

令和 4 年 6 月 17 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19H03115

研究課題名(和文) 豚コレラウイルスの多様な病原性を規定するウイルス因子の機能解明

研究課題名(英文) Function analysis of the viral factors which regulate the pathogenicity of classical swine fever virus

研究代表者

迫田 義博 (SAKODA, Yoshihiro)

北海道大学・獣医学研究院・教授

研究者番号：40333637

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,000,000円

研究成果の概要(和文)：豚コレラ(豚熱)ウイルスの多様な病原性の発現機序を、ウイルス蛋白質の分子レベルさらに変異ウイルスのブタを用いた実験感染による生体レベルの研究により解明した。その結果、病原性に関するウイルス因子が既報のウイルス因子以外にもあることを明らかにした。また同定したウイルス因子の複数相乗的に病原性の発揮に働くことを明らかにした。さらに、ブタ体内でウイルスは単一集団ではなく準種(混ざりもの)であり、Major集団とMinor集団由来のウイルス因子の活性のバランスが病原性を決めることを明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

豚コレラ(豚熱)の原因である豚コレラ(豚熱)ウイルスはブタに対して100%の致死率を示す高い病原性のウイルスからブタを殺すことのない低い病原性を示すウイルスまで多様である。そこで、現在国内でも流行している中程度の病原性を示す本ウイルスの病原性を理解するため、病原性に関する新しいウイルス因子の特定、複数のウイルス因子の病原性発揮のための相乗効果、またウイルス集団が不均一であることの重要性を明らかにした。これらの成果は宿主・病原体間の相互作用がもたらす豚コレラ(豚熱)ウイルスの病原性発揮メカニズムの理解だけでなく、本病の新しいワクチン開発の基盤となる重要な学術知見である。

研究成果の概要(英文)：The manifestation of the diverse pathogenicity of classical swine fever virus (CSFV) were elucidated from the molecular level of viral proteins to the in vivo level by experimental infection of pigs with mutant viruses. As a result, it was clarified that the novel viral factors involved in pathogenicity of CSFV in pigs. In addition, we found that multiple viral factors identified in this study synergistically contributed to the pathogenicity of CSFV. Furthermore, it was revealed that viruses in the infected pigs are not a single virus population but a quasispecies (mixture), and that the balance of activities of viral factors derived from the major and minor virus populations determines virulence.

研究分野：獣医ウイルス学

キーワード：豚コレラウイルス 豚熱ウイルス 病原性 ウイルス因子 準種 機能解明

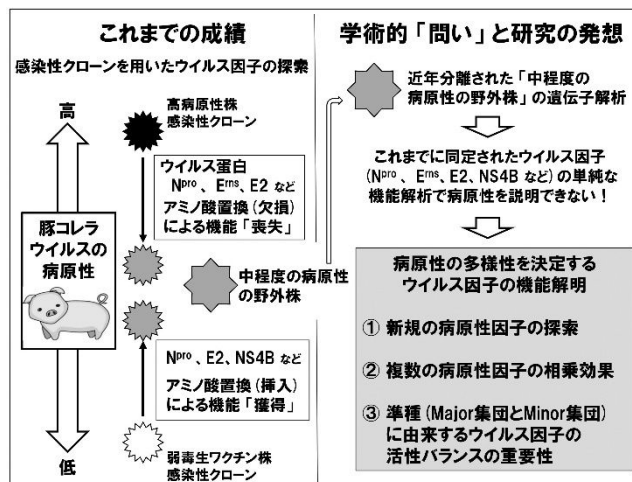
1. 研究開始当初の背景

豚コレラ(現在は豚熱に改名)は、養豚業に大きな損害を及ぼすブタの最重要ウイルス感染症である。日本では2018年に26年ぶりに岐阜県で発生が報告され、越境性感染症としての重要性が再認識されている。現在(2022年)ウイルスは既に本州および四国のほぼすべての地域で検出されており、引き続き養豚業の大きな脅威である。

豚コレラウイルス(現在は豚熱ウイルスに改名)はフラビウイルス科ペスチウイルス属に属し、ウシの牛ウイルス性下痢(BVD)ウイルスと近縁である。従来、豚コレラウイルスはブタを100%死に至らしめる急性ウイルス感染症と考えられてきたが、近年は子豚のみが死亡し親ブタは耐過する中程度の病原性を有する豚コレラウイルスが流行している。

豚コレラウイルスはRNAをゲノムとし、RNAポリメラーゼの頻繁な読み間違いにより1つのウイルス株も不均一な集団の集合体である(準種)と考えられている。しかし従来のサンガー法による塩基配列の決定では、集団中のMinorなウイルスは病原性発揮に考慮されることはなかった。

これまで豚コレラウイルスの病原性を解明する研究では、いわゆる典型的な高病原性豚コレラウイルスのウイルス蛋白質の機能を「喪失」させたウイルスを遺伝子組換えクローンとして作出し、ブタに対する病原性が下がることで評価している。また我々は、弱毒生ワクチン株のリバースジェネティクスの系を確立し、典型的な高病原性豚コレラウイルスの遺伝子断片と置き換えることで病原性を「獲得」したウイルスを遺伝子組換えクローンとして作出し、ブタに対する病原性が上がることを確認してきた。



2. 研究の目的

図1 豚コレラウイルスの病原性に関する学術的背景と本研究の発想

我々の過去の研究から、モンゴルで2014年に分離された中程度の病原性を持つ野外ウイルス株の遺伝子解析を従来のサンガー法で行い、病原性に関連するウイルス蛋白質の推定されるアミノ酸配列を比較しても既知の病原性因子でその株の病原性を説明できないことがわかっている。すなわち、単純な機能喪失もしくは機能獲得実験によるこれまでの成績だけでは、野外流行株の病原性を説明できない。そこで、豚コレラウイルスの多様な病原性を規定するウイルス因子の機能解明として、病原性に関する新規ウイルス因子の探索、ウイルス因子の複数が相乗的に働くことの証明、ブタ体内でウイルスは単一集団ではなく準種(混ぜもの)であり、Major集団とMinor集団由来のウイルス因子の活性のバランスが病原性を決めていることの証明を目指すこととした(図1)。

3. 研究の方法

(1) 病原性に関する新規ウイルス因子の探索

国内で分離された豚コレラウイルスを収集し、ブタに対する病原性が中程度であるか感染実験により確認した。また本ウイルスのゲノム配列を次世代シーケンサーにより決定しMajorな配列と準種によると考えられるMinorな配列を比較した。さらに高病原性豚コレラウイルス、弱毒生ワクチンウイルス、さらに近年各国で分離されている中等度の病原性を持つと考えられるウイルスの遺伝子配列からアミノ酸配列を比較し、新しい病原性因子と考えられるウイルス蛋白質および遺伝子領域の特定を試みた。

病原性に関与すると考えられるウイルス蛋白質について、その変異体を遺伝子組換え技術により作製し、RNaseなどの酵素活性、アポトーシスやネクロトーシスの誘導活性、ウイルスゲノムの複製効率に関与するポリメラーゼ活性などを評価した。

これらの成績から得られた結果を基に、病原性に関する新規ウイルス因子の確定のためにリバースジェネティクス法により豚コレラウイルス変異体を作製し、ブタを用いた感染実験により病原性が変化するか評価した。

(2) ウイルス因子の複数が相乗的に働くことの証明

豚コレラウイルスのリバースジェネティクスの系を用いて、(1)で同定した新規および既知の病原性因子の組み合わせを有する変異ウイルスを作出した。作出した組換えウイルスをそれぞれブタに接種し、臨床症状とウイルス感染価を指標に病原性をスコア化した。これらを基に、複数の病原性因子の相乗効果を判定した。

(3) ウイルスの準種が病原性を決める要因であることの証明

解析した成績を基に、Major および Minor 集団のウイルスが有する病原性因子の活性バランスを人工的に再現する準種ウイルスを、作出した複数の変異ウイルスを混合して調整した。この人工的準種ウイルスを細胞およびブタに接種し、臨床症状とウイルス感染価を指標に病原性の程度をスコア化した。

4. 研究成果

(1) 病原性に関する新規ウイルス因子の探索

2019年に日本国内のイノシシから分離された豚コレラウイルス CSFV/wb/Jpn-Mie/P96/2019 株をブタに実験的に感染させ、その病原性が中程度であることを確認した。この結果は、現在流行している豚コレラウイルスの病原性が疫学的にも中程度の病原性であるという報告 (Bazarragchaa ら, *Viruses*, 2021 業績一覧の通り) と一致することがわかった。この CSFV/wb/Jpn-Mie/P96/2019 株の全遺伝子配列を決定した (遺伝子データベースへの登録番号: LC713055)。さらに CSFV/wb/Jpn-Mie/P96/2019 株の Major 塩基配列と Minor 塩基配列、近年海外で分離された野外株、高病原性標準株および弱毒生ワクチン株のアミノ酸配列を比較し、新しい病原性因子と考えられるウイルス蛋白質および遺伝子領域を選抜した。

選抜されたウイルス蛋白質のうち、既に病原性への関与が報告されている、 E^{rns} と N^{pro} について既報とは異なるアミノ酸部位の重要性が確認された。まず、ウイルス構造蛋白質 E^{rns} の病原性関連ドメインである RNase 活性ドメインとは異なる領域に位置するアミノ酸の置換によりブタに対する病原性が上昇することがわかった。これら変異体ウイルスのアポトーシスを制御する機能には有意な差はないので、これらのアミノ酸部位に病原性に関する新規機能が示唆された。さらにウイルス非構造蛋白質 N^{pro} は、既知のアポトーシスの誘導調節に加え、ネクロトーシスの誘導調節にも関与することが新たに解明された (Itakura ら, *Virus Res*, 2020, 業績一覧の通り)。

またこれまで病原性因子として報告のない、ウイルス非構造蛋白質 NS5A、NS5B 上のアミノ酸置換が、ウイルスの複製効率を調節していることを細胞レベルで明らかにした。本成績から得られた結果を基に、病原性に関する新規ウイルス因子の確定のためにリバーシジェネティクス法により豚コレラウイルス変異体を作製し、ブタを用いた感染実験により病原性の評価をした。その結果、ウイルスの体内増殖やウイルス感染後の抗体応答に有意な差が認められたことから、これらのウイルス蛋白質も病原性関連因子であると示唆される (Kim ら, *Viruses*, 2021, 業績一覧の通り)。

以上より、既に病原性因子として同定されているウイルス構造蛋白質 E^{rns} や非構造蛋白質 N^{pro} 上の新しい機能ドメインを特定することができた。さらにウイルス非構造蛋白質 NS5A、NS5B を新規の病原性因子として特定することができた。また上記の通り同定した病原性関連ドメインのアミノ酸は、中程度の病原性を持つ野外豚コレラウイルスの株間で保存されているものが多いことがわかった。

(2) ウイルス因子の複数が相乗的に働くことの証明

ウイルスエンベロープ蛋白質である E^{rns} と E2 に加えて、NS2、NS4B、NS4B、NS5A の非構造蛋白質にアミノ酸置換を有する組換えウイルスをリバーシジェネティクス法で作製した。その結果、作製したウイルスは試験管レベルで増殖性に有意な差があり、自然免疫の調節にも差があることがわかった。

またこれらのウイルスをブタに接種したところ、ウイルスの体内増殖やウイルス感染後の抗体応答に有意な差が認められた (図2, Kim ら, *Viruses*, 2021, 業績一覧の通り)。

以上より、複数のウイルス蛋白質による相乗効果により豚コレラウイルスの病原性のレベルが規定されていることが示唆された。

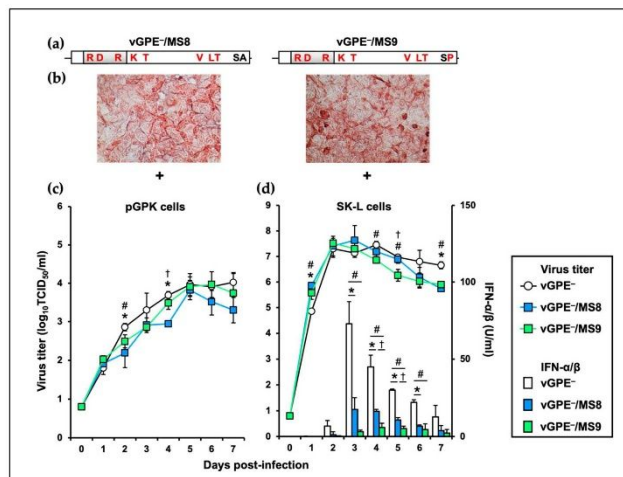


図2 NS5Bのアミノ酸置換がウイルスの増殖性に与える影響 (出典: Kim ら, *Viruses*, 2021)

(3) ウイルスの準種が病原性を決める要因であることの証明

ウイルスの準種を考慮し、病原性に関するウイルス因子に変異を導入した 2 つの組換えウイルスを混合して細胞に接種したところ、単一のウイルス集団を接種した場合に比べて型インターフェロンの産生やネクロトーシスの誘導活性が減弱する傾向が認められた。このことは、Major および Minor なウイルスクローンの混合比により、病原性の発揮に関する各ウイルス蛋白質の機能が干渉される可能性を示唆している。

一方、この 2 つのウイルスクローンを混合してブタに接種しても単一クローンを接種した場

合と比べ病原性に大きな差は認められなかった。以上より、ブタに対する病原性発現における準種の役割として、ウイルスクローン同士の干渉現象や増強現象による複数のウイルス因子の機能活性が相乗的に作用する要因となることが示唆された。一方、生体レベルにおける本現象のメカニズムの解明には更なる研究が必要である。

以上より、豚コレラウイルスの多様な病原性の発現機序を、ウイルス蛋白質の分子レベルさらに変異ウイルスのブタを用いた実験感染による生体レベルの研究により解明した。その結果、既報のウイルス因子に加え、病原性に関与する新規ウイルス因子を同定することができた。また同定したウイルス因子の複数が相乗的に病原性の発揮に働くことを明らかにした。さらに、ブタ体内でウイルスは単一集団ではなく準種（混ざりもの）であり、Major 集団と Minor 集団由来のウイルス因子の活性のバランスが病原性を決める要因の1つであることを明らかにした。

これらの成果は、宿主・病原体間の相互作用がもたらす豚コレラウイルスの病原性発揮メカニズムの理解だけでなく、本病の新しいワクチン開発の基盤となる重要な学術知見である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計13件（うち査読付論文 13件／うち国際共著 5件／うちオープンアクセス 11件）

1. 著者名 Kim Taksoo, Huynh Loc Tan, Hirose Shizuka, Igarashi Manabu, Hiono Takahiro, Isoda Norikazu, Sakoda Yoshihiro	4. 巻 13
2. 論文標題 Characteristics of Classical Swine Fever Virus Variants Derived from Live Attenuated GPE-Vaccine Seed	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Viruses	6. 最初と最後の頁 1672 ~ 1672
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/v13081672	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Hirose Shizuka, Isoda Norikazu, Huynh Loc Tan, Kim Taksoo, Yoshimoto Keiichiro, Tanaka Tohru, Inui Kenjiro, Hiono Takahiro, Sakoda Yoshihiro	4. 巻 11
2. 論文標題 Antiviral Effects of 5-Aminolevulinic Acid Phosphate against Classical Swine Fever Virus: In Vitro and In Vivo Evaluation	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 164 ~ 164
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.3390/pathogens11020164	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する
1. 著者名 NISHIMORI Asami, HIROSE Shizuka, OGINO Saho, ANDOH Kiyohiko, ISODA Norikazu, SAKODA Yoshihiro	4. 巻 84
2. 論文標題 Endemic infections of bovine viral diarrhea virus genotypes 1b and 2a isolated from cattle in Japan between 2014 and 2020	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Journal of Veterinary Medical Science	6. 最初と最後の頁 228 ~ 232
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1292/jvms.21-0480	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -
1. 著者名 Shiokawa Mai, Miura Ryotaro, Okubo Aki, Hagita Yujiro, Yoshimura Itaru, Aoki Hiroshi	4. 巻 11
2. 論文標題 Bovine endometrium-derived cultured cells are suitable for lipofection	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Scientific Reports	6. 最初と最後の頁 16207
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1038/s41598-021-95848-0	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Isoda Norikazu, Baba Kairi, Ito Satoshi, Ito Mitsugi, Sakoda Yoshihiro, Makita Kohei	4. 巻 9
2. 論文標題 Dynamics of Classical Swine Fever Spread in Wild Boar in 2018 - 2019, Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 119 ~ 119
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/pathogens9020119	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Ganges Lillianne, Crooke Helen R., Bohorquez Jose Alejandro, Postel Alexander, Sakoda Yoshihiro, Becher Paul, Ruggli Nicolas	4. 巻 289
2. 論文標題 Classical swine fever virus: the past, present and future	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Virus Research	6. 最初と最後の頁 198151 ~ 198151
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virusres.2020.198151	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Bazarragchaa Enkhbold, Isoda Norikazu, Kim Taksoo, Tetsuo Madoka, Ito Satoshi, Matsuno Keita, Sakoda Yoshihiro	4. 巻 13
2. 論文標題 Efficacy of Oral Vaccine against Classical Swine Fever in Wild Boar and Estimation of the Disease Dynamics in the Quantitative Approach	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Viruses	6. 最初と最後の頁 319 ~ 319
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/v13020319	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 SUNAGA Fujiko, TSUCHIYAKA Shinobu, KISHIMOTO Mai, AOKI Hiroshi, KAKINOKI Mari, KURE Katsumasa, OKUMURA Hanako, OKUMURA Maho, OKUMURA Atsushi, NAGAI Makoto, OMATSU Tsutomu, MIZUTANI Tetsuya	4. 巻 82
2. 論文標題 Development of a one-run real-time PCR detection system for pathogens associated with porcine respiratory diseases	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Veterinary Medical Science	6. 最初と最後の頁 217 ~ 223
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1292/jvms.19-0063	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Kasahara Kamiie Miwako, Kagawa Mitsuo, Shiokawa Mai, Sunaga Fujiko, Fukase Yuka, Aihara Naoyuki, Shiga Takanori, Kamiie Junichi, Aoki Hiroshi, Nagai Makoto	4. 巻 -
2. 論文標題 Detection and genetic analysis of a novel atypical porcine pestivirus from piglets with congenital tremor in Japan	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Transboundary and Emerging Diseases	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/tbed.14149	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Itakura Yukari, Matsuno Keita, Ito Asako, Gerber Markus, Liniger Matthias, Fujimoto Yuri, Tamura Tomokazu, Kameyama Ken-ichiro, Okamatsu Masatoshi, Ruggli Nicolas, Kida Hiroshi, Sakoda Yoshihiro	4. 巻 276
2. 論文標題 A cloned classical swine fever virus derived from the vaccine strain GPE- causes cytopathic effect in CPK-NS cells via type-I interferon-dependent necroptosis	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Virus Research	6. 最初と最後の頁 197809 ~ 197809
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virusres.2019.197809	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Tetsuo Madoka, Matsuno Keita, Tamura Tomokazu, Fukuhara Takasuke, Kim Taksoo, Okamatsu Masatoshi, Tautz Norbert, Matsuura Yoshiharu, Sakoda Yoshihiro	4. 巻 9
2. 論文標題 Development of a High-Throughput Serum Neutralization Test Using Recombinant Pestiviruses Possessing a Small Reporter Tag	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 188 ~ 188
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/pathogens9030188	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Ito Satoshi, Jurado Cristina, Bosch Jaime, Ito Mitsugi, Sanchez-Vizcaino Jose Manuel, Isoda Norikazu, Sakoda Yoshihiro	4. 巻 8
2. 論文標題 Role of Wild Boar in the Spread of Classical Swine Fever in Japan	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Pathogens	6. 最初と最後の頁 206 ~ 206
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/pathogens8040206	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Shiokawa Mai, Omatsu Tsutomu, Katayama Yukie, Nishine Kaoru, Fujimoto Yuri, Uchiyama Shiori, Kameyama Ken-ichiro, Nagai Makoto, Mizutani Tetsuya, Sakoda Yoshihiro, Fukusho Akio, Aoki Hiroshi	4. 巻 538
2. 論文標題 END-phenomenon negative bovine viral diarrhoea virus that induces the host's innate immune response supports propagation of BVDVs with different immunological properties	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Virology	6. 最初と最後の頁 97 ~ 110
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.virol.2019.09.016	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計13件（うち招待講演 3件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 金琢洙, LOC Huynh Tan, 廣瀬静香, 日尾野隆大, 磯田典和, 迫田義博
2. 発表標題 ワクチンシードと同じアミノ酸配列を持つ豚熱ウイルスGPE-株作出の試み
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 廣瀬静香, Huynh Tan Loc, 金琢洙, 磯田典和, 日尾野隆大, 吉本圭一郎, 田中徹, 乾健二郎, 迫田義博
2. 発表標題 アミノレプリン酸リン酸塩による豚熱ウイルス増殖抑制効果の検証
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Huynh Tan Loc, 廣瀬 静香, 金 琢洙, 田村友和, 福原崇介, 松浦善治, 日尾野 隆大, 磯田 典和, 迫田 義博
2. 発表標題 Generation of recombinant highly virulent classical swine fever virus strain possessing a luminescent HiBiT tag as a reporter
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Yoshihiro Sakoda
2. 発表標題 Program and evaluation of vaccination for wild and domestic boars against classical swine fever in Japan
3. 学会等名 2021 International Symposium for Classical Swine Fever China Institute of Veterinary Drug Control (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 廣瀬静香、Huynh Tan Loc、金琢洙、磯田典和、日尾野隆大、吉本圭一郎、田中徹、乾健二郎、迫田義博
2. 発表標題 アミノレプリン酸リン酸塩による豚熱ウイルス増殖抑制効果の検証
3. 学会等名 第68回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Huynh Tan Loc, 廣瀬 静香, 金 琢洙, 田村友和, 福原崇介, 松浦善治, 日尾野 隆大, 磯田 典和, 迫田 義博
2. 発表標題 Generation of recombinant classical swine fever virus possessing a luminescent HiBiT tag as a reporter using a highly virulent strain
3. 学会等名 第68回日本ウイルス学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 迫田義博
2. 発表標題 豚熱のワクチン
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 塩川舞、三浦亮太郎、大久保阿輝、萩田裕二郎、青木博史
2. 発表標題 リポフェクション効率の高い牛由来培養細胞の作出とウイルス感染症研究への応用
3. 学会等名 第164回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 塩川舞、森田結衣、長井誠、青木博史
2. 発表標題 非定型豚ペスチウイルスの分離と作出方法
3. 学会等名 第27回トガ・フラビ・ペスチウイルス研究会
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Bazarragchaa Enkhbold、金 琢洙、哲翁 まどか、磯田 典和、松野 啓太、迫田 義博
2. 発表標題 Quantitative analysis of antigen and antibody of classical swine fever virus in wild boar sera collected in Gifu prefecture, Japan
3. 学会等名 第163回 日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 廣瀬 静香、野津 昂亮、松野 啓太、岡松 正敏、川本 恵子、磯田 典和、迫田 義博
2. 発表標題 ウイルス系統学的解析および疫学的ネットワーク解析を用いた北海道十勝地方における牛ウイルス性下痢ウイルスの伝播経路解明
3. 学会等名 第163回 日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 迫田 義博
2. 発表標題 豚熱 (CSF) の現状と今後の展望-食生活への影響はあるのか
3. 学会等名 日本獣医学会 市民公開講座 (招待講演)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 哲翁まどか, 松野啓太, 田村友和, 福原崇介, 松浦善治, 岡松正敏, 迫田義博
2. 発表標題 発光タグHiBiTをレポーターとして用いた遺伝子組換えウイルスによる簡便なペスチウイルス抗体測定法の確立
3. 学会等名 第162回日本獣医学会学術集会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

北海道大学大学院獣医学研究院微生物学教室 ホームページ https://www.vetmed.hokudai.ac.jp/organization/microbio1/index.html

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	青木 博史 (AOKI Hiroshi) (10440067)	日本獣医生命科学大学・獣医学部・准教授 (32669)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8 . 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関			
スイス	Institute of Virology and Immunology			
ドイツ	University of Lubeck			
スペイン	University Complutense of Madrid			
ベトナム	国際連合食糧農業機関 (FAO)			