

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 10 日現在

機関番号：15101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2013～2015

課題番号：25292172

研究課題名(和文) 高病原性鳥インフルエンザ疫学調査におけるDNAバーコーディング法の応用

研究課題名(英文) Application of DNA barcoding to epidemiological study on highly pathogenic avian influenza

研究代表者

伊藤 壽啓 (Toshihiro, Ito)

鳥取大学・農学部・教授

研究者番号：00176348

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 9,600,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、生体材料中のミトコンドリア DNA 上にある特定領域の塩基配列を決定し、それを既存の生物の配列情報と照合することによって、生物種の同定を行う“DNA バーコーディング”という手法を用いて、ウイルス分離陽性の野鳥糞便サンプルや感染動物の消化管内容サンプルを解析することにより、高病原性鳥インフルエンザの疫学調査、すなわち国内発生時における感染ルートの究明や野鳥および野生ほ乳動物等の流行実態の把握が可能となった。

研究成果の概要(英文)：In the present study, using the technique as "DNA barcoding" for species identification, by analyzing virus-positive wild bird feces and gut content samples of infected animals, we succeeded to trace the route of infection for highly pathogenic avian influenza viruses and to understand the epidemic situation of the virus among wild birds and mammals.

研究分野：ウイルス学

キーワード：鳥インフルエンザ DNAバーコード 疫学 鶏 野鳥

1. 研究開始当初の背景

2004年以降、H5N1亜型の高病原性鳥インフルエンザウイルスが世界規模の大流行を引き起こし、今尚、東南アジアを中心とした国々の養鶏産業に甚大な被害を与え続けている。このウイルスは鶏やアヒルなどの家禽以外にも多くの鳥類が感受性をもつことから、とくに野生鳥類が家禽へのウイルス伝播や流行拡大に重要な役割を果たしている可能性が考えられているものの、その実態は未だ不明な点が多い。

わが国におけるH5N1ウイルスによる高病原性鳥インフルエンザは2004年(山口県、大分県、京都府)と2007年(宮崎県、岡山県)に発生しているが、いずれも発生件数は4件と少数に留まっていた。しかし、2010年冬から2011年初春にかけてH5N1ウイルスによる高病原性鳥インフルエンザの大規模な発生が起こった。2010年11月の島根県安来市における初発例から2011年3月の千葉県千葉市における最終例までに全9県24農場(島根県:1例、宮崎県:13例、鹿児島県:1例、愛知県:2例、大分県:1例、和歌山県:1例、三重県:2例、奈良県:1例、千葉県:2例)での発生が確認され、最終的に総計約183万羽の家禽が殺処分されるという国内最大規模の発生となった。また、今回の発生では斃死した野鳥個体から多数のウイルスが分離されたことも大きな特徴であった。すなわち、2010年10月に北海道稚内市の大沼でシベリアから飛来したカモの糞便からH5N1高病原性鳥インフルエンザウイルスが分離され、その後2010年12月～2011年3月にかけて、合計16県60例の死亡野鳥からウイルスが検出されたことから、この時期に渡り鳥によるウイルスの国内侵入ならびに国内伝播の可能性が示唆された。

しかしながら、本ウイルス伝播に果たす野鳥や野生動物の役割について、直接言及した基礎データは依然として国内外ともに不足している。大陸から国内への野鳥の飛来を止めることは不可能であり、ウイルスがそれによって運搬されてくる可能性が否定できない以上、いかなる時期にどのような経路でウイルスが侵入するのかを予測して、それに備えることが本病の国内発生を防ぐ重要な方策の一つであると考えられる。

2004年の国内発生以降、申請者は農林水産省疫学調査チームの一員として、発生農場の現地疫学調査に参加し、感染ルートの解明を目指してきたが、直接的な証拠を得ることが極めて難しく、現在も尚、その特定には至っていない。最も可能性が高いと考えられた野鳥や野生動物を介したウイルスの伝播を証明するためには、その直接証拠として鶏舎内あるいは農場周辺で感染野鳥あるいは感染哺乳

動物の斃死個体を発見することであるが、これまでの調査で一度も確認されていない。

そこで本研究では、生体材料から遺伝子検出によってその由来動物種を特定する手法を用いて、糞便、羽根、胃内容物等の痕跡から農場内に侵入した動物種を特定することを計画した。これによりウイルスの伝播動物および伝播ルートのより確かな推定が可能となることが期待される。

以上のように、本研究のごとく感染経路、感染源としての野鳥や野生動物の可能性を発生農場で採取した材料により、直接証明しようとする試みは国内外を問わず、これまでほとんどなされていない。

2. 研究の目的

そこで本研究では以下の3項目で各々実験成績を得ることを目的として企画された。

- (1) 野鳥の糞便を用いたDNAバーコーディング法によるウイルス保有宿主の同定。
- (2) 農場内および鶏舎内侵入野生動物種の同定。
- (3) 感染猛禽類および哺乳動物の消化管内容物を用いた感染源の推定。

これらの実験成績をまとめ、最終的には高病原性鳥インフルエンザウイルスの長距離運搬者あるいは国内侵入経路としての野鳥の可能性を評価し、また鶏舎内へのウイルス侵入経路としての野生動物の可能性を評価することにより、今後の高病原性鳥インフルエンザの国内発生予防対策確立のための一助となることを目指す。

3. 研究の方法

本研究ではミトコンドリアDNA上に存在する特定領域の塩基配列(DNAバーコード)を既存の生物の塩基配列情報と照合することで、生物種の同定を行う(DNAバーコーディング法)。この手法を、野生鳥獣を対象とした高病原性鳥インフルエンザの疫学に応用する。すなわち、

- (1) 高病原性鳥インフルエンザウイルスが分離された野鳥の糞便DNAから種名を同定し、ウイルスの保有宿主を明らかにする。
- (2) 発生農場敷地内や鶏舎内で採取した糞便、骨、羽毛などのDNAからその種名を同定し、農場に侵入する野生鳥獣を特定するとともに、その侵入経路を明らかにする。
- (3) 野鳥や小型哺乳類を捕食するハヤブサなどの猛禽類、アライグマなどのスカベンジャーと呼ばれる腐肉食哺乳動物などの感染個体を用いて、その消化管内容物から宿主以外のDNAを検出し、その地域の自然環境における本ウイルスの浸淫度を推定する。これらの成績を総合し、高病原性鳥インフルエンザウイルスの国内感染経路あるいは農場内侵入ル

ートを明らかにする。

具体的な実験計画は以下の通りである。

(平成 25 年度の計画)

(1) 野鳥の糞便等を用いた DNA バーコーディング法による種の同定

DNA バーコーディングとは、ミトコンドリア DNA 上に存在する特定領域の塩基配列すなわちシトクロームオキシダーゼサブユニット 1 (CO1) 遺伝子上のおよそ 658 塩基 (DNA バーコード) を既存の生物の塩基配列情報と照合することで、生物種の同定を行う手法で、現在、国際バーコードオブライフプロジェクト (iBOL) が進行中である (Hebert, 2003)。

2006~2012 年に申請者の研究室で実施された野生水禽の鳥インフルエンザウイルス保有状況調査においてウイルス分離材料として採取された野生水禽の糞便のうち、鳥インフルエンザウイルス分離検査陽性の検体を実験に供する。

の糞便材料から DNA を抽出し、CO1 領域を増幅するプライマーを用いて DNA バーコードを増幅する。増幅が認められない場合にはさらに Nested PCR による増幅も検討する。

得られた DNA 断片の塩基配列を決定し、上述の iBOL が公開している DNA バーコードのリファレンスライブラリと DNA バーコード同定ツール (BOLD Systems) を用いて、種の同定を試みる。

過去の発生養鶏場周辺で採取した糞便、骨、羽毛などについて、同様に DNA バーコーディング法を応用し、本病発生時に養鶏場周辺に生息していた鳥種を同定する。とくに、野生水禽類の生息地が発生養鶏場の近くに存在する場合には、その他の疫学情報と合わせて、ウイルスの侵入経路の可能性を追求する。

レファレンスライブラリーに存在しない鳥種の材料が入手できた場合には当該 DNA の塩基配列を決定し、登録する。

(平成 26 年度以降の計画)

前年度に引き続き、糞便によるウイルス保有状況調査を実施するとともに、ウイルス陽性材料から DNA を抽出し、種の同定を試みる。

もし、国内の養鶏場で発生が確認された場合には、でき得る限り早期に発生農場の調査を行い、材料を採取する。

得られた生体材料から、同様に DNA を抽出して種の同定を試みる。

(2) 猛禽類の消化管内容物 (被食動物) の同定

2011 年 2 月~3 月に H5N1 高病原性鳥インフルエンザウイルスに感染し死亡した野生猛禽類 (ハヤブサおよびクマタカなど) の食道、そ嚢、腺胃、筋胃、十二指腸、空回腸、結直腸、総排泄腔から採取した内容物を実験に供する。

猛禽類の消化管内容物の同定には猛禽類の

被食者として想定される主な鳥類 (チドリ目、スズメ目、ガンカモ目、キジ目キジ科、スズメ目カラス科、ツル目クイナ科、ハト目ハト科) および哺乳類 (ネズミ目ハツカネズミ属、ネズミ目クマネズミ属) の CO1 領域を特異的に増幅するプライマーセットをデザインする。

消化管内容物から DNA を抽出し、上記 CO1 領域を増幅するプライマーを用いて DNA バーコードを増幅する。増幅が認められない場合にはさらに Nested PCR による増幅も検討する。

得られた DNA 断片の塩基配列を決定し、上述の iBOL が公開している DNA バーコードのリファレンスライブラリと DNA バーコード同定ツール (BOLD Systems) を用いて、種の同定を試みる。

捕食者特異的のストッププライマーを用いた猛禽類消化管内容物の同定を試みる。すなわち 3' 末端に 1 つの C3 spacer を修飾したプライマーを用いた PCR 反応を、高病原性ウイルスに感染して斃死した猛禽類の消化管内容物から抽出した DNA に対して用いることで、被食者の種の同定を試みる。

尚、このプライマーは被食者の DNA に特異的に結合し、プライマー結合部位でポリメラーゼ連鎖反応を止め、ストッププライマーの結合できない被食者の DNA に対してのみポリメラーゼ連鎖反応をおこさせるものである。

(3) 総括

得られた成績を総合し、わが国への高病原性鳥インフルエンザウイルスの感染経路ならびに農場内あるいは鶏舎内へのウイルス侵入ルートの推定を試みる。

また、得られた成績は材料の提供を受けたそれぞれの機関等にフィードバックするとともに、生産者の方々にも積極的に情報公開する。

4. 研究成果

(1) ウイルス保有宿主の同定

鳥類のミトコンドリア DNA CO1 領域を増幅するプライマーセット BirdF1 と BirdR1 を用いた single PCR では、60 検体中 23 検体に目的遺伝子の増幅が認められたが、残りの 37 検体で遺伝子増幅が認められなかった。そこでプライマーセット ExternalF1 と ExternalR1 で 1st PCR を行い、その増幅産物を鋳型にプライマーセット InternalF1 と InternalR1 で nested-PCR (2nd PCR) を行ったところ、60 検体中 58 検体で遺伝子増幅に成功した。これらをシークエンスして BOLD Systems v3.0 により検索し、52 検体については、最も高い相同率を示した鳥種がウイルス分離陽性糞便を排泄した鳥、すなわちウイルス保有宿主であったと同定した (表 1)。残りの 6 検体についてはシークエンスの波形が重なり判読ができなかったため、未同

定という結果であった。

表1 糞便検体を用いたウイルス保有宿主の同定

鳥種	検体数
ヒドリガモ	13
カルガモ/ マガモ	18
コハクチョウ	10
オナガガモ	7
コガモ	1
オシドリ	3
未同定	6
PCR 陰性	2
計	60

(2) 猛禽類の消化管内容物(被食動物)の同定

鳥類に共通のプライマーセット ExternalF1 と ExternalR1 あるいは脊椎動物共通に共通のプライマーセット LCO1490 と HCO2198 で 1st PCR を行い、目、科あるいは属に特異的なプライマーセットで nested-PCR を行った。遺伝子増幅に成功した検体については、シーケンスを行って BOLD Systems v3.0 により相同遺伝子を検索した。その結果、2011 年 2 月 2 日宮崎県西都市にて発見された H5N1 ウイルス感染ハヤブサのそ嚢内容物からスズメ目特異的プライマーで増幅された PCR 産物はツグミに由来する CO1 遺伝子と最も高い相同性を示した(表2)。

表2 猛禽類の消化管内容物の同定

鳥種	発見年月日	発見場所	鳥種 ¹⁾
ハヤブサ	2011.2 .2	宮崎県 西都市	a ²⁾ (ツグミ) b,c,d (ニワトリ)
ハヤブサ	2011.2 .6	鳥取県 米子市	
ハヤブサ	2011.2 .15	宮崎県 延岡市	g
ハヤブサ	2011.2 .17	愛知県 春日井市	i(ヒドリガモ), j(カワラバト)
オオタカ	2011.3 .25	栃木県 塩谷市	

¹⁾ 空欄は内容物がなかったため、検体なし。

²⁾ PCR により CO1 遺伝子が増幅されたプライマーセット(猛禽類以外の CO1 遺伝子が増幅された場合は、その動物種を括弧内に示した); a スズメ目 (Passeriformes/falco-F & Passeriformes/raptor-R)

- b ガンカモ目 (Anseriformes/falco-F & Anseriformes/raptor-R)
- c キジ目 (Phasianidae/raptor-F & Phasianidae/raptor-R)
- d ツル目クイナ科 (Rallidae/raptor-F-1 & Rallidae/raptor-R-1)
- g ハツカネズミ属 (Mus/raptor-F & Mus/raptor-R)
- i ガンカモ目 (Anseriformes/raptor-F & Anseriformes/raptor-R)
- j チドリ目 (Charadriiformes/falco-F & Charadriiformes/raptor-R)

またガンカモ目、キジ目キジ科、ツル目クイナ科特異的プライマーで増幅された PCR 産物はニワトリの CO1 遺伝子と最も高い相同性を示した。また 2011 年 2 月 17 日愛知県春日井市にて発見されたハヤブサのそ嚢内容物からは、チドリ目特異的プライマーでカワラバト、ガンカモ目特異的プライマーでヒドリガモの CO1 遺伝子が検出された(表2)。一方、その他 2 羽のハヤブサおよび 1 羽のオオタカの検体では、遺伝子増幅が認められたが、シーケンス結果はいずれも捕食者であるハヤブサもしくはオオタカの CO1 遺伝子であった。

高病原性鳥インフルエンザウイルスの鶏舎への侵入経路は様々なパターンが考えられるが、その 1 つに野生動物を介した侵入がある。具体的には渡り鳥が海外から国内、農場周辺あるいは鶏舎内へのウイルスを持ち込む場合、農場周辺に分布するウイルスに感染した小鳥やネズミなどの小動物が農場敷地内や鶏舎内へのウイルスを持ち込む場合等、様々な場面で野生動物がウイルスの侵入に関与する可能性がある。しかし、過去の鳥インフルエンザの国内発生時においてウイルス侵入に関与した野生動物が明らかとなった事例はない。したがって、どのような野鳥が鳥インフルエンザウイルスを国内に運んでいるのか、あるいは農場周辺においてどのような野生動物がウイルスを保有しているのかを明らかにすることは極めて重要である。そこで本研究では、ミトコンドリア DNA 上のある特定領域の塩基配列を既存の生物の塩基配列情報と照合することで生物種の同定を行う DNA バーコーディングテクニックを用いて、鳥インフルエンザウイルスを保有している野鳥種の同定と高病原性鳥インフルエンザの国内発生時に H5 ウイルスに感染して死亡した猛禽類が捕食した動物の残存物(消化管内容物)の同定を試みた。

DNA バーコーディングテクニックは国際バーコードオブライフプロジェクト (iBOL、<http://www.ibol.org/>) が推し進める方法で、このプロジェクトでは真核生物の DNA バー

コードライブラリを構築するとともに、そのライブラリを利用するための情報ツールの開発を行っている。DNA バーコーディングに用いられる特定領域は DNA バーコードと呼ばれ、ミトコンドリア DNA 上のチトクロームオキシダーゼサブユニット 1 (CO1) 遺伝子上のおよそ 648 塩基が標準領域である。ミトコンドリア DNA はゲノム DNA に比べ塩基置換が起こりやすく、種間の塩基配列の違いを多く保存している。また、1 細胞中には複数のミトコンドリアが存在するため、サンプル中の DNA コピー数がゲノム DNA よりも多く存在する。これらの利点からミトコンドリア DNA 上にある遺伝子をターゲットとし、レファレンスライブラリが作成されることとなった。さらにミトコンドリア DNA 上の CO1 遺伝子領域が系統発生的シグナルをほかの遺伝子領域よりも多く含んでいること、この領域においてほとんどすべての動物門をカバーできるユニバーサルプライマーが作成可能であることから CO1 領域が DNA バーコードの標準領域と設定されることとなったものである (Hebert et al., 2003)。

本研究では、まず、この DNA バーコーディング手法を用いて、鳥インフルエンザウイルス分離陽性となった野生水禽の糞便 60 検体を材料にそれらの宿主鳥種を同定することとした。鳥類共通プライマーを用いた Single PCR では 60 検体中 37 検体のみで遺伝子増幅が見られたが、nested PCR では 60 検体中 58 検体で遺伝子の増幅に成功した。Cheung ら (2009) も、鳥類の糞便およびクロアカスワブ 45 検体からの CO1 遺伝子増幅において nested PCR は全検体で検出可能であったのに対して single PCR では 34 検体の検出にとどまったことを報告している。一方、これらのうち 6 つの検体については CO1 遺伝子の増幅には成功したものの、シーケンスの波形が重複しており、配列決定はできなかった。これら 6 つの検体はいずれも、それらの採材場所で複数の鳥種の生息が確認されており、複数の鳥種の糞便が混在した検体であったため可能性が考えられた。

糞便検体から得られた PCR 産物の塩基配列を BOLD Systems v3.0 により検索した結果、60 検体中 52 検体の鳥種が同定できた (表 1)。しかし、このうち 13 検体についてはマガモとカルガモ双方に対して同じ相同性を示し、両者を区別することはできなかった。DNA バーコーディングに用いられる CO1 領域において、マガモとカルガモの塩基配列は 100% 一致している。よって、マガモとカルガモの区別にあたっては、両者の区別が可能な新たな遺伝子領域を検討する必要がある。

DNA バーコーディングで宿主が明らかとなった 52 検体のうちの 6 検体では、目視によ

り決められた宿主と異なっていた。糞便の採取時に、近くで観察された鳥が、その糞便を排泄した鳥である保証はない。言い換えれば DNA バーコーディングを用いることにより、糞便採取時の状況に関わらず、その糞便サンプルの正しい鳥種を特定することが可能となるものと考えられた。

さらに、宮崎県の鳥インフルエンザ発生養鶏場周辺で採取された鳥の糞便 3 検体について、DNA バーコーディングにより鳥種の同定を試みた結果、いずれもオシドリのものであることが判明した。糞便採取時には周辺に鳥は確認できず、糞便がどの鳥種のものであるか手がかりがほとんど得られなかったが、このような場合でも DNA バーコーディングよれば鳥種の特定が可能であること、さらにはその発生農場近くに、オシドリが確かに生息していたことの証拠がはじめて示された。オシドリは 2010~2011 年の高病原性鳥インフルエンザ発生時に、H5 ウイルス感染により多数の死亡が確認された野生水禽で、韓国においても発生養鶏場における高病原性鳥インフルエンザの発生との関係が疑われている鳥種の一つである。DNA バーコーディングに用いた 3 つのオシドリの糞便からは H5 ウイルスは分離されなかったが、わが国においても発生養鶏場とオシドリの関わりを強く示唆する一つの状況証拠と考えられた。

2010~2011 年の高病原性鳥インフルエンザ発生時には、多数の野鳥が H5 ウイルス感染により死亡したが、中でも猛禽類 (ハヤブサ、オオタカ、フクロウ) の死亡数は 11 羽と最も多かった。我々は、これらの猛禽類が H5N1 高病原性鳥インフルエンザウイルスに感染した中・小型鳥類、あるいは小型の野生動物を捕食して感染、死亡した可能性を考えた。だとすれば、その消化管内には猛禽類にウイルスを伝播した被食動物が未消化で残っている可能性が考えられる。そこで、当時死体の入手が可能であったハヤブサ 4 例とオオタカ 1 例について、それらの消化管内容物から DNA バーコーディングによって、猛禽類に捕食され動物種の同定を試みた。

消化管内容物には捕食者 (猛禽類) と被食者の細胞が混在しており、鳥類共通プライマーを用いた PCR では両者の DNA を増幅してしまうと考えられたため、本研究では想定される被食動物 (チドリ目、スズメ目、ガンカモ目、ツル目クイナ科、スズメ目カラス科、ハト目ハト科、ネズミ目クマネズミ属、ネズミ目ハツカネズミ属) の DNA のみを増幅する鳥種特異的プライマーを設計して用いた。その結果、5 検体のうち、ハヤブサ 2 検体、オオタカ 1 検体から増幅された DNA はすべて捕食者のものであった。残りのハヤブサ 2 検体のうち、1 検体は 2011 年 2 月 2 日宮崎県

西都市にて発見されたハヤブサであったが、そ囊からツグミとニワトリの遺伝子が検出された。もう1検体は2011年2月17日愛知県春日井市にて発見されたハヤブサであり、同様にそ囊からカワラバト(ドバト)とヒドリガモの2種類の遺伝子が検出された。ツグミはスズメ目に属する小型鳥類で、夏場はシベリアで繁殖し冬に日本に越冬のため飛来する冬鳥である。カワラバトは日本でごく一般的に存在する野鳥で、人の住む環境の近くに多く生息している。どちらの鳥もいくつかの高病原性鳥インフルエンザ発生農場近辺での生息が確認されており、スズメ目鳥類とカワラバトは高病原性鳥インフルエンザウイルスに感受性があることが報告されている。以上の成績から H5 ウイルスに感染したツグミやカワラバトを捕食したハヤブサが、経口的にそのウイルスに感染した可能性は否定できない。ニワトリ遺伝子が検出されたハヤブサが発見された宮崎県では当時 13 箇所の養鶏場で H5N1 高病原性鳥インフルエンザの発生が報告されているが、ハヤブサが鶏舎内に侵入して H5 ウイルスに感染した鶏を捕食した可能性は極めて低い。しかし、一部の養鶏場では、死亡鶏を業者が回収するまで野外に放置していた記録もあり、猛禽類を含む野生動物がそれらと接触した可能性は否定できない。

以上の成績から、本研究で確立された DNA バーコーディング法は、種々の鳥インフルエンザの疫学調査に応用できることが実証された。本法を今後の疫学調査に用いることにより、本ウイルスの感染経路の推定に繋がるさらなる有用な情報が得られるものと期待される。

<引用文献>

Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L., DeWaard, J. R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences* 270, 313-321.

Cheung, P. P., Leung, Y. H. C., Chow, C.K., Ng, C. F., Tsang, C. L., Wu, Y. O., Ma, S. K., Sia, S.F., Guan, Y., Peiris, J. S. M., 2009. Identifying the species-origin of faecal droppings used for avian influenza virus surveillance in wild-birds. *Journal of Clinical Virology* 46, 90-93.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計3件)

1) Yamamoto, E., ITO, H., Tomioka, Y., and ITO, T. (2015) Characterization of novel avian paramyxovirus strain APMV/Shimane67 isolated from migratory wild geese in Japan. *J. Vet. Med. Sci.*, 査読有, 77(9):

1079-1085.

2) Fujimoto, Y., Usui, T., Ito, H., Ono, E., and Ito, T. (2015) Susceptibility of highly pathogenic avian influenza H5N1 viruses in three species of wild passerines. *Avian Path.*, 査読有, 44(4): 243-247.

3) Umali, D.V., Ito, H., Katoh, H., and Ito, T. (2014) Surveillance of avian paramyxovirus in migratory waterfowls in the San-in region of western Japan from 2006 to 2012. *J. Vet. Med. Sci.*, 査読有, 76(3):423-430.

〔学会発表〕(計3件)

1) 伊藤壽啓: 鳥インフルエンザウイルスの亜型・変異・病原性. 第158回日本獣医学会学術集会家禽疾病学分科会シンポジウム「鳥インフルエンザとウイルス: その最新事情」, 平成27年9月9日, 十和田市, 北里大学.

2) 伊藤壽啓: 鳥インフルエンザの最近の状況について. 平成 26 年度九州地区鶏病技術研修会特別講演, 平成 26 年 10 月 10 日, 福岡市, 九州大学西新プラザ.

3) 伊藤壽啓: 家禽、野鳥の高病原性鳥インフルエンザ. 平成 25 年度日本獣医師会獣医学術学会年次大会シンポジウム, 平成 26 年 2 月 23 日, 千葉市, 幕張メッセ.

6. 研究組織

(1) 研究代表者

伊藤 壽啓 (ITO, Toshihiro)

鳥取大学・農学部・教授

研究者番号: 00176348

以上