

## 資料

## 野生イノシシにおける豚熱サーベイランスの概要と疫学解析事例

早山 陽子

(農研機構動物衛生研究部門越境性家畜感染症研究領域疫学・昆虫媒介感染症グループ)

Hayama, Y. (2025). Classical swine fever surveillance and epidemiological analysis in wild boar in Japan.  
*Proc. Jpn. Pig Vet. Soc.* 85, 1-7.

キーワード：豚熱、イノシシ、疫学解析、サーベイランス

## 1. はじめに

豚熱は豚とイノシシに感染する豚熱ウイルスによる感染症であり、強い伝播力と治療法がないことから、家畜伝染病予防法の家畜伝染病（法定伝染病）に定められている。国内では1970年代まで広く流行していたが、GPE-ワクチンの全国的な普及により感染は減少し、1992年12月を最後に野外での感染は確認されなくなった。その後、清浄性確認検査とワクチン接種の中止からなる清浄化対策が全国で実施され、2015年5月には国際獣疫事務局（WOAH）から豚熱清浄国の認定を受けた。しかしながら、2018年9月に岐阜県の豚農

場で26年ぶりに新たな感染が確認され、野生イノシシ（以下、「イノシシ」という。）にも感染が広がった。イノシシ集団内での感染のコントロールは非常に困難であり、イノシシでの感染は拡大・継続している。豚熱の再発以降、死亡又は捕獲されたイノシシを対象とした全国規模のサーベイランスが実施されている。本稿では、現在行われているイノシシの豚熱サーベイランスの概要と、イノシシにおける豚熱の疫学解析事例を紹介する。

## 2. イノシシにおける豚熱の感染状況

図1は2024年10月下旬時点のイノシシでの豚熱の感染状況を示しており、38都府県で感染が確認されている。2018年9月に岐阜県で感染イノシシが確認されて

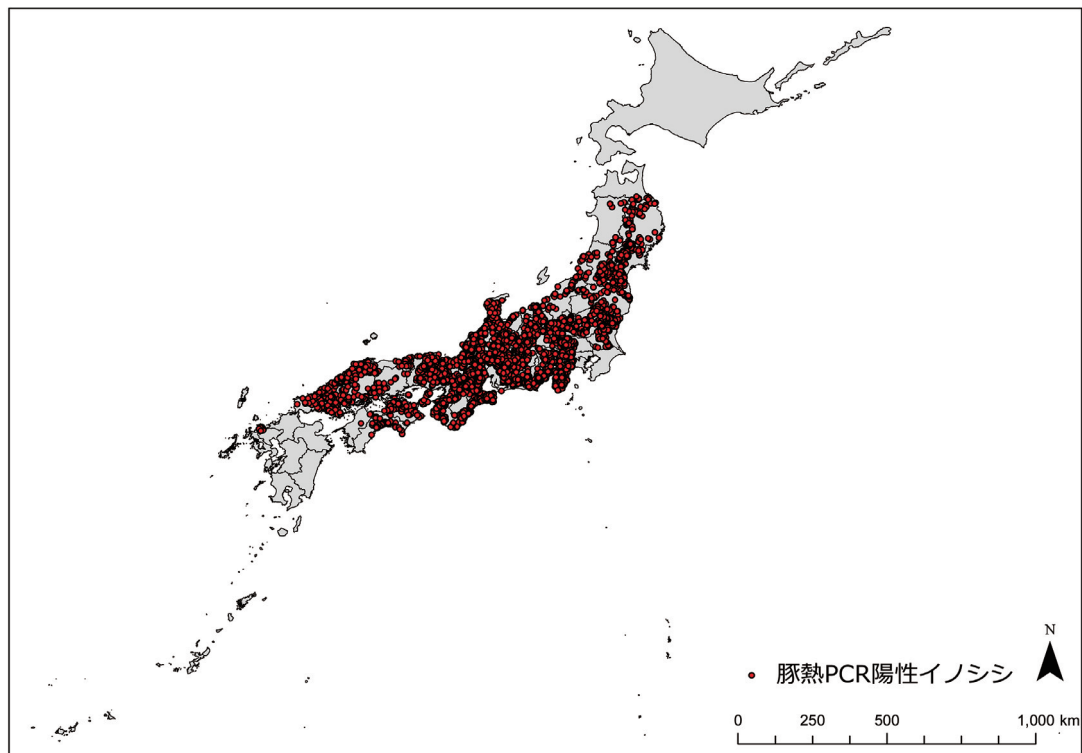


図1 イノシシにおける豚熱の感染状況（2024年10月下旬時点）

以降、2019年9月までに隣接する愛知県、三重県、長野県、富山県、石川県、福井県及び滋賀県に感染が広がった。同じく2019年9月には約200km離れた埼玉県の豚農場で感染が確認され、その直後に農場周辺のイノシシでも感染が確認された。この期間のデータを用いた解析では、イノシシ集団内での感染拡大速度は月当たり5～10kmと推定されている<sup>9)</sup>。埼玉県でイノシシの豚熱の感染が確認されて以降、関東・甲信越地方ではイノシシでの感染が広がり、2020年11月までに千葉県を除く各都府県で感染が確認されている。イノシシでの感染は関東地方から東北地方へと広がり、東北地方では2020年8月に福島県で初めて感染が確認された。その後、2020年12月から2022年8月にかけて、山形県、宮城県、岩手県、秋田県で感染が確認された。2024年8月には青森県でも感染が確認され、現時点での感染の最北端となっている。

一方、西日本では、2019年9月から2021年3月にかけて近畿地方に感染が広がった。兵庫県では2021年3月に東部でイノシシでの感染が初めて確認され、同年7月には淡路島でも感染が確認された。この時期の感染の西端は兵庫県だったが、2022年3月に約400km離れた山口県と広島県で感染が確認された。5月には鳥根県でも感染が確認され、中国地方で感染が広がり始めた。鳥根県では、2023年1月に東部の兵庫県との県境で、2024年5月には西部の鳥根県との県境で感染が確認された。岡山県では2024年2月に西部で感染が確認されるとともに、東部の鳥根県との県境でも感染が確認されている。四国地方では、2022年7月に徳島県で感染イノシシが初めて確認された。その後、2022年9月に高知県、2023年1月に香川県、2024年6月に愛媛県で感染が確認されている。

九州地方ではイノシシで感染が見つかる前に豚農場で豚熱の発生が確認された。これは佐賀県で確認され

た、豚農場での発生事例88例目と89例目であり、2023年8月に発生したものである。イノシシでの感染事例は、9カ月後の2024年5月に、前年豚熱が発生した豚農場の周辺で確認された。九州地方でのイノシシの感染は、現時点では当該地域に限局しているものの、毎月数頭の感染イノシシが摘発されている。

### 3. イノシシにおける豚熱サーベイランスの概要

2018年9月にイノシシで豚熱の感染が確認されて以降、死亡した個体や捕獲された個体の検体を用いたイノシシの豚熱のサーベイランスが全国的に強化された。このサーベイランスでは、各都府県で豚熱のPCR検査とELISAを用いた抗体検査が実施されている。農林水産省は都府県ごとに年間少なくとも299頭を目標にイノシシの検査をすることを掲げており\*、各都府県でのイノシシの検査体制が整備されたことに伴い豚熱の検査頭数は年々増加し、2023年度には約3万頭の検査が実施された。

\*1%のイノシシが豚熱に感染している場合に95%の確度で発見するために必要な頭数。

#### (1) 2023年度のサーベイランスの概要

北海道を除く46都府県で豚熱のPCR検査が実施されていた。2023年度の県当たりの検査頭数の中央値は410頭（最小値：50頭，最大値：4,272頭）だった。PCR陽性個体は34都府県で確認され、PCR陽性頭数は1,300頭、PCR陽性割合は4.2%（1,300/31,098頭）だった。PCR陽性が確認された県では、県当たりのPCR陽性頭数の中央値は26頭（最小値：1頭，最大値：224頭）、県当たりのPCR陽性割合の中央値は4.9%（最小値：0.2%，最大値：17.7%）だった。

死亡個体・捕獲個体別では、死亡個体のPCR陽性割合は35.6%（221/621頭）、捕獲個体のPCR陽性割合

表1 2023年度のイノシシにおける豚熱サーベイランスの結果

|          | PCR陽性<br>頭数 | PCR陰性<br>頭数 | 合計<br>頭数 | PCR陽性<br>割合 | p-value <sup>a)</sup> |
|----------|-------------|-------------|----------|-------------|-----------------------|
| 死亡       | 221         | 400         | 621      | 35.6%       | <0.001                |
| 捕獲       | 1,079       | 29,398      | 30,477   | 3.5%        |                       |
| 雄        | 687         | 15,945      | 16,632   | 4.1%        | 0.96                  |
| 雌        | 587         | 13,563      | 14,150   | 4.1%        |                       |
| 不明       | 26          | 290         | 316      | 8.2%        |                       |
| 成獣       | 980         | 22,597      | 23,577   | 4.2%        | 0.47                  |
| 幼獣       | 276         | 6,708       | 6,984    | 4.0%        |                       |
| 不明       | 44          | 493         | 537      | 8.2%        |                       |
| 春(3～5月)  | 277         | 3,322       | 3,599    | 7.7%        | <0.001                |
| 夏(6～8月)  | 243         | 8,548       | 8,791    | 2.8%        |                       |
| 秋(9～11月) | 343         | 11,666      | 12,009   | 2.9%        |                       |
| 冬(12～2月) | 437         | 6,262       | 6,699    | 6.5%        |                       |

a) カイ二乗検定

は3.5% (1,079/30,477頭)であり、死亡個体のPCR陽性割合は有意に高かった ( $p < 0.001$ ) (表1)。性別では、雄、雌ともに、PCR陽性割合は4.1%であり (雄: 687/16,632頭、雌: 587/14,150頭)、性別によるPCR陽性割合に有意な差はなかった ( $p = 0.96$ ) (表1)。成獣・幼獣別では、PCR陽性の割合は、成獣で4.2% (980/23,577頭)、幼獣で4.0% (276/6,984頭)であり、成獣と幼獣でPCR陽性割合に有意な差はなかった ( $p = 0.47$ ) (表1)。また、季節ごとのPCR陽性割合を比較したところ、季節間で有意な差が認められ ( $p < 0.001$ ) (表1)、春と冬のPCR陽性割合 (春: 7.7%, 冬: 6.5%) は、夏 (2.8%) と秋 (2.9%) のPCR陽性割合よりも有意に高かった ( $p < 0.001$ )。

## (2) 感染・免疫獲得状況の推移

PCR検査とELISA検査を実施している都府県のデータを用いて、感受性個体 (すなわち陰性個体)、感染個体及び免疫個体の推移を分析した。PCR陰性かつELISA陰性を感受性個体、PCR陽性 (ELISA陰性又は陽性) を感染個体、PCR陰性かつELISA陽性を免疫個体として分類した。免疫個体には、感染により免疫を獲得した個体とワクチンにより免疫を獲得した個体の双方が含まれる。イノシシにおける豚熱のサーベイランスの県ごとの感染・免疫獲得状況の推移の解析結果については、農林水産省の野生イノシシ豚熱対策検討会の資料に掲載されている<sup>7)</sup>。ここでは誌面の

都合上、検査頭数が多く、また、検査期間も長い岐阜県の事例を紹介する。

図2は岐阜県における感受性個体、感染個体及び免疫個体の推移を成獣 (上図) と幼獣 (下図) 別に示している。成獣では、2019年4月時点の感染個体の割合は約80%であったが、その後、感染は減少し、2020年4月以降、感染頭数は10頭以下、感染割合は10%以下となり、感染状況は低い水準を維持していた。2022年10月以降、感染頭数が増加し、2023年2～5月にかけて感染割合が約10～20%に上昇した。その後、感染はやや減少したものの、同年12月から感染が再び増加傾向を示し、2023年12月～2024年3月の感染割合は約10～20%となった。免疫個体の割合は、2019年4月以降、徐々に増加し、2020年3～7月にかけて60～70%に達した。その後、免疫個体の割合は減少し、2021年6月～2022年10月は約20～40%で推移していた。2022年10月以降の感染頭数の増加に伴い、免疫個体の割合も増加し、2024年6月時点で約60%となっている。一方、幼獣については、免疫個体の推移が成獣と異なる傾向がある。幼獣では、毎年6～8月に免疫個体の割合の一時的な増加が確認されている。これは、母イノシシからの移行抗体の影響によるものと考えられ、免疫個体の割合が下がると感受性個体の割合が増加している。免疫個体割合のピークは年々減少していたが、2024年のピークは約60%まで増加している。感染個体については、2020年6月～2022年10月の間は感染個体は5頭

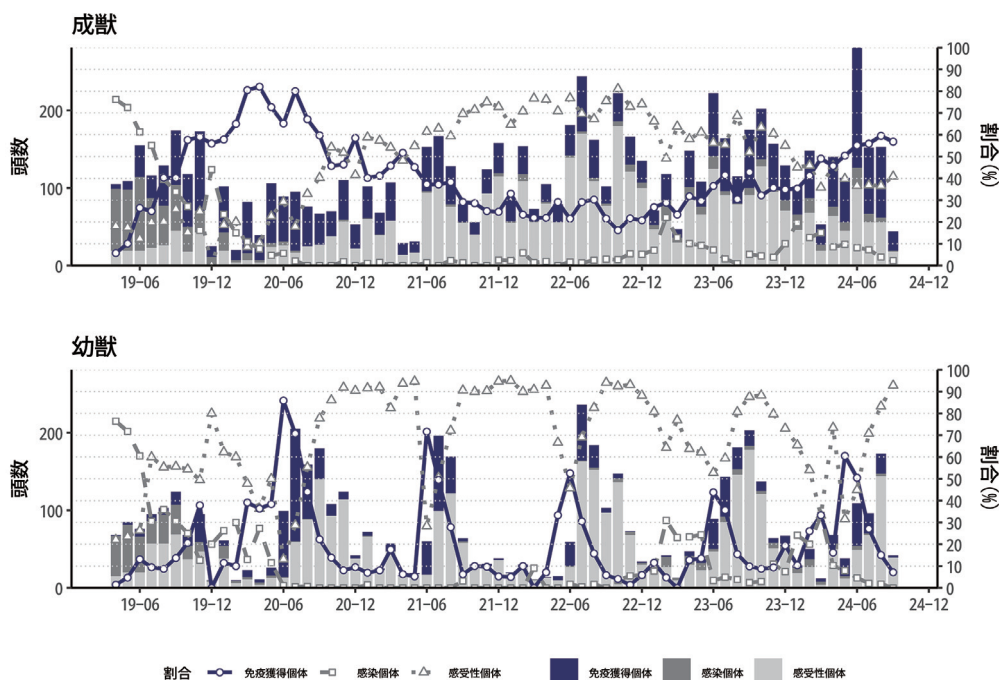


図2 岐阜県におけるイノシシの感染状況の推移 (上図: 成獣、下図: 幼獣)

以下、感染割合は概ね5%以下で推移していたが、その後、感染がやや増加し、2023年2～5月と2024年1～4月は、感染割合が約10～30%となっている。

#### 4. イノシシにおける豚熱の疫学解析事例

##### (1) 経口ワクチンに関する疫学解析事例

イノシシでの豚熱の感染拡大を防ぐため、2019年3月から経口ワクチンの散布が開始された。2024年8月時点で、これまでに豚やイノシシで豚熱陽性が確認されている県（沖縄県を除く）及びその隣接県等39都府県で経口ワクチンの散布が行われている。2023年度には約31万頭の経口ワクチンが散布された。経口ワクチンの散布は、各都府県が散布の枠組みとなる協議会を設立し、県、市町村、猟友会、畜産関係団体等と協力しながらワクチン散布の計画・実施を行っている。ここでは、イノシシの豚熱サーベイランスデータと経口ワクチン散布データを用いた疫学解析事例について2つ紹介する。

1つ目は、経口ワクチンの散布地点からの距離と免疫獲得イノシシの密度の関係を分析したものである<sup>1)</sup>。この研究では、ワクチン散布地点から近いほど、免疫個体が増えるのかについて空間統計解析手法を用いて解析した。使用したデータは、岐阜県の2021年度のワクチン散布データと、2020年11月～2022年5月のイノシシのサーベイランスデータである。この時期、岐阜県では感染個体の割合が5%を下回っており、イノシシでの感染は限定的で、免疫個体はワクチン散布による影響と考えられた。ワクチン散布は、前期（2021年5～6月）と後期（2021年9月～2022年1月）に行われており、各期間で2,000ヵ所以上でワクチンが散布

された。解析の結果、前期、後期ともに、ワクチン散布地点から500m以上離れると、免疫獲得個体の密度が0.45～0.35倍に低下することが明らかとなった（表2）。このことは、ワクチン散布地点から500m以内は、免疫個体が増えやすいことを示している。

2つ目は、感染症数理モデルの手法を用いて、経口ワクチンの散布効果を推定したものである<sup>2,3)</sup>。2018年9月から2019年11月までに岐阜県内で捕獲されたイノシシの検査データとワクチン散布データを用いて、感染個体の割合と免疫個体の割合の推移をモデル化した。このモデルを用いて、2019年3月から2019年8月までに4回にわたって実施されたイノシシへの経口ワクチンの効果を推定した。その結果、4回のワクチン散布によって免疫を獲得したイノシシは、初回のワクチン散布時に生息していたと考えられる個体数の12.1%（95%信頼区間：7.8-16.5%）であったと推定された。

##### (2) 豚熱ウイルスのフルゲノム情報を用いた疫学解析事例

豚熱が発生した農場と感染イノシシから得られた検体の一部については、PCR検査やELISA検査のほか、豚熱ウイルスのフルゲノム情報を取得し、解析に用いている。フルゲノム情報を用いることで、侵入時期の推定や地域間の伝播を推定することが可能となる。ここでは豚熱ウイルスのフルゲノム情報を用いた疫学解析事例を2つ紹介する。

1つ目は、豚熱ウイルスのフルゲノム情報を用いた豚熱ウイルスの国内侵入時期の推定である<sup>8)</sup>。2020年2月までに国内で確認された全ての発生農場と、豚熱の感染が確認されたイノシシ93頭に由来するウイルス

表2 免疫獲得イノシシの密度とワクチン散布地点及び感受性個体からの距離に関する解析結果<sup>1)</sup>

| ワクチン散布時期 | 変数               | 係数(標準偏差)     | 相対密度 | 95%信頼区間      | p-value |
|----------|------------------|--------------|------|--------------|---------|
| 前期       | 切片               | -0.77(0.22)  |      |              |         |
|          | ワクチン散布地点からの最短距離  |              |      |              |         |
|          | ≤ 500 m          | Reference    |      |              |         |
|          | > 500 m          | -0.80 (0.18) | 0.45 | (0.32, 0.64) | <0.001  |
|          | 感受性個体からの最短距離     |              |      |              |         |
| 後期       | ≤ 1,200 m        | Reference    |      |              |         |
|          | > 1,200 m        | -0.27 (0.16) | 0.76 | (0.56, 1.05) | 0.047   |
|          | 切片               | -1.18(0.25)  |      |              |         |
|          | ワクチン散布地点からの最短距離  |              |      |              |         |
|          | ≤ 500 m          | Reference    |      |              |         |
|          | > 500 m, ≤ 860 m | -0.52 (0.20) | 0.59 | (0.40, 0.89) | 0.005   |
|          | > 860 m          | -1.05 (0.21) | 0.35 | (0.23, 0.53) | <0.001  |
|          | 感受性個体からの最短距離     |              |      |              |         |
|          | ≤ 1,200 m        | Reference    |      |              |         |
|          | > 1,200 m        | 0.19 (0.19)  | 1.21 | (0.97, 1.08) | 0.827   |

遺伝子を解析し、ゲノム全長配列を決定した。ウイルスの遺伝子変異の速度を考慮した解析手法を用いてウイルスの分岐時期を調べることで、ウイルスが国内に侵入した時期を推定した。その結果、国内へのウイルスの侵入は、初発農場での発生が摘発された2018年9月9日の146日前（95%信用区間：85日-216日）に起こったと推定された。また、関東地方への侵入は、地域で最初の農場が摘発される93日前（95%信用区間：78日-135日）、沖縄県への侵入は同じく34日前（95%信用区間：8日-68日）であったと推定された。

2つ目は、共通の一塩基変異（shared Single Nucleotide Variation, shared SNV）に着目した解析方法である<sup>10,11)</sup>。豚熱の流行中、豚熱ウイルスの遺伝子は常に変異している。あるウイルス株の子孫株は、祖先株と同じ変異を持ち、その中の特定の子孫株で新たに起こった変異は、さらに次の世代に引き継がれる。このため、共通の一塩基変異を抽出することでウイルス株をグループ分けし、地理情報と合わせることで近縁なウイルス株の地理的関係を調べることができる。解析手法の詳細は引用文献11に記載されている。また、これまでの解析結果は農林水産省の疫学調査検討会の資料としても公表されている。図3は、淡路島と山口県へのイノシシの感染拡大を解析したものである<sup>4)</sup>。淡路島で確認されたイノシシ由来のウイルスと山口県で

確認されたイノシシ由来のウイルスは、いずれも紀伊半島のイノシシ由来のウイルスと同じグループであった。特に、山口県のイノシシ由来株は三重県東部のイノシシ由来株と最も近縁であり、400km以上の長距離伝播が起ったことが示された。山口県と三重県の間に位置する広島県と岡山県では感染イノシシは確認されていなかったことから、人為的な要因で山口県へウイルスが伝播した可能性が高いと考えられた。図4は、佐賀県の豚農場発生由来株（88例目と89例目）の解析結果を示している<sup>5)</sup>。佐賀県の発生農場由来株は、三重県東部から山口県に感染拡大した後、佐賀県に侵入したものと考えられた。なお、佐賀県の発生農場周辺で確認されたイノシシ由来のウイルス株については、遺伝子解析の結果、89例目農場の由来株の下流に位置しており、89例目の発生農場に由来するウイルスに起因する可能性が高いと考えられている<sup>6)</sup>。

## 5. おわりに

野生動物集団における感染症のコントロールは難しく、特にイノシシの生息密度が高い日本では、イノシシでの豚熱の感染の制御は極めて困難である。捕獲や経口ワクチン散布といった対策が行われているものの、今後もイノシシでの感染が継続する可能性は高い。イノシシでの感染が確認されている地域では、豚農場に



図3 豚熱ウイルスのフルゲノム情報を用いた解析結果（淡路島・山口県への感染拡大）  
出典：農林水産省第17回拡大豚熱疫学調査チーム検討会資料（引用文献4）



図4 豚熱ウイルスのフルゲノム情報を用いた解析結果（佐賀県への感染拡大）  
出典：農林水産省第18回拡大豚熱疫学調査チーム検討会資料（引用文献5）

における適切なワクチン接種の実施と徹底した衛生管理対策が求められる。また、感染イノシシが確認されていない地域でも、人為的な要因等でウイルスが運ばれる可能性があるため注意が必要である。農林水産省及び各都府県の協力のもと、イノシシの豚熱サーベイランスや経口ワクチン散布に関するデータを収集・管理する体制が整備されたこともあり、これらのデータを感染状況や免疫獲得状況の解析や疫学解析に活用できるようになった。イノシシでの感染状況は地域によって異なり、時間の経過とともに推移するので、今後も地域における感染状況を把握するためにはイノシシのサーベイランスを実施し、その結果を還元していくことが重要である。

#### 利益相反

著者は開示すべき利益相反はない。

#### 謝辞

本稿に含まれる研究は、農林水産省の「安全な農畜水産物安定供給のための包括的レギュラトリーサイエンス研究推進委託事業（CSF の新たな総合的防除技術の開発）」（JPJ008617, 20319390）により実施しました。データの提供や疫学調査にご協力いただいた、関係県及び農林水産省の担当者に感謝いたします。

#### 引用文献

- 1) Hayama Y, et al. (2023) Analysis of effective spatial range of oral vaccination against classical swine fever for wild boar. *Prev Vet Med*, 221: 106080.
- 2) 北海道大学プレスリリース（2022）野生動物でのワクチンの効果の評価が可能に～ワクチン散布による豚熱などの野生動物での疾病の制御に期待。  
<https://www.hokudai.ac.jp/news/2022/10/post-1107.html>（2024年10月2日閲覧）
- 3) Matsuyama R, et al. (2022) Measuring impact of vaccination among wildlife: The case of bait vaccine campaigns for classical swine fever epidemic among wild boar in Japan. *PLoS Comput Biol*, 18(10): e1010510.
- 4) 農林水産省第17回拡大豚熱疫学調査チーム検討会（2022）  
<https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/csf/attach/pdf/domestic-534.pdf>（2024年10月2日閲覧）
- 5) 農林水産省第18回拡大豚熱疫学調査チーム検討会（2023）  
<https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/csf/attach/pdf/domestic-26.pdf>（2024年10月2日閲覧）
- 6) 農林水産省第20回拡大豚熱疫学調査チーム検討会

- 及び第8回野生イノシシ豚熱対策検討会 (2024)  
<https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/csf/wildboar/240802.html> (2024年10月2日閲覧)
- 7) 農林水産省第7回野生イノシシ豚熱対策検討会 (2024) <https://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/csf/wildboar/240322.html> (2024年10月2日閲覧)
- 8) Sawai K, et al. (2022) Phylogenetic and phylodynamic analysis of a classical swine fever virus outbreak in Japan (2018-2020). *Transbound Emerg Dis*, 69(3): 1529-1538.
- 9) Shimizu Y, et al. (2021) Epidemiological analysis of classical swine fever in wild boars in Japan. *BMC Vet Res*, 17(1): 188.
- 10) Yamamoto T, et al. (2022) Subgrouping and analysis of relationships between classical swine fever virus identified during the 2018-2020 epidemic in Japan by a novel approach using shared genomic variants. *Transbound Emerg Dis*, 69(3): 1166-1177.
- 11) 山本健久 (2022) ウイルスの遺伝子情報で解明する野性イノシシにおける豚熱の感染拡大. 畜産技術, 2022(811):35-41.