

新規豚パルボウイルスの解析

池田 秀 利

日本獣医生命科学大学 獣医学部 獣医学科

要約 豚パルボウイルス (porcine parvovirus, PPV) は妊娠豚に感染し胎児に感染が広がると、早産、ミイラ化、死産などの異常産を起こす。1960年代に初めて発見されたが、現在では世界中の豚生産国に蔓延し、養豚場では母豚へのワクチン接種でこのウイルスによる異常産を防いでいる。新規の豚パルボウイルスが2000年代に入って次々に発見されているが、今のところ疾患との関係は明らかではない。我々は食肉検査所で採材した豚のサンプルを調査し、日本でも古典的PPV以外に新規豚パルボウイルス (PPV2, PPV3, PPV4, Pbo-likeV) や豚サーコウイルス2型 (PCV2) が高頻度に存在することを認めた。すべて正常豚に持続感染していた。幾つかのウイルスについて遺伝子配列を解析すると、多様な株が養豚場ごとに違っていたり、混在しているケースも見られた。それらのウイルスがランダムに検出されるのか関連して検出されるのかを統計解析すると、幾つかのウイルスが関連して増えている可能性が示唆された。この我々が調べた健康豚の状況は、PCV2が主病因で他のウイルスや細菌との複合感染によって発症すると考えられている豚サーコウイルス関連疾病 (PCVAD) と類似していると考えている。この総説では我々の調査研究の経緯と最近のパルボウイルス学の展開を合わせて解説した。

キーワード：豚、パルボウイルス、豚サーコウイルス関連疾病、異常産

日獣生大研報 63, 6-11, 2014.

1. はじめに

私の所属する獣医学科獣医衛生学研究室ではこの4～5年、豚のウイルス、特に豚パルボウイルスの調査研究を行ってきた。本総説では、パルボウイルス全般についての最近の科学的知見の進展、そして我々の調査研究の経過とそれを通して解ったことなどをまとめた。

パルボウイルスとは分類学上パルボウイルス科のウイルス全体を指すが、この中には脊椎動物に感染するものから、節足動物に感染するものまで多種多様なパルボウイルスが含まれている。パルボウイルスのウイルス粒子は直径18～26nmの球状でウイルス全般の中でも最小の部類に属し、パルボという名前もラテン語で小さいという意味のparvusに由来している。ウイルス粒子の中には約5kbの直鎖状1本鎖のDNAがあり、これにウイルスが生存するためのゲノム情報すべてが含まれている。蛋白をコードする遺伝子はわずか2～3個である (図1)。パルボウイルスに共通な特性を2つ挙げると、一つは、熱やpHなどの変化すなわち環境変化に強く、また、色々な消毒剤にも比較的耐性である、というウイルス粒子の物理化学的な性質であり、2つ目は、ウイルスが細胞に感染した後、ウイルスゲノムDNAは細胞核内で複製されるが、ウイルスが複製できる細胞は細胞分裂の盛んな細胞に限られる、というウイルス複製の特性がある。これらの特徴は、パルボウ

ルスが蔓延し易く撲滅しにくいことに関連し、感染動物の体内では特殊な細胞に感染するため病気の種類にも深く関わっている。

2. 豚パルボウイルスの研究を始める契機

我々が豚パルボウイルスの研究を始める契機は厚生労働省の研究プロジェクトに参加したことであった。そのプロジェクトの目的は、農場から食卓までという畜産物の流通経路の中で、より安全で安心な食肉を消費者に供するという公衆衛生の立場から、食肉処理場の段階でヒトに感染するリスクの高い病原体を迅速に検査して検出するシステムを組めるかどうか検討することであった。我々は豚の検査手技開発の担当となり、豚臓器からウイルスDNA/RNA

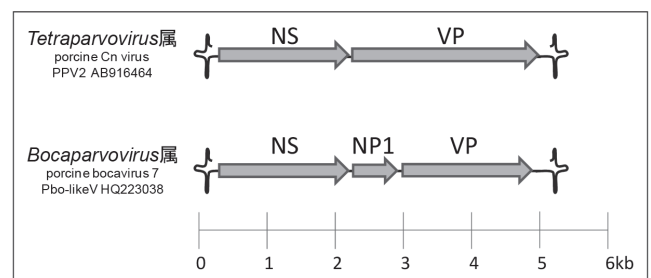


図1. パルボウイルスの基本構造

を抽出し遺伝子増幅反応（PCR）で色々なウイルス遺伝子を検出する手技を、様々な条件検討をもとにマニュアルを作製してその役目を終えた。寄せ集めの技術であるが、研究目的を全国の検査設備の整っていない食肉処理場でも実施可能で、専門技師でなくともわずかな機器で実施可能にすること、に定め、できる限り簡便・迅速・安価・高再現性のウイルス DNA/RNA 検査システムを作ったつもりである。

そのプロジェクトを進める過程で、食肉検査所で豚臓器を採材する機会が2008年と2010年に計3度あり、延べ12人ほどの学生と泊りがけで出向いて採材した。2008年の最初の調査では、豚120頭の扁桃について11種類のDNA・RNAウイルスの遺伝子を検査すると豚サーコウイルス2型（84%）と豚パルボウイルス（57%）の2種類のDNAウイルス遺伝子だけが検出され、それともかなり高率であった（表1）¹⁾。

表1. 豚扁桃からのウイルス遺伝子の検出頻度

	ウイルス名	ウイルス名略称	120頭中の%陽性率
DNA型ウイルス	豚サーコウイルス2型	PCV2	84
	豚パルボウイルス	PPV	57
	豚ヘルペスウイルス1型	SuHV1	0
RNA型ウイルス	E型肝炎ウイルス	HEV	0
	豚インフルエンザウイルス	SIV	0
	日本脳炎ウイルス	JEV	0
	豚流行性下痢症ウイルス	PEDV	0
	豚口タウイルス	PoRV-A	0
	伝染性胃腸炎ウイルス	TGEV	0
	豚繁殖・呼吸障害症候群ウイルス	PRRSV	0
	ゲタウイルス	GETV	0

三井ら, 2010年学会発表¹⁾

一般に豚は生後約6ヶ月令で食肉処理され、肉は検査を受けて市場に流通する。我々が食肉処理場のサンプルで高率に検出した豚サーコウイルス2型DNAについては、当時養豚業界で大問題になっていた豚サーコウイルス関連疾病（PCVAD）の主要な原因ウイルスであり多くの人が調査していたため、予想通りの高い陽性率であった。しかし、豚パルボウイルスについては1970年代に日本侵入が確認された当時盛んに調査されたが、その後、ほとんど調査報告が見あたらなかった。それは豚パルボウイルスがなくなったからではなく、ウイルスは蔓延したものの良いワクチンが広汎に使われているため、発症（胎児の死産・流産）が抑えられて余り問題になっていなかったのがあった。よって、豚パルボウイルス遺伝子が高率に検出されたのも当然のことであった。

食肉になる6ヶ月令の豚が高率にこの2つのウイルスを保持しているのは、生後から経時的に変化するウイルスの体内動態と関係している。豚サーコウイルス2型や豚パルボウイルスは日本を含めた世界の養豚生産国に蔓延していて、2～3ヶ月令の豚のほとんどは自然感染するようになり、母豚の年令になると全頭の個体は両ウイルスに対す

る抗体を持っている。母乳を飲んだ子豚は母親の抗体を受け継ぐので、生後1～3ヶ月令までは感染を阻止できるが、それ以降母獣抗体が消失するとウイルスに感染するようになり、6ヶ月令では抗体を持ちつつウイルスも体内で増殖している、いわゆる持続感染状態となる。食肉処理場で採取したサンプルはそれを反映して、両ウイルス遺伝子が高率に検出されるのだと考えられる。

養豚場に送られてくる6ヶ月令程の豚は両ウイルスに感染していても健康である。しかし、もっと若い豚は特殊な状況下でこれらのウイルス感染が原因で発症する。すなわち豚サーコウイルス2型の場合、感染し始める2～3ヶ月令の子豚で、様々な悪条件が重なると豚サーコウイルス関連疾病を起こす。一方、豚パルボウイルスの場合は、抗体を持っていない妊娠豚が感染すると母豚は無症状でも胎児に感染し死産・流産となる。いわゆる感染性異常産の一つである。成獣は感染しても発症することはほとんどない。現在日本では多くの母豚は豚パルボウイルスの野外株に自然感染しているが、さらに生ワクチンか不活化ワクチンを何度も接種されているので豚パルボウイルスによる胎児の異常産が抑えられている。

3. 新規パルボウイルスの発見と新分類

豚パルボウイルスの文献を色々調べていく段階で、異常産を起こす豚パルボウイルスとは異なる新規の豚パルボウイルス遺伝子が続々と報告されていることを知った。豚以外の色々な動物から新規パルボウイルスの新発見が続いていた。しかも、遺伝子は類似しているのに別名で呼ばれていたり、遺伝子構造も論文によって少し異なっていたり、パルボウイルス学の情報は混乱していた。その様な時期（2010年頃）に我々は新規パルボウイルスの野外調査をスタートさせたが、今年2014年になって、ウイルス分類学者達によるパルボウイルス科の新分類が提案され、やっと整理して理解できるようになってきた（表2）²⁾。

ウイルスの分類は、科-亜科-属-種-株の順で細分されるが、この新分類は前分類（2004年）の属以下を大幅に変えている。脊椎動物を宿主とする *Parvovirinae* 亜科と節足動物を宿主とする *Densovirinae* 亜科の両方を合わせると、9属が13属に、37種が56種に、53株が134株に増えている。ほとんどは、分類のし直しではなく、新しいウイルス遺伝子の発見によるものである。

この新分類を提案した論文はこの分類法の基本的な考え方を述べているが、遺伝子・アミノ酸配列の近似性に重点を置いている点で新しい方向性を打ち出している。すなわち、従来は新種のウイルスとして認定されるためには、感染性ウイルスが分離同定されていることが求められていたが、新規パルボウイルスの場合、ウイルス遺伝子配列が判っても感染性ウイルスが分離されていないのがほとんどである。従って、新分類ではほぼ全ウイルスゲノム配列が一直線上に決定され、分離された宿主で確実に増殖していると認定できれば、分類学上新ウイルスと認めている。

表 2. パルボウイルス科 (The family Parvoviridae) の旧分類と新分類案のウイルス数の比較 (Cotmore, et. al. 2014 を改変)

Family (亜科)	旧分類			新提案分類		
	Genus (属)	Species (種)	ウイルスないし 株	Genus (属)	Species (種)	ウイルスないし 変異株
Parvovirinae (宿主脊椎動物)	<i>Amdovirus</i>	1	1	<i>Amdoparvovirus</i>	2	2
	–	–	–	<i>Aveparvovirusa</i>	1	2
	<i>Bocavirus</i>	2	6	<i>Bocaparvovirus</i>	12	22
	–	–	–	<i>Copiparvovirusa</i>	2	2
	<i>Dependovirus</i>	12	13	<i>Dependoparvovirus</i>	7	23
	<i>Erythrovirus</i>	4	9	<i>Erythroparvovirus</i>	6	12
	<i>Parvovirus</i>	12	18	<i>Protoparvovirus</i>	5	25
Densovirinae (宿主節足動物)	–	–	–	<i>Tetraparvovirusa</i>	6	10
	<i>Densovirus</i>	2	2	<i>Ambidensovirus</i>	6	11
	<i>Brevidensovirus</i>	2	2	<i>Brevidensovirus</i>	2	8
	–	–	–	<i>Hepandensovirusa</i>	1	7
	<i>Iteravirus</i>	1	1	<i>Iteradensovirus</i>	5	6
	–	–	–	<i>Penstyldensovirus^a</i>	1	4
	<i>Pefudensovirus^b</i>	1	1			
小計	9	37	53	13	56	134

表 3. 新分類案における家畜関連パルボウイルス

Genus (属)	Species (種)の数	ウイルス ないし 変異株 の数	Species (種)	ウイルスないし 変異株	略称	家畜関連パルボウイル ス	現ウイルス名 又は疾病名
<i>Amdoparvovirus</i>	2	2	Carnivore amdoparvovirus 1	Aleutian mink disease virus	AMDV	アリューシャンミンク病ウ イルス	アリューシャン ミンク病
<i>Aveparvovirusa</i>	1	2	Galliform aveparvovirus 1	chicken parvovirus	ChPV	鶏パルボウイルス	
<i>Bocaparvovirus</i>	12	22	Carnivore bocaparvovirus 1	canine minute virus	CnMV	犬微小ウイルス	犬微小ウイル ス感染症
			Carnivore bocaparvovirus 2	canine bocavirus 1	CBov	犬ボカウイルス1型	
			Carnivore bocaparvovirus 3	feline bocavirus	FBov	猫ボカウイルス	
			Ungulate bocaparvovirus 1	bovine parvovirus	BPV	牛パルボウイルス	牛パルボウイル ス感染症
			Ungulate bocaparvovirus 2	porcine bocavirus 1	PBoV1	豚ボカウイルス1型	
				porcine bocavirus 2	PBoV2	豚ボカウイルス2型	
				porcine bocavirus 6	PBoV6	豚ボカウイルス6型	
			Ungulate bocaparvovirus 3	porcine bocavirus 5	PBoV5	豚ボカウイルス5型	
			Ungulate bocaparvovirus 4	porcine bocavirus 7	PBoV7	豚ボカウイルス7型	●PBo-likeV
			Ungulate bocaparvovirus 5	porcine bocavirus 3	PBoV3	豚ボカウイルス3型	
				porcine bocavirus 4-1	PBoV4-1	豚ボカウイルス4-1型	
<i>Copiparvovirusa</i>	2	2	Ungulate copiparvovirus 1	bovine parvovirus 2	BPV2	牛パルボウイルス2型	
			Ungulate copiparvovirus 2	porcine parvovirus 4	PPV4	豚パルボウイルス4型	●PPV4
<i>Dependoparvovirus</i>	7	23	Adeno-associated dependoparvovirus B	bovine adeno- associated virus	BAAV	牛アデノ随伴ウイルス	
			Anseriform dependoparvovirus 1	caprine adeno- associated virus	CapAAV	山羊アデノ随伴ウイルス	
<i>Erythroparvovirus</i>	6	12	Ungulate erythroparvovirus 1	duck parvovirus	DPV	アヒルアデノ随伴ウイル ス	
<i>Protoparvovirus</i>	5	25	Carnivore protoparvovirus 1	bovine parvovirus 3	BPV3	牛パルボウイルス3型	
				feline parvovirus	FPV	猫パルボウイルス	猫汎白血球 減少症
				canine parvovirus	CPV	犬パルボウイルス	犬パルボウイル ス感染症
			Ungulate protoparvovirus 1	mink enteritis virus	MEV	ミンク腸炎ウイルス	ミンク腸炎
				porcine parvovirus Kresse	PPV-Kr	豚パルボウイルス	●PPV 豚パルボワイ
<i>Tetraparvovirusa</i>	6	10	Ungulate tetraparvovirus 1	porcine parvovirus NADL-2	PPV-NADL2	豚パルボウイルス	●PPV 豚パルボワイ
				bovine hokovirus 1	B-PARV4-1	牛ホコウイルス1型	
			Ungulate tetraparvovirus 2	bovine hokovirus 2	B-PARV4-2	牛ホコウイルス2型	
			Ungulate tetraparvovirus 3	porcine hokovirus	P-PARV4	豚ホコウイルス	●PPV3
			Ungulate tetraparvovirus 4	porcine Cn virus	CnP-PARV4	豚Cnウイルス	●PPV2
				ovine hokovirus	O-PARV4	羊ホコウイルス	

●印は調査したウイルスの現名

近年パルボウイルス遺伝子の発見が相次いでいる理由は、遺伝子解析技術の進歩によるところが大きい。近年では、未知の遺伝子を検出する技術が特段に向上した。例えば、ある動物の糞便から未知のウイルス遺伝子を検出したような場合、糞便を生理食塩水で希釈し、よく混ぜてから遠心分離してウイルス粒子を含む上清から DNA/RNA を抽出して断片化した DNA/cDNA を作り、すべての DNA の配列をランダムに読み取り、遺伝子配列情報をつなぎ合わせて、その DNA サンプル集団にどんな生物 DNA が含まれているのか、既知か未知かに関わらず、高感度に判別できるようになってきた。こういった手法で、感染症が疑われる患者や患畜から未知の病原体の探索が行われている。多様な新規パルボウイルス遺伝子もこうして発見されたものが多い。

新分類案で産業動物や愛がん動物に関係するパルボウイルスを表にしてみた（表3）。パルボウイルス科の全ウイルス134株（表2）のうち30株（表3）がこれに該当する。獣医領域には重要なパルボウイルス感染症が幾つかある（表3）。猫汎白血球減少症、犬パルボウイルス感染症、ミンク腸炎、豚パルボウイルス感染症を起こすウイルスは同じ *Protoparvovirus* 属（proto= 原を意味し、古くから知られているウイルスが多いために命名された）に属している。アリュウシヤンミンク病は *Amdoparvovirus* 属、犬微小ウイルス感染症と牛パルボウイルス感染症は *Bocaparvovirus* 属に分類されるウイルスである。しかし、その他新規発見ウイルスは多数であるが疾患との関係は明確ではないものが多い。

4. 新規豚パルボウイルスの解析

研究室では新規パルボウイルスの解析に主に2人の学生が関わった。2010年秋からタイ・チェンマイ大学からブラユス・セックホー氏が大学院生として入学してきた。彼に最初の研究テーマの一つとして与えたのが、2001年にミャンマーの豚血清から新たに発見された豚パルボウイルス2型（PPV2）の調査と解析であった。それまで実験も研究も経験のない彼であったが、少しずつ研究を進めて2014年秋に卒業するまでに5種の新旧豚パルボウイルスの調査と解析で3つの論文をまとめ、現在出版済ないし投稿中である。さらに学部学生の佐野夏葉さんは卒論研究で新規豚パルボウイルスの一つ PBo-like virus を何株もクローニングして詳細な遺伝子解析を行い2014年春卒業した。

2010年、新たに食肉処理場で採材した豚扁桃について、今度は新規豚パルボウイルスも含めて、15種の豚ウイルス遺伝子の有無を岸塚、佐野、ブラユスさんらが調べてみたところ、豚サーコウイルス2型と豚パルボウイルス（PPV）が検出される傾向は2年前と同じであったが、新たに加えた新規豚パルボウイルス4種（PPV2, PPV3, PPV4, PBo-likeV）（旧名表示。新分類名との対応は表3を参考のこと）もすべて高率に検出された（表4）（Saekhow

表4. 豚120頭の扁桃からのウイルス遺伝子の検出頻度

検出された6ウイルス遺伝子

ウイルス科	ウイルス	ウイルス略称	検出頻度
サーコウイルス科	porcine circovirus 2	PCV2	80%
パルボウイルス科	porcine parvovirus (porcine parvovirus)*	PPV	67%
	porcine parvovirus 2 (porcine Cn virus)*	PPV2 (CnP-PARV4)*	58%
	porcine parvovirus 3 (porcine hokovirus)*	PPV3 (P-PARV4)*	39%
	porcine parvovirus 4 (porcine parvovirus 4)*	PPV4 (PPV4)*	33%
	porcine boca-like virus (porcine bocavirus 7)*	PBo-likeV (PBoV7)*	55%

検出されなかった9ウイルス遺伝子

DNAウイルス: suid herpesvirus 1
RNAウイルス: hepatitis E virus, swine influenza virus, porcine reproductive and respiratory syndrome virus, Japanese encephalitis virus, porcine epidemic diarrhea virus, porcine rotavirus A, transmissible gastroenteritis virus, Getah virus

*: 新提案された名称

and Ikeda, 投稿中)。タイの食肉処理場で採材したサンプルについてもほぼ同様の結果であった³⁾。その他数カ国から新規豚パルボウイルスが検出されたという報告があり、検出率に若干違いが見られるものの、既に欧米、アジアに広く蔓延している状況を示す結果となっている。しかも、疾病豚からも検出されているが我々同様健康豚からも検出されるため、今のところ特定の疾病との直接的な関係は見つかっていない、というのが現状である。

養豚場ごとに複数の個体から新規豚パルボウイルス遺伝子を取り DNA 配列を調べてみると、例えば PPV2 では一つの養豚場に明らかに異なるウイルス株が2ないし3つ共存しているらしいデータが得られた⁴⁾。これは一つのウイルスが養豚場に侵入した後、遺伝子変異したというより、何度も別の株が侵入してきた結果だと考えられる。養豚場内である株が蔓延して抗体陽性の豚が多くなっても、外から他株の侵入を防げない状態が想定される。このようなウイルスは他にもあるが、養豚場でのワクチンコントロールなどが非常に難しくなりまた、複数の変異ウイルス株が一個体に重感染した場合、遺伝子組換えを起こし新たな病原性を獲得した新興ウイルス株を生む可能性も出てくる。今後、注意が必要であろう。

5. 新規豚パルボウイルスと豚サーコウイルス2型の共存関係

我々が調査した豚では、5種類の豚パルボウイルスと豚サーコウイルス2型にいずれも高率に重感染していた。具体的には、約半分の豚が調べた5種の豚パルボウイルスのうち3種に重感染している状態であった。次に、それらのウイルス遺伝子が各個体からランダムに検出されるのか、それとも何か関連し合って検出されるのかを統計的に解析してみた。その結果、幾つかのウイルス遺伝子が協調的に増えている可能性を示す結果を得た。その結果の要約を図で示した（図2）。

PCV2（豚サーコウイルス2型）が検出される個体から

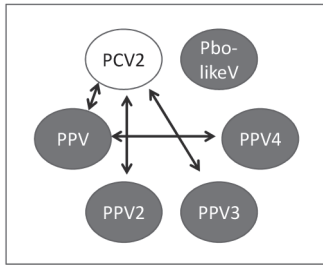


図 2. 豚サーコウイルス 2 型 (PCV2) と 5 種の豚パルボウイルス (PPV, PPV2, PPV3, PPV4, Pbo-likeV) の共検出結果

は、統計的 (カイ 2 乗テスト) に有意に PPV (‘古典的’豚パルボウイルス), PPV2 (新規豚パルボウイルス 2 型), PPV3 (新規豚パルボウイルス 3 型) も共に検出されやすく, PPV と PPV4 (新規豚パルボウイルス 4 型) も有意に関連して検出された (図 2)。有意差 ($0.01 < p < 0.05$) はそれほど大きなものではなかったが、予期しないものであった。

この解析結果は 10 ～ 15 年前に発表された外国の論文と関連しているのかも知れない。それは PCVAD (豚サーコウイルス関連疾病) の原因がよくわからなかった時代に、野外で起こっている PCVAD を再現するための豚の感染実験で、PCV2 単独感染では発症せず、PCV2 と PPV を同時接種すると発症することを複数の論文が報告している⁵⁻⁷⁾。現在では、PCVAD 発症には PCV2 と他の共因子 (PPV, PRRSV, マイコプラズマとの複合感染, 免疫刺激など) が両方必要とされている。その発症メカニズムは複雑であるが、概要は次のように考えられている。PCV2 は豚の免疫系細胞に感染し、その後、リンパ球減少, 炎症反応増大, サイトカイン産生の乱れ, 免疫不全などを起こし、これが消耗性疾患である PCVAD に繋がる。PCVAD 発症には体内での PCV2 のコピー数が多いこと (PCV2 がよく増えていること) が重要で、他の共因子は免疫系細胞を増殖刺激して PCV2 感受性細胞を増加させたり、逆にサイトカインバランスを乱して PCV2 又は PCV2 感染細胞の排除を阻害しているのではないかと推測される。

我々の結果はどう解釈できるのであろうか。上記既報では、PCV2 と PPV の協調的関係は PCVAD 発症に重要だとされた。一方、我々は一見正常な豚で類似の協調的関係らしい現象を認めた。発症、未発症の違いがあるものの、根底には同じ現象があると仮定して推測することもできる。すなわち、PCV2 も PPV も DNA ウィルスであり共通点が多い。両ウィルスとも DNA 合成が盛んなリンパ球、マクロファージなどに感染して殺す、と同時に、非感染細胞の増殖も誘導し、ウィルスの標的細胞を増加させる。協調的関係はここにあるのかも知れない。我々のデータは、古典的 PPV だけでなくさらに 2 種の新規豚パルボウィルスも同様の効果がある可能性を示唆している。しかし、新規豚パルボウィルスに関しては、どこで増え、生体にどの

様な影響があるのかなど殆どわかっていないため、現状ではかなり飛躍した憶測でもある。いずれにしても、正常豚であっても PCVAD 発症豚に近い状態があることを示す結果だと考えている。

最近、我々の研究論文を投稿する段階になって、長年 PCVAD など豚の複合感染症を研究している米国 Opriessnig 女史が我々に近いデータを報告してきた⁸⁾。それは、何年にも渡って集めてきた PCVAD 罹患豚 (PCV2 コピー数の多い群) と非罹患豚 (PCV2 コピー数の少ない群) のサンプルを解析すると、PCVAD 罹患豚は PPV と PPV2 の陽性率が有意に多いという報告であった。ただ、我々は PPV3 も関連するというデータであったが、彼らは PPV3, PPV4, PPV5 の陽性率に有意差は見られなかったとしている。

いずれにしても、疾患との関係が薄いと見られていた新規豚パルボウィルスが、原因か結果か不明だが、もう少し調べるべき存在になったということだろう。

6. お わ り に

豚の感染症には、現在日本で猛威をふるっている豚流行性下痢 (PED) の様な急性感染症もあれば、豚サーコウィルス関連疾病 (PCVAD) の様な複合感染を伴う持続感染症もある。我々がこの数年関与してきた色々な豚パルボウィルスは、既に多くの豚に持続感染していて顕著な病気を起こしていないように見えるが、PCVAD 以外の複合感染症にも共因子として関与している可能性もある。今まで発見された新旧豚パルボウィルスウィルスは 12 種類もあるが、我々が調べたのはその 5/12 に過ぎない。従って、今後どの様な展開になるのか興味のあるところである。

この総説は私が日獣大に 7 年間在職し定年退職するに当たり本誌編集委員会から依頼されたものである。それまでパルボウィルスの研究は行ったことはなかったが、初めて、大学で研究費を獲得しながら学生と研究する、という状況になり、その時々を選択を迫られて進めてきた結果がこの様になった。満足のいく成果ではなかったが、一連の研究のチャンスを与えてくれた大学、研究室の田中良和准教授、一緒にやってくれた学生、色々な研究材料を分与してくださった方々、厚生労働科学研究費補助金 (H20 - 食品 - 一般 - 014) の援助に深く感謝している。

引 用 文 献

- 1) 三井寛子, 赤崎創, 久保田智江, 池田秀利 (日本獣医生命科学大学 獣医学部 獣医衛生学研究室) 食肉処理場で採材した豚扁桃に対する各種ウィルス遺伝子調査. (2010). 家畜衛生学雑誌 日本家畜衛生学会 第 72 回大会 要旨集 36 巻 1 号 p10-11
- 2) COTMORE, S.F., AGBANDJE-MCKENNA, M., CHIORINI, J.A., MUKHA, D.V., PINTEL, D.J., QIU, J., SODERLUND-VENERMO, M., TATTERSALL, P., TIJSSEN, P., GATHERER, D. & DAVISON, A.J. (2014). The family Parvoviridae.

-
- Arch Virol, **159** : 1239-47.
- 3) SAEKHOW, P. and IKEDA, H. (2015). Prevalence and genomic characterization of porcine parvoviruses detected in Chiangmai area of Thailand in 2011. Microbiol Immunol, **59** : 82-88.
- 4) SAEKHOW, P., MAWATARI, T. & IKEDA, H. (2014). Coexistence of multiple strains of porcine parvovirus 2 in pig farms. Microbiol Immunol, **58** : 361-426.
- 5) ALLAN, G.M., KENNEDY, S., MCNEILLY, F., FOSTER, J.C., ELLIS, J.A., KRAKOWKA, S.J., MEEHAN, B.M. & ADAIR, B.M. (1999). Experimental reproduction of severe wasting disease by co-infection of pigs with porcine circovirus and porcine parvovirus. J Comp Pathol, **121** : 1-11.
- 6) ELLIS, J., KRAKOWKA, S., LAIRMORE, M., HAINES, D., BRATANICH, A., CLARK, E., ALLAN, G., KONOBY, C., HASSARD, L., MEEHAN, B., MARTIN, K., HARDING, J., KENNEDY, S. & MCNEILLY, F. (1999). Reproduction of lesions of postweaning multisystemic wasting syndrome in gnotobiotic piglets. J Vet Diagn Invest, **11** : 3-14.
- 7) KIM, J., CHOI, C. & CHAE, C. (2003). Pathogenesis of postweaning multisystemic wasting syndrome reproduced by co-infection with Korean isolates of porcine circovirus 2 and porcine parvovirus. J Comp Pathol, **128** : 52-9.
- 8) OPRIESSNIG, T., XIAO, C.T., GERBER, P.F. & HALBUR, P.G. (2014). Identification of recently described porcine parvoviruses in archived North American samples from 1996 and association with porcine circovirus associated disease. Vet Microbiol, **173** : 9-15.
-