結果の比較。赤丸は中央値、青色のボックスは第1および第3四分位点、水色のエリアは確率密度を示す。

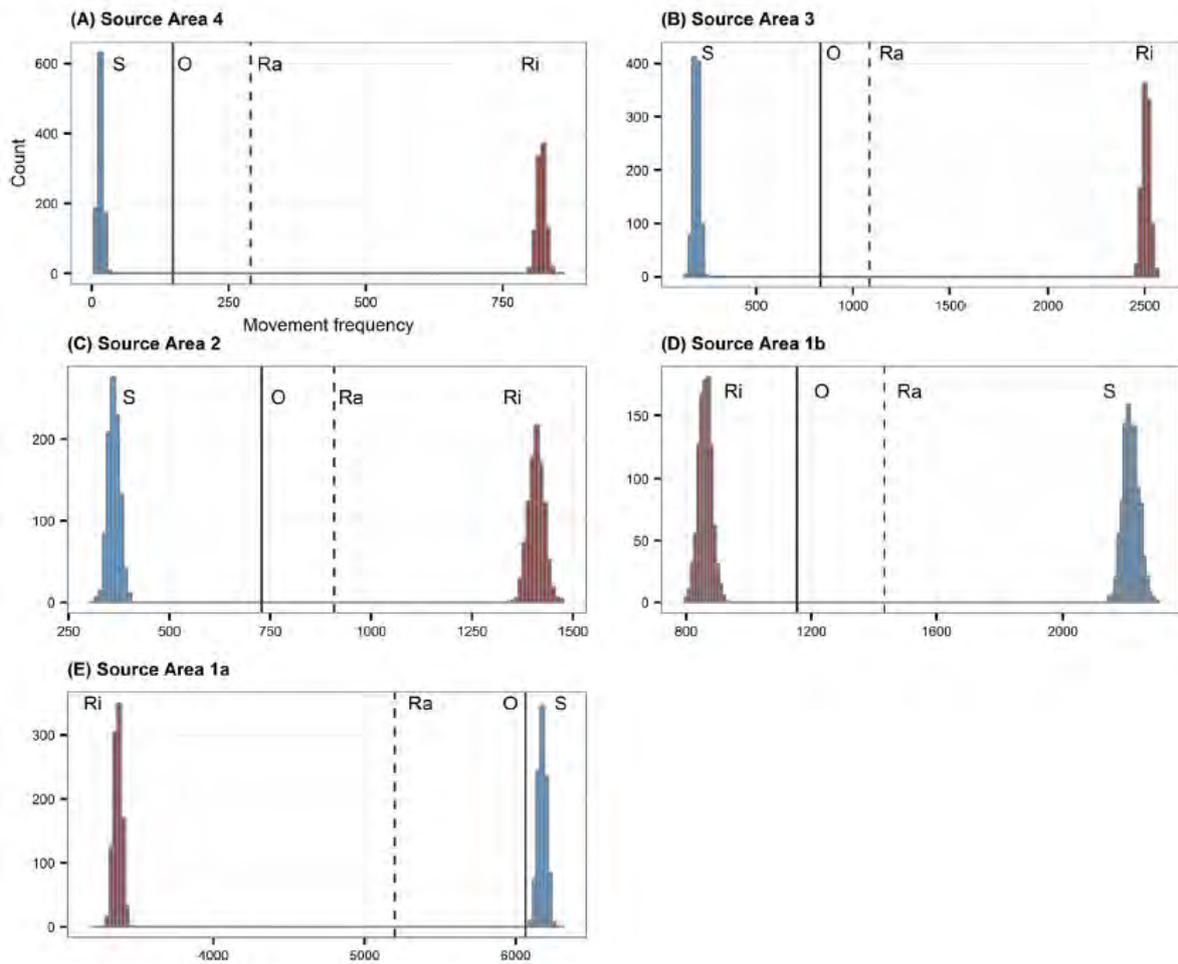


図1-2-3 家畜の移動シミュレーションモデルにより再現された、異なる牛結核リスクの地域間の家畜の移動頻度と実際に記録された移動頻度の比較。(A)から(E)のグラフはそれぞれ牛結核高リスク地域(Area4)、低リスク地域(Area1aおよびArea1b)、もしくはその中間のリスク地域(Area3およびArea2)から低リスク地域への家畜の移動頻度を示す。実線Oで表されるのは実際の観測値、点線Ra(Random)は農家が感染リスクを考慮せずランダムに家畜の購入を行った場合、Ri(Risk)は農家があえて高リスク地域より家畜を購入した場合、そしてS(Safe)は農家になるべく低リスク地域より家畜を購入した場合のシミュレーション結果を表す。実際の農家が、低リスク地域から導入しやすい傾向があればOはSに近づき、逆であればRiに近づく。1b以外の地域では、OはSに近いことから、農家はより感染リスクの低い地域から牛を購入していることが分かる

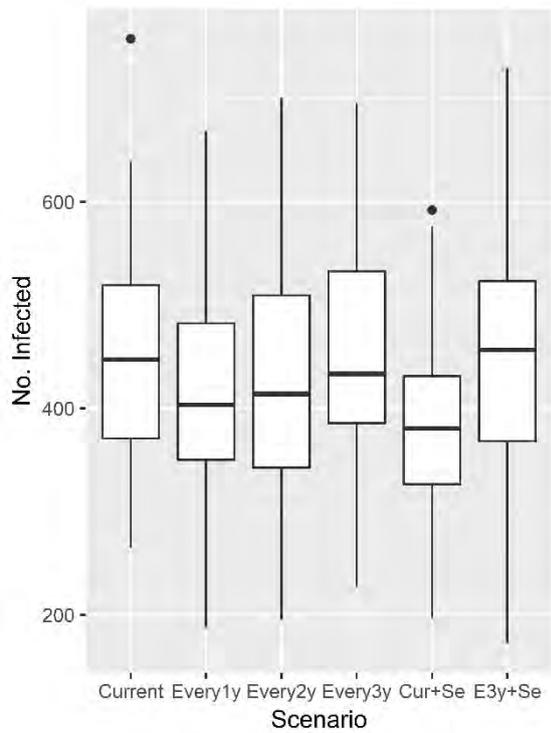


図1-2-4 牛結核のメタポピュレーションモデルによるニュージーランドにおける牛結核の拡大様式と各種サーベイランス戦略の効果の比較・検討。Y軸は2000年7月より2010年6月までの牛結核感染農家数を示す。X軸には異なるサーベイランス戦略を示す。Currentは現行の地域により異なる検査頻度のサーベイランス、Every1y、Every2y、Every3yはそれぞれ、全ての地域で1年に一度、2年に一度、そして3年に一度の検査に変更したサーベイランス、Cur+Seは現行の検査頻度のままで早期摘発を目的としインターフェロンガンマテストなどを併用し無病巣感染期への摘発感度を上げた場合、そしてE3y+Seは全ての地域で3年に一度の検査をしかつ無病巣感染期への摘発感度を上げた場合を示す。各シナリオについて50回シミュレーションを行った。

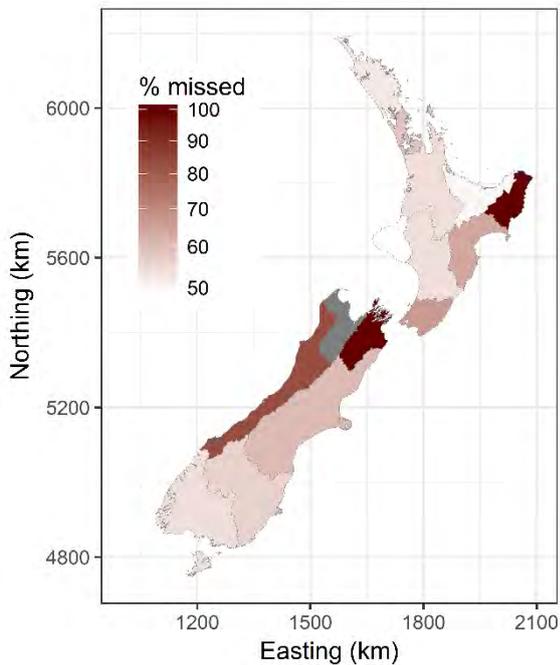


図1-2-5 各地域においてどの程度牛結核感染農家が摘発を免れているか示した図。低リスク地域は3年に一度の検査にも関わらずある程度感染農家を摘発出来ていることが示唆される。逆に高リスク地域では1年に一度の検査にも関わらず、多くの感染農家が摘発出来ていないことが示唆される。これは牛結核のゆるやかな感染拡大様式、長い潜伏期間、および低い検査感度により検査頻度を上昇させてもその効果が頭打ちになることを示している。

3) 成果活用における留意点

ヨーネ病と牛白血病について推定された感染動態に関するパラメーターは、今後のシミュレーションを用いた研究などに活用できる。日本のヨーネ病に関するシミュレーションの結果は、サーベイランスの方法など、今後のヨーネ病対策の検討に活用できる。

ニュージーランドの牛個体群の移動について明らかになった特徴は、今後の牛疾病の感染拡大シミュレーションなどに活用できる。ニュージーランドの牛結核病に関するシミュレーションの結果は、同国における牛結核病サーベイランスの検討等に活用できる。また、これらのアプローチは、日本国内の牛疾病の感染拡大シミュレーション等にも応用できる。

4) 今後の課題

ヨーネ病の感染拡大シミュレーションについては、牛の飼養年齢分布などのモデルで使用しているパラメーターの値について、より適切な値を検討する必要がある。また、シミュレーションを用いて比較する対策について、今後の防疫対策の検討の方向性を踏まえて、都道府県や農林水産省の意見を聞いて多角的に検討する必要がある。

牛結核病の感染拡大シミュレーションについては、より精度の高い評価を行うためにはベクターとなりうる野生動物の分布状態についての科学的知見が必須である。また、牛結核病は生物学的にもいまだ不明なパラメーターが多いため、十分な感度分析を行い、得られた結果がパラメーターによって大きく変動しないことを確認する必要がある。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
小課題番号	2 - (1)	研究期間	平成25～29年度
中課題名	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
小課題名	2. 家畜伝染病発生時の防疫対策を支援する情報分析技術の高度化 (1) 節足動物媒介性感染症の監視・予察技術の高度化		
小課題責任者名・研究機関	梁瀬徹・農研機構動物衛生研究部門越境性感染症研究領域 暖地疾病防除ユニット		

1) 研究目的

アカバネ病に代表されるアルボウイルス感染症は毎年のように流行を繰り返し、畜産業に大きな影響を及ぼしており、最近ではウイルスの変異による病態の変化も確認されている。また、国内ではサシュペリウイルスなど新たなアルボウイルスの侵入も確認されており、欧州で流行したシュマレンベルクウイルス感染症も含め、新しいアルボウイルスに対する診断や監視体制の整備が求められている。疾病の原因となるアルボウイルスは、媒介節足動物（ヌカカや蚊）とともに海外から侵入してくると考えられているが、それらの侵入や流行機序については、ほとんど不明である。そこで、本研究課題では、アルボウイルス感染症の流行リスク要因に関する研究、アルボウイルスの伝播と媒介節足動物の役割に関する研究、及びアルボウイルス感染症の診断法の検証と改良に関する研究を通じて、アルボウイルス感染症の効果的な監視・予察システムについて検討する。

2) 研究成果

① 発生データや気象データ等を用いたアルボウイルス感染症の解析

牛流行熱の感染拡大は、ウイルスを保有した媒介昆虫の飛来による可能性があることから、2012年の八重山地域で発生した牛流行熱の発生地域に流入した空気塊の由来を、気象モデルを用いて解析した（後方流跡線解析）。この結果、八重山地域における発生は、東南アジアから飛来した媒介昆虫によってもたらされたウイルスが原因であることが示唆された（図2-1-1）。また、空間統計解析の結果、八重山地域内における感染拡大については、地域の環境が農用地や水田などである場合に感染拡大しやすいなど、地理的要因が地域内伝播に影響を与えている可能性が示唆された。

2011年に島根県で発生したアカバネ病生後感染事例について、空間統計解析を行ったところ、農用地の割合が多い場所と近隣に発生戸数が多い場所が発生と有意に関連していた。

2007年～2015年の沖縄県のアルボウイルス感染症抗体調査データを用いて、アカバネ病の抗体陽転と気象要因との関係を分析した。この結果、その年の冬期の気温が高い年や春期の降水量が多い年に抗体陽転が起りやすいなど、気象要因が関連することが示唆された。

また、過去20年にわたる八重山地域のおとり牛の血清調査の結果、アカバネ、アイノ、チュウザン、イバラキウイルスに対する抗体が高頻度（10～15回）に検出された。また、ピートン、サシュペリ、シャモンダ、牛流行熱、ディアギュラ、流行性出血病（血清型7）ウイルスに対する抗体も2～9回確認され、八重山地域には、様々なアルボウイルスが高頻度に侵入していることを明らかにした。

② 遺伝子マーカーを用いた媒介節足動物の侵入経路の推定

国内外で採集されたウシヌカカの遺伝的差異を遺伝子マーカーとして解析したところ、国内と東アジア及び東南アジアの北部の個体群との間では遺伝的差異が小さいことが明らかとなり、ウシヌカカはこれらの地域から日本に飛来侵入している可能性が示された。

③ 蚊類のアルボウイルス媒介能の評価

微小な針を用いて、蚊の体内に直接ウイルスを接種するマイクロインジェクション法を用いた結果、牛流行熱ウイルス（BEFV）とアカバネウイルス（AKAV）を接種したコガタアカイエカから、2週間飼育後、ウイルス遺伝子が検出され、これらのウイルスが蚊の体腔内で増殖可能であることが示唆された。また、ウイルスを含む血液を人工的に吸血させる人工吸血法の場合でも、2週間飼育後、蚊の体内からAKAVが確認され、AKAVはコガタアカイエカに経口感染する可能性が示唆された。AKAVがコガタアカイエカの体内で増殖することが示されたこと、感染蚊の唾液からもウイルス遺伝子が確認されたことから、コガタアカイエカはアカバネウイルス媒介能を持つことを示唆された（図2-1-2）。しかし、感染蚊の唾液からはウイルスの遺伝子が検出されたものの、ウイルスは分離されなかったことから、蚊が感染させるウイルスの量は極めて少ないと考えられ、効率的な媒介はできないと推測された。

④ アルボウイルス検査手法の開発

新たに開発した旧シンプ血清群 [AKAV、アイノウイルス（AINOV）、ピートンウイルス（PEAV）等] に共通な塩基配列を検出する遺伝子検査（リアルタイムRT-PCR法）のプライマーとプローブ、ならびにAKAV、AINOV、PEAVのそれぞれに特異的なプライマーとプローブを設計し、感度を検証した。

ドイツからシュマレンベルクウイルス（SBV）を導入し、既報のSBVを特異的に検出するリアルタイムRT-PCRおよび前述の旧シンプ血清群に共通なリアルタイムRT-PCRによる感度の検証を行った。また、SBVに特異的な系で、国内で確認されているアルボウイルスを検査しても、非特異的の反応が起きないことを確認した。

サシュペリウイルス（SATV）、シャモンダウイルス（SHAV）に加えて、これらのリアソータントウイルスやSBVを検出可能なRT-PCR法を開発した（図2-1-3）。

パリアムウイルス群に属するチュウザンウイルスおよびディアギュラウイルスをそれぞれ特異的に検出するRT-PCR法を開発した。

これらの結果を踏まえ、アルボウイルスに係る一般的な取扱法や検査手法ならびに、グループ特異的および、それぞれのウイルスに特異的な遺伝子検出法（RT-PCRおよびリアルタイムRT-PCR）を記載した検査マニュアルを作成した。

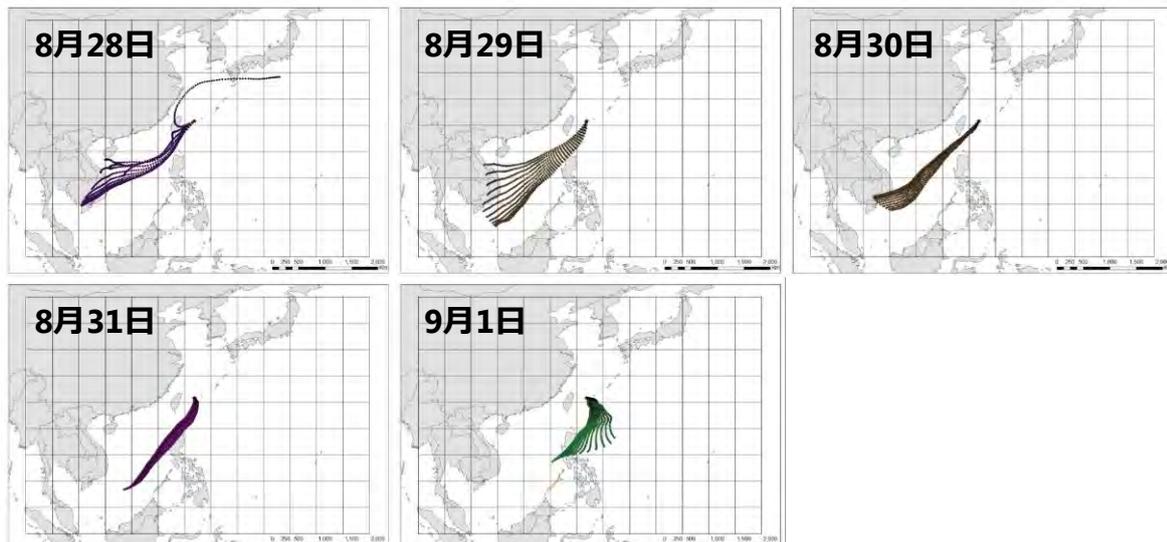


図2-1-1 八重山地域の牛流行熱発生時における後方流跡線解析の結果

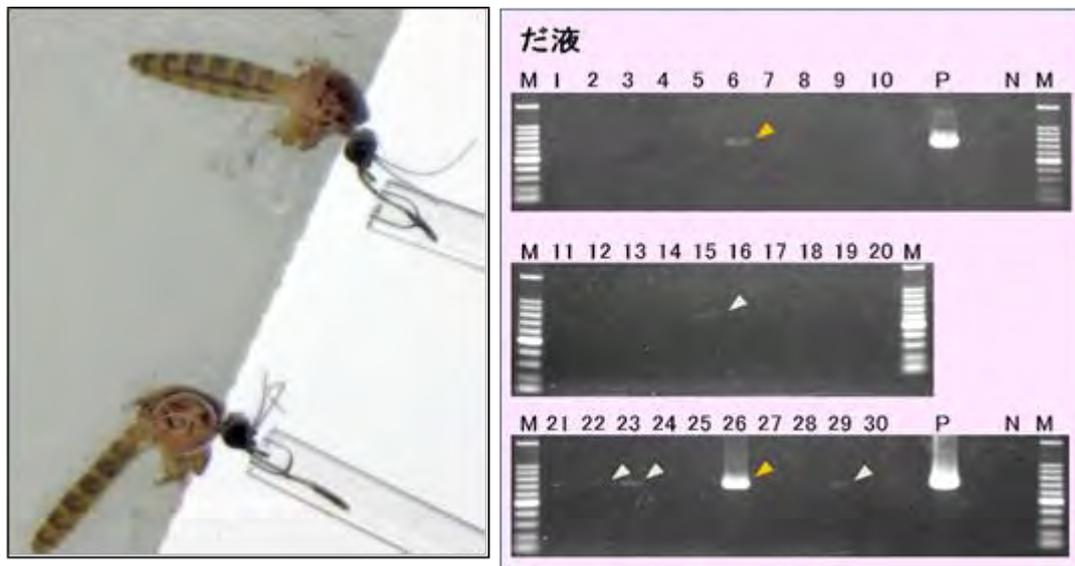


図2-1-2 マイクロインジェクションによりアカバネウイルスを感染させたコガタアカイエカからのだ液の採取（左図）とだ液からのウイルス遺伝子の検出（右図）

P：陽性対照（OBE-1株），N：陰性対照（D.W.），M：100bpラダーマーカー

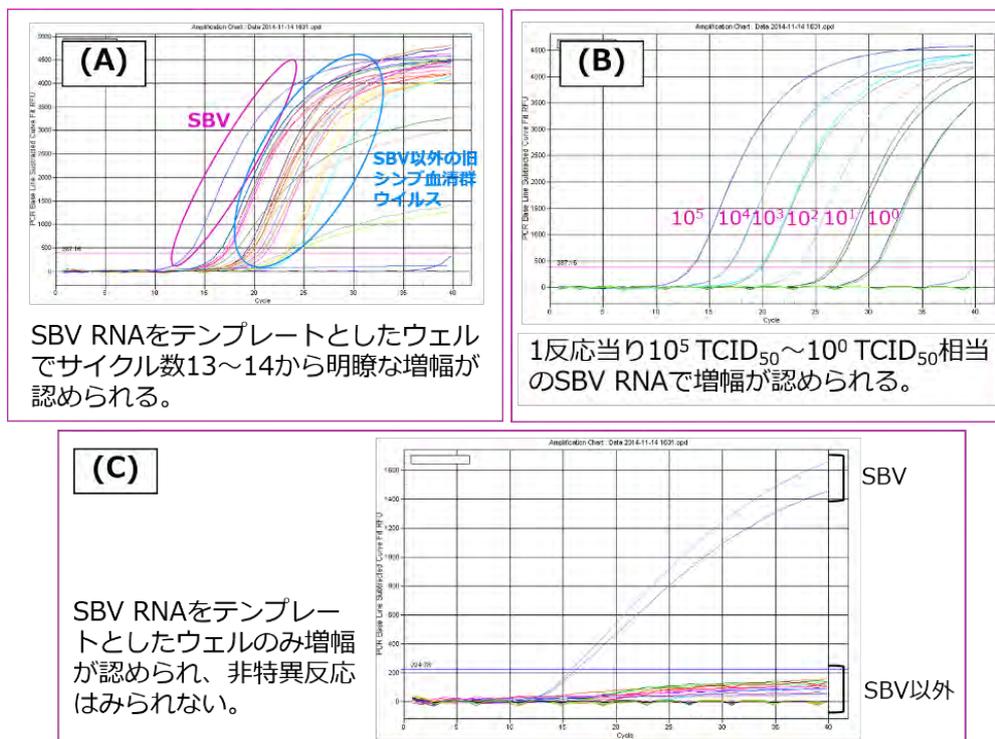


図 2-1-3 SBV 検出のためのリアルタイム RT-PCR 法。これまでに開発した旧シンプ血清群共通検出用プライマー・プローブセットを用いて、(A) SBV およびその他の旧シンプ血清群ウイルス培養上清から抽出した RNA ならびに (B) SBV 培養上清を 10 倍段階希釈液から抽出した RNA を供試した結果を示す。また、SBV および他の旧シンプ血清群ウイルス国内分離株の培養上清から抽出した RNA を用いて、Fischer *et al.* が開発した方法で検出した結果を (C) に示す。

3) 成果活用における留意点

本課題で開発された検査法や検査手技は、検出可能なアルボウイルスの種類が増えることなどにより、サーベイランスの効率化や、診断体制の強化に寄与する。また、本課題で作成したアルボウイルス検査マニュアルについては、関係機関と協議のうえ公開する予定である。

4) 今後の課題

アルボウイルスのサーベイランスにおいては、国外からの侵入リスクが高い地域、ならびに伝播が起こりやすい環境を精査して、選択的かつ重点的に監視を行うことなどを検討する必要がある。各種のアルボウイルス感染症の特性（臨床症状、発症率、病原ウイルスの特徴）と実用可能な診断法の種類に基づいて、感度の高いサーベイランスの手法を選択することが重要である。また、サーベイランスによって得られた結果や、アルボウイルス感染症の発生状況をいち早く生産者や家畜衛生関係者に通知する方法が必要である。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
小課題番号	2-(2)	研究期間	平成25～26年度
中課題名(契約課題名)	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
小課題名	2. 家畜伝染病発生時の防疫対策を支援する情報分析技術の高度化 (2) 重要家畜伝染病発生時の経済評価システムの開発		
小課題責任者名・研究機関	関口 敏・国立大学法人 宮崎大学		

1) 研究目的

我が国では口蹄疫や高病原性鳥インフルエンザなど重要家畜伝染病が発生し、甚大な被害をもたらした。これら家畜伝染病の発生による経済的被害は、発生時の防疫対策に係る直接的な費用や移動制限などによって生じる地域経済への間接的な影響のみならず、地域産業の経済活動が回復するまでの復興に要する費用など様々な要素が含まれる。一般に、家畜伝染病の発生による経済的損失や防疫対策の費用対効果に関する報告は、発生時の被害を包括的に把握することを目的としており、個別の経営体で具体的にどのような被害が生じ、経営再開までにどのような負担が生じているのかは明らかにされていない。そこで本研究は、地域の畜産の特徴に応じた重要家畜伝染病発生時の経済的損失を推定するシステムを開発することを目的とする。

2) 研究成果

(ア) 重要家畜伝染病の発生による経済的損失額の算出

宮崎県の統計データベースや調査結果を基に、口蹄疫や高病原性鳥インフルエンザの発生地域における直接的被害および間接的被害額を算出した。宮崎県内の肉用鶏農場1戸で高病原性鳥インフルエンザが発生した場合の直接的被害について、統計データベース等の公開情報を用いて産業連関分析により解析を行った。過去の発生情報から発生農家の損失額を7千3百万円と設定し、この損失から他産業へ波及する経済損失を算出したところ、第1次波及効果による損失は8千2百万円、第2次波及効果による損失は6百万円となり、本病発生に伴う経済損失額は総額で8千8百万円と推定された。また、産業部門別の経済波及効果を計算したところ、畜産部門への影響が最も大きかった。

(イ) 重要家畜伝染病に対する防疫対策の作業内容と防疫資材の調査

宮崎県や県内市町村、農業協同組合、農業共済組合と口蹄疫や高病原性鳥インフルエンザの発生時の防疫対策の内容に関する意見交換会を実施し、防疫作業に関する情報を収集した。また、関係機関から入手した防疫マニュアル等の資料から、防疫作業に必要な資材を抽出し、各品目をリストアップした。これにより防疫資材として必要な防護服関係資材および防疫作業関係資材が明確となった。次にこれらの作業資材11品目について、市場価格に基づく価

格帯を調査した。代表的な防護服関係資材としては長靴、防護服、手袋、ゴーグル、N95マスク、帽子があり、防疫作業関係資材は動力噴霧器・タンク、消石灰、シリンジ、注射針、ホースが挙げられた。これらの資材の平均価格は4,052円、1,085円、1,350円、2,300円、195円、1,875円、53,500円、1,500円、140円、850円、14,300円であった。

(ウ) 重要家畜伝染病発生時の防疫対策に要する費用を算出するシステムの開発

上記の調査結果を基に、口蹄疫や高病原性鳥インフルエンザに対する防疫対策に必要な資材の特定と、それら市場価格に基づくコストの情報を収集し、防疫対策に必要な予算を迅速に見積もるシステムを構築した。まず、宮崎県内の肉用牛肥育農場（600頭規模）で口蹄疫が発生したことを想定し、防疫対策に係る費用を算出した。移動制限区域内の農場数は500戸、採材を必要とする農場は30戸と仮定した。この時に殺処分関係に必要な作業員数は2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の経験を基に200人とした。このシナリオに基づく試算によると、防護服関係資材に合計で約170万円（最小値）、防疫作業関係資材に約330万円（最小値）が必要であることが明らかとなった。これら基本経費として、2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の経験を基に予備資材の確保や予算超過等を考慮し最終的に倍額にすると、今回のシナリオでは少なくとも約1千万円の防疫対策費を確保することが必要であることが明らかとなった。

3) 成果活用における留意点

特になし

4) 今後の課題

本調査で得られた知見の獣医師ならびに農家指導業務に従事する畜産関係者に周知し、データに基づいた衛生対策指導を推進することが課題として考えられた。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
小課題番号	2-(3)	研究期間	平成25～27年度
中課題名(契約課題名)	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
小課題名	2. 家畜伝染病発生時の防疫対策を支援する情報分析技術の高度化 (3) 家畜伝染病の発生が及ぼす社会学的影響に関する疫学研究		
小課題責任者名・研究機関	蒔田浩平・学校法人酪農学園 酪農学園大学		

1) 研究目的

家畜伝染病の発生予防には各農場における日頃の衛生対策が重要であるが、こうした衛生管理の徹底には各農場経営者の疾病予防に対する意識が大きく影響していると考えられる。また、伝染病発生時に移動制限や殺処分といった防疫措置を円滑・迅速に実施するためには、農場関係者による理解と協力が不可欠である。本研究では、災害対応等の場面で応用されている社会学的手法を用いることにより、農場関係者及び消費者の防疫対策に対する意識や理解に関する情報を解析し、より適切な防疫対応や情報提供のあり方を検討することを目的とする。

2) 研究成果

本小課題では、酪農、肉用牛、養豚、採卵鶏については主要畜産地域である北海道と都市近郊畜産地域である埼玉県において、めん羊については北海道のみで、さらに肉用鶏については全国の生産者を対象として、参加型手法と質問票調査を用いて農場衛生対策に影響する因子について疫学調査を行い、その結果について統計学的解析を行った。また、2010年に宮崎県で発生した口蹄疫で、生産者、地域住民、防疫に従事した獣医師ならびに畜産関係者に大きな精神的ストレスがもたらされたことを踏まえ、実際に殺処分に従事した獣医師、宮崎県庁職員、精神科医、宮崎大学とともに家畜衛生メンタルヘルスマニュアルを作成した。

質問票調査の結果、飼養衛生管理基準の項目のうち遵守されている項目数を遵守率とした場合、畜種別では遵守率の高さは、ブロイラー、地鶏、養豚、めん羊、採卵鶏、酪農、肉用牛の順に高かった。

飼養衛生管理基準の遵守率と、飼養管理者の意識や農場の状況などの社会学的因子との関係を分析するため、遵守率を従属変数、社会学的因子を説明変数として、北海道と埼玉県のデータを用いて多変数解析を行った。酪農では、飼養衛生管理基準改正後の衛生意識向上 ($p = 0.03$)、衛生に関する講演会出席回数が多いこと ($p = 0.01$)、NOSAIから衛生関連知識を入手していること ($p < 0.01$)、衛生関連関係団体数が多いこと ($p = 0.02$)、従業員数が多いこと ($p = 0.03$) が高い遵守率と関係していた。肉用牛では、仕

事で衛生対策を優先していること ($p < 0.01$)、基準改正後に法令への理解度が上昇したと考えていること ($p < 0.01$)、参加している衛生関連関係団体数が多いこと ($p < 0.01$) が高い遵守率と関係していた。養豚では、衛生関連講習会への出席回数が多いこと ($p = 0.01$)、従業員数が多いこと ($p = 0.02$) が高い遵守率と関係しており、また、遵守率の高い農場では過去10年間の発生疾病種類数が低かった ($p < 0.01$)。一方、衛生関連の知識を主に民間会社から入手している農場では遵守率が低かった ($p < 0.01$)。採卵鶏では、衛生関連講習会への出席回数が多い ($p < 0.01$)、衛生関連知識を主に獣医師から入手している ($p = 0.04$) 農場で遵守率が高く、衛生関連知識を主に農協から入手している ($p < 0.01$) 農場で遵守率が低かった。ブロイラー農場においては、基準改正後に一般人の農場訪問に病原体侵入の危機意識が変化した農場 ($p < 0.01$)、衛生関連公共サービスに満足している農場 ($p < 0.01$) で遵守率が高く、鶏舎数が多い農場で遵守率が低かった。地鶏農場については、基準改正後に衛生意識が向上した農場 ($p < 0.01$) で遵守率が高かった。めん羊については、衛生関連知識を主に農協から入手している農場 ($p < 0.01$) で遵守率が低かった。

飼養衛生管理基準を①媒介物による病原体侵入防止、②農場内アクセスの制限、③野生動物からの感染防止、④農場内感染拡大防止、⑤初動準備体制の維持、の5つのカテゴリーに分けて遵守率を比較した場合、ブロイラー以外の全畜種で媒介物による病原体侵入防止対策のカテゴリーが他の一つ以上のカテゴリーより有意に遵守率が低かった。ブロイラーについては、農場内感染拡大防止の遵守率が、他の4つのカテゴリーより有意に低かった。北海道の酪農・肉用牛農場では、さらに農場立ち入り制限の実施が、他の一つ以上のカテゴリーと比較して有意に遵守率が低かった。

リスクコミュニケーションの在り方を考える参加型調査では、本調査結果を獣医師ならびに畜産関係者に伝え、情報に基づいた農場指導を行うようサポートすることの必要性が指摘された。

考察として、全ての畜種に共通して、農場主の年齢や従業員数などのキャパシティが十分であること、また正しい知識を十分に得ることで衛生意識が高くなり、衛生対策の実践に繋がると考えられた。このため、小規模農場への労働力を補う取り組みや、正しい衛生知識の伝達方法の工夫が防疫体制の強化に繋がると考えられた。

メンタルヘルスマニュアルは4章で構成され、第一章には家畜伝染病発生中のメンタルヘルス、第二章には平時におけるメンタルヘルス対策、第三章には保健セクターとの連携、第四章には管理職が防疫従事者のこころのケアで気を付けることについて記述した。本マニュアルは、国と都道府県庁、NOSAIなど口蹄疫発生時に職員を防疫活動に従事させる組織に有用な内容となっており、関係者の立場に応じて必要な箇所を簡単に参照できるように構成されている。本マニュアルは有事の際に役立てることが出来るよう、全ての都道府県の畜産主務課に配布済みである。

3) 成果活用における留意点

特になし。

4) 今後の課題

本調査で得られた知見の獣医師ならびに農家指導業務に従事する畜産関係者に周知し、データに基づいた衛生対策指導を推進することが課題として考えられた。

中課題番号	13405871	研究期間	平成25～29年度
小課題番号	3－(1)	研究期間	平成25～29年度
中課題名	重要家畜疾病の迅速・的確な防疫措置に必要な技術の開発		
小課題名	3. 新型疾病発生時の迅速診断法の開発 (1) 新興ウイルス感染症の網羅的検出法の開発		
小課題責任者名・研究機関	水谷哲也・東京農工大学農学部附属国際家畜感染症防疫研究教育センター		

1) 研究目的

家畜の感染症対策としては、口蹄疫や鳥インフルエンザなどの伝播力が強い越境性の伝染病に加えて、既知のウイルスが変異したウイルスやこれまで知られていない病態を伴うウイルスによる感染症の発生に備えることが非常に重要である。これまでも、海外ではヘンドラウイルスやニパウイルスの発生が確認され、最近では欧州でシュマレンベルグウイルスの流行が問題となっている。ウイルス性疾病の検査方法としてはPCR法などによるウイルス遺伝子の検出が有効であるが、現在の手法では、ターゲットとする病原ウイルスを分離した上で遺伝子配列を明らかにし、ウイルス遺伝子に相補的な遺伝子配列(プライマー)を用意する必要があるため、大きな遺伝子変異を伴うなど既存の方法では摘発できない新たなウイルスへの応用が困難である。こうした問題を解決するため様々な方法が開発されてきたが、従来の方法による解析には1週間程度を要するのが現状である。このため、本研究では、血液等の検査材料をそのまま検査に用いることを可能とするとともに、最近開発された次世代型シーケンサーを応用することにより、これまでの検査法では検出できなかったウイルスの検査が可能で、かつ、検査結果が迅速に得られる検査法の開発を目的とする。

2) 研究成果

問題となっている疾病の原因となっているウイルスが未知である場合には、ウイルスの増殖に必要な培養細胞の適合性が不明であるため、遺伝子検査に先立って当該ウイルスを分離できないことが多い。こうした場合には、血液等の検体を直接、遺伝子解析の検査材料とする必要があるが、この方法では検体中に宿主(家畜)の遺伝子や、疾病とは関係ない病原性・非病原性の細菌やウイルスの遺伝子が大量に存在していて、原因ウイルスの検出の妨げとなる。このため、血液等の検体に大量に含まれる宿主由来の遺伝子を効率的に除去する技術を開発した。多様なウイルスに対応するため、当該手法は、一本鎖DNAウイルス、一本鎖RNAウイルス及び二本鎖RNAウイルスのそれぞれに対応できるように開発した。さらに、この処理を行った検査材料から、Agilent社のSureSelectシステムを活用して、既知のウイルスとの類似性に基づいて、病原ウイルスに特異的な遺伝子のみを効率的に抽出する技術を開発した。この際、一度の検査で多様なウイルスに対応できるよう、農林水産省

と協議の上で既知の病原ウイルスを畜種ごとにリストアップし、これらのそれぞれのウイルスを選択するプローブを作成して、混合して使用することとした。牛、豚及び山羊については、一部の病原体に重複があること、包括的な選択プローブの作成で検査に支障がないことが確認されたことから、これらの畜種については同一のプローブセットにより検査できるようにした。牛の糞便などの野外材料を用いて検証したところ、ターゲットとなるウイルスの検出感度が飛躍的に向上すること、また、検体中に複数の病原ウイルスが存在した場合でも、それらを全て検出できることが確認できた。さらに、次世代型シーケンサーで得られた膨大なデータを解析し、検出された遺伝子情報に該当する病原ウイルスを特定するため、既知のウイルスの遺伝子情報を網羅した比較ライブラリーを整備することなどにより、検体に含まれるウイルスを短時間で効率的に特定する技術を開発した。これらの取り組みにより、牛、豚及び山羊では合計865種（図3-1-1）、鶏では151種のウイルスを網羅的に探索することが可能となり、検査開始からウイルス遺伝子の配列を得るまでの全ての工程を18時間以内に完了できる一連の検査手法を確立した（図3-1-2~3-1-3）。

ここまでに確立した手法は、Illumina社のMiSeqシーケンサーの使用を前提としていたが、手技の汎用性を確保するため、ThermoFisher社のIon PGMシーケンサーを用いた場合の手法についても検討した。その結果、使用する試薬や検査手順に変更が必要であり、また、検査に必要な時間が若干延長するものの、48時間で同様の検査を実施できることが確認できた。

また、本システムを開発している過程において、家畜の新規のウイルス（豚エンテロウイルス遺伝子にトロウイルス遺伝子が組み込まれたエンテロウイルスとトロウイルスのゲノム組み換えウイルス、牛の下痢便からの新しいエンテロウイルス）を発見した。さらに、牛アストロウイルス、豚のA群及びC群ロタウイルス、豚のサポウイルス、及び山羊関節炎・脳脊髄炎ウイルスについて、遺伝的多様性を明らかにし、学術的な成果を得た。

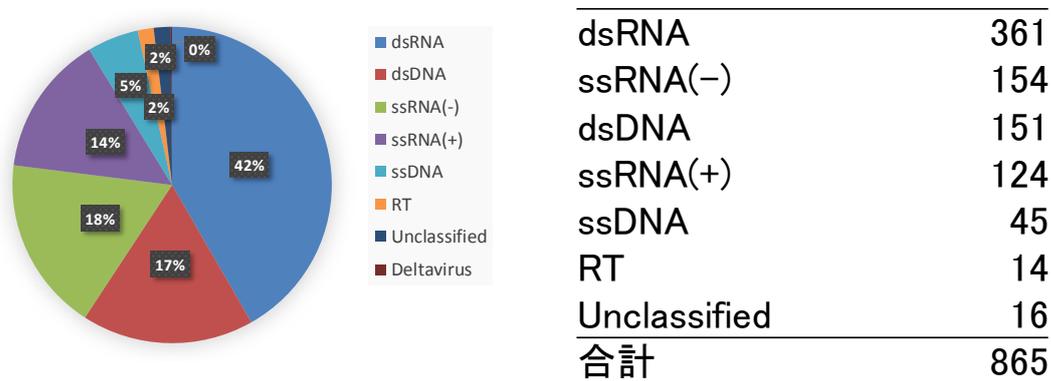


図3-1-1 SureSelectでデザインした牛・豚・山羊に感染するウイルス種

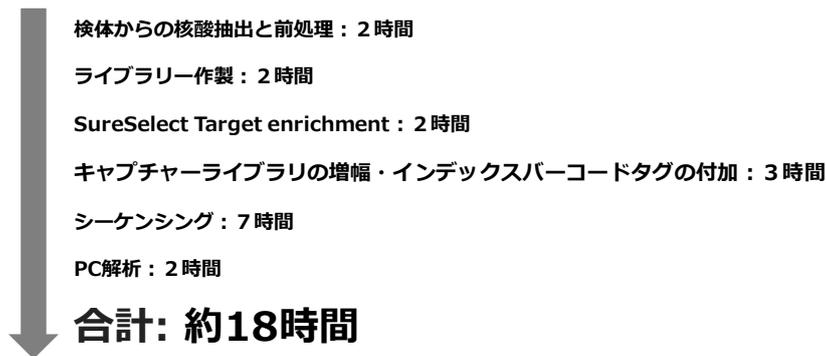
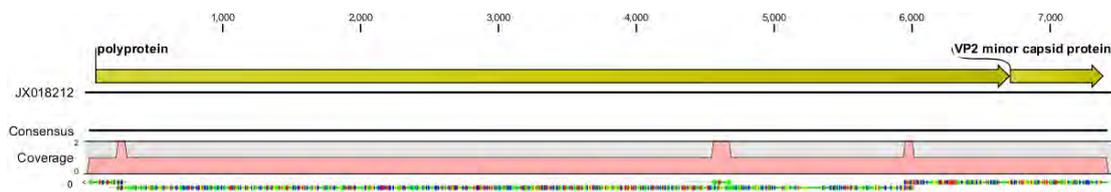


図3-1-2 迅速かつ網羅的なウイルス検出システムの作業工程と作業時間

Nebovirus

カリシウイルス科・ネボウイルス属・牛に壊死性肝炎



Name	Reference Latin name	Reference length	Consensus length	Total read count (contig)	Average coverage
JX018212 mapping	Nebovirus Bo/M3641/2011/HUN	7453	7384	4	1.0

図3-1-3 新規法を用いた解析例（全ゲノム塩基配列を決定できる）

3) 成果活用における留意点

SureSelect等によるウイルスの選択的網羅的検出および次世代シーケンサーを用いたメタゲノム解析により、既知と未知のウイルスを迅速に検出できるシステムを確立した。本システムは、Illumina社又はThermoFisher社の次世代シーケンサーを使用することを前提として設計した。

4) 今後の課題

SureSelectと次世代シーケンサーの組み合わせは、家畜由来ウイルスの迅速かつ網羅的な検出を可能にしたが、検査に必要な機械及び試薬にかかる費用がいずれも高額で、実施可能な研究機関に限られる。今後は同様の性能を維持しながら、より安価な方法を開発することにより、各地域の診断施設でも実施可能なシステムとすることが望まれる。

これまでの研究実施期間における研究成果(論文発表、特許他)【一般公表可】

課題番号 13405871

成果等の集計数

課題番号	学術論文		学会等発表(口頭またはポスター)		出版図書	国内特許権等		国際特許権等		報道件数	普及しうる成果	発表会の主催(シンポジウム・セミナー等)	アウトリーチ活動
	和文	欧文	国内	国際		出願	取得	出願	取得				
13405871	1	21	16	9	6	0	0	0	0	0	6	0	1

(1)学術論文

区分: ①原著論文、②その他論文

整理番号	区分	機関名	タイトル	著者	掲載誌	巻(号)	掲載ページ	発行年	発行月
1	①	東京農工大学	Use of S1 nuclease in deep sequencing for detection of double-stranded RNA viruses.	Shimada Sら	J Vet Med Sci	77	1163-116	2015	9
2	①	酪農学園大学	北海道の養豚場衛生対策の実践と意識に影響する社会的因子	渡部卓人ら	獣医疫学雑誌	19(2)	100-107	2015	12
3	①	動物衛生研究部門	Broad-range detection of arboviruses belonging to Simbu serogroup lineage 1 and specific detection of Akabane, Aino and Peaton viruses by newly developed multiple TaqMan assays.	Shirafuji Hら	J Virol Methods	225	9-15	2015	12
4	①	動物衛生研究部門	Fraction of bovine leukemia virus-infected dairy cattle developing enzootic bovine leukosis.	Tsutsui Tら	Prev Vet Med	124	96-101	2016	2
5	①	動物衛生研究部門	Epidemiological analysis of bovine ephemeral fever in 2012-2013 in the subtropical islands of Japan.	Hayama Yら	BMC Vet Res	12:47	1-13	2016	3
6	①	動物衛生研究部門	Spatial epidemiological analysis of bovine encephalomyelitis outbreaks caused by Akabane virus infection in western Japan in 2011.	Hayama Yら	Trop Anim Health Prod	48(4)	843-7	2016	4
7	①	動物衛生研究部門	Monitoring for bovine arboviruses in the most southwestern islands in Japan between 1994 and 2014.	Kato Tら	BMC Vet Res	12:125	1-11	2016	6
8	①	マッセー大学	Evaluating the efficacy of regionalisation in limiting high-risk livestock trade movements	Hidano Aら	Prev Vet Med	133	31-41	2016	10
9	①	東京農工大学	Whole genome sequences of Japanese porcine species C rotaviruses reveal a high diversity of genotypes of individual genes and will contribute to a comprehensive, generally accepted classification system.	Niira Kら	Infect Genet Evol	44	106-13	2016	10
10	①	東京農工大学	Development of one-step real-time reverse transcriptase-PCR-based assays for the rapid and simultaneous detection of four viruses causing porcine diarrhea.	Masuda Tら	Jpn J Vet Res	64	5-14	2016	10
11	①	東京農工大学	Full genome analysis of bovine astrovirus from fecal samples of cattle in Japan: Identification of possible interspecies transmission of bovine astrovirus.	Nagai Mら	Arch Virol	160	2491-2501	2016	10
12	①	東京農工大学	Identification of a novel bovine enterovirus possessing highly divergent amino acid sequences in capsid protein	Tsuchiaka Sら	BMC Microbiology	17:18	1-10	2017	1

13	①	東京農工大学	Development of a one-run real-time PCR detection system for pathogens associated with bovine respiratory disease complex	Kishimoto M ^ら	J Vet Med Sci.	79(3)	517-523	2017	3
14	①	東京農工大学	Discovery of fur seal feces-associated circular DNA virus in swine feces in Japan	Oba M ^ら	J Vet Med Sci.	79(10)	1664-1666	2017	10
15	①	東京農工大学	Molecular characteristics and prevalence of small ruminant lentiviruses in goats in Japan.	Kokawa S ^ら	Arch Virol	162(10)	3007-3015	2017	10
16	①	東京農工大学	Genetic diversity and intergenogroup recombination events of sapoviruses detected from feces of pigs in Japan.	Kuroda M ^ら	Infect Genet Evol	55	209-217	2017	11
17	①	動物衛生研究部	Meteorological factors affecting seroconversion of Akabane disease in sentinel calves in the subtropical Okinawa Islands of Japan.	Hayama Y ^ら	Trop Anim Health Prod	50(1)	209-215	2018	1
18	①	動物衛生研究部	Evaluation of fecal shedding and antibody response in dairy cattle infected with paratuberculosis using national surveillance data in Japan.	Yamamoto T ^ら	Prev Vet Med	149	38-46	2018	1
19	①	東京農工大学	Genetic diversity and recombination of enterovirus G strains in Japanese pigs: High prevalence of strains carrying a papain-like cysteine protease sequence in the enterovirus G population.	Tsuchiaka S ^ら	Plos One	11	13:e0190819	2018	1
20	①	東京農工大学	A new comprehensive method for detection of livestock-related pathogenic viruses using a target enrichment system.	Oba M ^ら	Biochem Biophys Res Commun	495(2)	1871-1877	2018	1
21	①	東京農工大学	Discovery of genome of an immunodeficiency-associated virus-like virus from pig feces in Japan.	Oba M ^ら	Jpn. J. Vet. Res.	66(1)	53-56	2018	2
22	①	動物衛生研究部門	Transition of Akabane virus genogroups and its association with changes in the nature of disease in Japan.	Yanase T ^ら	Trans Emerg Dis	65(2)	e434-e443	2018	4

(2)学会等発表(口頭またはポスター)

整理番号	タイトル	発表者名	機関名	学会等名	発行年	発行月
1	マルコフ連鎖モンテカルロ法を用いたヨーネ病診断法の評価	肥田野新ら	マッセー大学	獣疫学会学術集会	2014	4
2	参加型調査を用いた各畜種の農場における衛生対策の実践と意識に関する質的分析	渡部卓人ら	酪農学園大学	獣疫学会学術集会	2014	4
3	Mitochondrial phylogeography of <i>Culicoides oxystoma</i> in East and Southeast Asia, and Australia.	Yanase Tら	動物衛生研究部門	8th international congress of dipterology	2014	8
4	次世代シーケンサーを用いた2本鎖RNAウイルス検出法の確立	島田紗彩ら	東京農工大学	第157回日本獣医学会	2014	9
5	牛異常産関連オルソブニヤウイルスを検出するためのリアルタイムRT-PCR法の開発	白藤浩明ら	動物衛生研究部門	平成26年度日本獣医師会獣医学術学会年次大会	2015	2
6	北海道と埼玉県の採卵鶏農場の衛生対策の実践と関連する社会的因子	伊藤弘貴ら	酪農学園大学	獣疫学会学術集会	2015	3
7	北海道と埼玉県の酪農場の衛生対策の実践と関連する社会的因子	中原裕貴ら	酪農学園大学	獣疫学会学術集会	2015	3
8	北海道のめん羊農場における衛生対策の実践と関連する社会的因子	田村祐斗ら	酪農学園大学	獣疫学会学術集会	2015	3
9	牛の病気が風で伝播? - 牛アルボウイルス感染症の風による伝播の可能性 -	早山陽子	動物衛生研究部門	第56回大気環境学会年会	2015	9
10	Development of FMD transmission simulator in Japan	Hayama Yら	動物衛生研究部門	International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE)	2015	11
11	Socio-economic factors influencing biosecurity measures of livestock producers in Japan	Makita Kら	酪農学園大学	International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE)	2015	11
12	Evaluation of the nationwide serological surveillance for paratuberculosis using individual based simulation model	Yamamoto Tら	動物衛生研究部門	International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE)	2015	11
13	Influence of disease control zones on dairy cattle movement patterns	Hidano Aら	マッセー大学	International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics (ISVEE)	2015	11
14	Epidemiological analysis of foot-and-mouth disease in Japan	早山陽子	動物衛生研究部門	日韓獣疫学合同シンポジウム	2016	6
15	Epidemiology and Control Strategy for Animal Diseases in Japan	山本健久	動物衛生研究部門	2016 International Workshop on Veterinary Epidemiology	2016	8
16	日本国内農場における山羊関節炎・脳脊髄炎ウイルス(CAEV)の浸潤状況について	粉川幸樹ら	東京農工大学	第159回日本獣医学会学術集会	2016	9

17	一本鎖DNAウイルスゲノムの迅速検出法の開発	大場真己ら	東京農工大学	第159回日本獣医学会 学術集会	2016	9
18	日本の牛エンテロウイルスの分子系統解析	土赤忍ら	東京農工大学	第159回日本獣医学会 学術集会	2016	9
19	伴侶動物・産業動物・動物園動物における次世代シーケンサーの活用	水谷哲也	東京農工大学	第17回医薬品等ウイルス 安全性シンポジウム	2017	1
20	Farmer decision-making around livestock trading practices: the multifactorial roles of stock agents	Hidano Aら	マッセー大学	1st International Society for Economics and Social Sciences of Animal Health	2017	3
21	'Big data' and 'small data': towards a better understanding of disease data by modelling human behavior.	Hdano Aら	マッセー大学	3rd International Conference on Animal Health Surveillance	2017	4
22	コガタアカイエカCulex tritaeniorhynchusのアカバネウイルス媒介能について	梁瀬徹ら	動物衛生研究部門	第69回日本衛生動物学 会	2017	4
23	Biased inferences in phylodynamics arising from the violation of the homogeneous mixing assumption.	Hdano Aら	マッセー大学	Epidemics 6	2017	11
24	流行熱等のアルボウイルス感染症の疫学	早山陽子	動物衛生研究部門	平成29年度日本獣医師 会獣医学術学会年次大 会	2018	2
25	ピートンウイルスと流行性出血病ウイルスに関する最近の知見	白藤浩明	動物衛生研究部門	平成29年度日本獣医師 会獣医学術学会年次大 会	2018	2

(3) 出版図書

区分：①出版著書、②雑誌(注)(1)学術論文に記載したものを除く、重複記載をしない。)、③年報、④広報誌、⑤その他

整理番号	区分	著書名(タイトル)	著者名	機関名	出版社	発行年	発行月
1	②	牛のアルボウイルス感染症の流行監視と疫学	早山陽子	動物衛生研究部門	JATAFFジャーナル	2015	6
2	②	牛のアルボウイルス検出・同定のための新たな遺伝子検査技術	白藤浩明	動物衛生研究部門	JATAFFジャーナル	2015	6
3	②	ヌカカ類のアルボウイルス媒介能と生態	梁瀬徹	動物衛生研究部門	JATAFFジャーナル	2015	6
4	②	わが国におけるヌカカ媒介性アルボウイルス感染症の発生状況	梁瀬徹	動物衛生研究部門	獣医畜産新報	2017	6
5	②	牛流行熱の疫学	早山陽子、梁瀬徹	動物衛生研究部門	獣医疫学雑誌	2016	7
6	④	口蹄疫の伝播シミュレーター(JSMIN-FMD)の開発	早山陽子	動物衛生研究部門	技術の窓	2017	12

(4) 国内特許権等

整理番号	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	特許権等の種類	番号	出願年月日	取得年月日
	該当なし							

(5) 国際特許権等

整理番号	特許権等の名称	発明者	権利者(出願人等)	機関名	特許権等の種類	番号	出願年月日	取得年月日	出願国
	該当なし								

(6) 報道等

区分：①プレスリリース、②新聞記事、③テレビ放映、④その他

区分	記事等の名称	掲載紙・放送社名等	掲載年	掲載月	掲載日	機関名	備考
	該当なし						

(7)普及に移しうる成果

区分:①普及に移されたもの、製品化して普及できるもの、②普及のめどがたったもの、製品化して普及のめどがたったもの、③主要成果として外部評価を受けたもの

区分	成果の名称	機関名	普及(製品化)年月		主な利用場面	普及状況
②	口蹄疫の伝播シミュレーター(JSMIN-FMD)の開発	動物衛生研究部門	2016		国や都道府県等の防疫担当者が口蹄疫の防疫対策の立案や意思決定に活用できる。	都道府県の家畜防疫担当者や畜産農家等を対象とした研修会等を通じて普及を行っている。また、農研機構の成果情報として公表もされている。
②	家畜伝染病伝播シミュレーター(JSMIN)の開発	動物衛生研究部門	2018		国や都道府県等の防疫担当者が口蹄疫と豚コレラの防疫対策の立案や意思決定に活用できる。	都道府県の家畜防疫担当者や畜産農家等を対象とした研修会等を通じて普及を行う。
③	牛異常産関連オルソブニヤウイルス検出のためのリアルタイムRT-PCR法の開発	動物衛生研究部門	2015		国や都道府県等の病性鑑定施設での診断や、サーベイランス実施時に検体からのウイルス遺伝子の検出に利用できる。	すでに論文や農研機構の成果情報として、手法が公開されている。
②	アルボウイルスの検査マニュアル	動物衛生研究部門	2018		国や都道府県等の病性鑑定施設でのアルボウイルス感染症の検査や、それらの全国的な標準化への利用が可能である。	動物衛生課等の関係機関との協議を経て、公開する予定。
①	家畜防疫メンタルヘルス・マニュアル	酪農学園大学等	2015		国や都道府県が口蹄疫等の発生時の防疫対応を行う際に利用できる	国及び都道府県の家畜防疫担当者に配布済み。
②	家畜・家禽ウイルス感染症の迅速網羅的検出ラボマニュアル	東京農工大学	2018		国内で発生したウイルス感染症や海外から侵入したと考えられるウイルス感染症を対象に、検体入手からウイルスの特定まで24時間以内に完了できる方法である。既知と未知のウイルスを検出できる。	動物衛生課等の関係機関との協議を経て、普及を図る予定。家畜保健衛生所などの国内の診断施設へ普及予定。

(8)発表会の主催の状況

(シンポジウム・セミナー等を記載する。)

整理番号	発表会の名称	年月日			開催場所	参加者数	機関名	備考
	該当なし							

(9)アウトリーチ活動の状況

当事業の研究課題におけるアウトリーチ活動の内容は以下のとおり。

区分:①一般市民向けのシンポジウム、講演会及び公開講座、サイエンスカフェ等、②展示会及びフェアへの出展、大学及び研究所等の一般公開への参画、

③その他(子供向け出前授業等)

整理番号	区分	アウトリーチ活動	年月日			開催場所	参加者数	主な参加者	機関名	備考
1	②	アグリビジネス創出フェア2017への展示「口蹄疫の伝播シミュレーターの開発」	2017	10	4-6	東京ビッグサイト	約38,000人(農水省公表)	農林漁業者や食品企業等の関係者	動物衛生研究部門	