

## 資料

## 口蹄疫総論

深井克彦

(農業・食品産業技術総合研究機構 動物衛生研究部門 越境性家畜感染症研究領域)

Fukai, K. (2026). Foot-and-mouth disease: An overview.

*Proc. Jpn. Pig Vet. Soc.* 87, 1-5.

キーワード：口蹄疫、伝播特性、発生状況、病態、疫学

## 1. はじめに

口蹄疫は、偶蹄類動物に感染する急性熱性伝染病であり、発熱、水疱形成、跛行、及び流涎などの症状を呈する。本病の発生国や地域においては、家畜や畜産物の輸出停止による間接的な経済被害が引き起こされる。また、疾病名のとおり、本病による病変の形成部位が口や蹄周囲のため、摂食不良や運動障害による動物の損耗に伴う直接的な経済被害も引き起こされる。そのため、世界各国が本病の発生防止と拡大抑制に努めている。

本病は世界の三分の二の国や地域で発生しており、アジア、中東、及びアフリカといった本病の常在地域を中心にウイルスの動態は複雑化しており、わが国を含む清浄国においても本病の発生リスクは極めて高い。本稿では、口蹄疫の概要、伝播特性、地域別の感染状況、及び病態について概観し、万一の本病侵入に備える一助とすることを目的とする。

## 2. 口蹄疫の概要と特徴

口蹄疫は、ピコルナウイルス科アフトウイルス属に属する口蹄疫ウイルス (FMDV) によって引き起こされる疾病であり、牛、豚、緬山羊、シカ、及びイノシシなど 70 種以上の動物が罹患する<sup>24)</sup>。FMDV に感染した動物は一般に発熱を呈した後、口部、鼻部、乳頭部、及び蹄部などに水疱を形成する。その後病変は潰瘍となり、疼痛による摂食及び運動障害を引き起こす。また、若齢動物では、心筋炎が原因とみられる突然死の事例も報告されている。本病の最も特徴的な点は、その極めて強い伝染力である。感染動物は、発症前からウイルスを排泄し始め、感染源となることから、早期発見と摘発淘汰が極めて重要である。

## 3. 本病の伝播特性

本病の伝播特性は強い伝染力であり、その要因は以下の4つであると考えられる。

## ①ウイルス排泄量と排泄経路の多様性

FMDV は排泄量に差はあるものの、感染動物の唾液や鼻汁、水疱内に貯留した水疱液、乳汁や精液、及び糞尿などほぼ全ての分泌・排泄物中に認められる<sup>1)</sup>。特に豚はウイルスの「増幅動物」として、1日当たり1頭から  $10^9$  TCID<sub>50</sub> 程度の大量のウイルスを呼気中に放出し、それは牛の1日当たりの100～1,000倍の排泄量に相当するとされる<sup>17)</sup>。また、水疱形成以前からウイルス排泄が始まるため、臨床症状が出る前の段階から感染拡大のリスクが存在する。このように顕在化しないうちから感染リスクが存在することは、本病の強い伝染力に寄与すると考えられる。

## ②環境耐性と伝播経路の多様性

ウイルスを含むエアロゾルを介した空気伝播については、湿度55%以上の環境下において、陸上では最長60～150km、また海上では最長300～500kmに及んだ例も確認されており、1967年の英国からフランスへの空気伝播が有名である<sup>5)</sup>。ウイルスに汚染された器具、衣類、及び車両などを介する接触伝播に加え、汚染畜産物を介した食品媒介伝播、及び野鳥やげっ歯類などによる生物媒介伝播も確認されている。一方、FMDV はエンベロープを有しないため、有機物が存在する低温環境下においては長期間感染性を有することが可能である。このようなウイルスの伝播経路の多様性や環境耐性も、本病の強い伝染力に寄与すると考えられる。一方、FMDV は中性域以外のpH環境においては速やかに感染性を消失することが知られており、このようなウイルスの特性を利用した消毒対策が有効である<sup>13)</sup>。

## ③宿主特性と感染様式

牛は経気道経路においては、 $10^1$  TCID<sub>50</sub> という非常

に少量のウイルスで感染が成立するとされており<sup>2)</sup>、その後発症し、農場や地域における本病の顕在化の役割を担うことから「検出動物」と呼ばれる。一方豚は、経気道感染において、牛や緬山羊に比べて100倍程度のウイルス量が必要とされる<sup>2)</sup>。しかしながら、一度感染が成立すると、前述のように呼気中に大量のウイルスを排泄することから「増幅動物」と呼ばれる。また緬山羊は、経気道経路において牛と同程度の少量のウイルスにより感染が成立するが、牛や豚と比較して、一般に症状が弱い。しかしながら、牛と同程度のウイルス量を、明らかな症状を示すことなく排泄し、他地域へウイルスを運ぶ役割を持つことから「運搬動物」と呼ばれる。以上のように、本病の伝播に関して、各動物種が各々異なる役割を担っており、対策が複雑化することも、本病の強い伝染力に寄与していると考えられる。

一方、FMDVに感染した牛や緬山羊の半数が、ウイルスを咽頭部に保持し続ける持続感染動物、いわゆるキャリア動物になるとされている<sup>19)</sup>。ウイルスに感染後、28日以上感染性ウイルスを保持した場合にキャリア動物と定義される。キャリア動物がウイルスを保持する期間は、アフリカ水牛で5年、牛で2～3年、及び緬山羊で数カ月とされる<sup>18)</sup>。なお、豚はキャリア動物にならないことが一般に知られている。一般にキャリア動物が咽頭部に保持するウイルス力価は $10^1 \sim 10^2$  TCID<sub>50</sub>/mL程度と少量であるが<sup>3)</sup>、感染性ウイルスを長期間保持し続けるため、かつては防疫上のリスクと考えられていた。しかし、キャリア動物から同居動物への水平伝播は一部の例外を除き、実験的に再現されていない<sup>21)</sup>。そのため、キャリア動物からの感染リスクは急性期の感染動物と比較して極めて低く、キャリア動物に対する適切な検査や管理により、貿易再開の可能性について、科学的に評価可能であるとの見方もある。

#### ④抗原多様性と免疫回避

FMDVには7種類の血清型(O、A、C、Asia1、SAT1、SAT2、及びSAT3)が存在し、ある血清型に対するワクチンは、その他の血清型に対して有効性を示さない。また、同一血清型内にもトポタイプという分類基準が存在し、ウイルスゲノムのVP1領域の塩基配列の一致率(80～85%の一致率で同一トポタイプと分類)に基づいて分類されている<sup>9)</sup>。また、トポタイプはさらに系統(～90%の一致率)及び亜系統(90%～の一致率)に分類されている。さらに、

FMDVはRNAウイルスであるため、ゲノムの塩基置換率が高く、約 $10^{-2}$ 塩基/年の置換率とされており<sup>12,15)</sup>、計算上ウイルスゲノム約8,400塩基のうちの84塩基が一年間で置換する。このような抗原的・遺伝的多様性やウイルスゲノムの変異による感染免疫やワクチン免疫からの免疫回避も、本病の強い伝染力に寄与していると考えられる。

#### 4. 地域的特性と世界的な動向

世界には7つの本病の常在地域が存在し、各地域には抗原的及び遺伝的性状の類似したウイルスが流行していることから「地域的ウイルスプール(プール)」と呼ばれている(図1)<sup>22)</sup>。各プールにおいて類似したウイルスが存在している原因は、家畜の移動や貿易、さらには野生動物の生息域が影響していると考えられている。わが国近隣の東南・東アジア地域はプール1、インドを中心とする南アジア地域はプール2、中東・中央アジア地域はプール3、北・東アフリカ地域はプール4、西・中央アフリカ地域はプール5、南アフリカ地域はプール6、ベネズエラやコロンビアといった南米地域の一部がプール7を形成している。従来は自国が属するプールで流行しているウイルス株に注目し、それに有効なワクチンを接種あるいは備蓄するなどの対応が中心であったが、近年のヒトや物の短時間かつ長距離の移動が可能になったことと呼応するように、プールを飛び越えた広域伝播が確認されるようになった。最近では、36年ぶりに本病の再興が起こったインドネシアの原因ウイルスは、属するプール1ではなく、プール2由来と考えられている<sup>20)</sup>。また、2022年にはプール4に属するエジプトにおいて、別々に確認された血清型O及びAのウイルスが、プール7に由来すると言われている<sup>7,16)</sup>。

一方、プール2は、東西に位置するプール1やプール3へのウイルスの供給源となっており、本地域で流行しているウイルスの性状は注視する必要がある。2000年及び2010年のわが国における本病発生の原因ウイルスもプール2由来であるとともに、現在プール1で最も流行している血清型O/ME-SAトポタイプ/Ind-2001系統のウイルスも2000年代初頭にプール2に出現し、その後10年以上の期間をかけて東西地域に拡散したと考えられている<sup>4,8,10)</sup>。

前述の通り、FMDVは異なる血清型間における免疫交差性がなく、また同一血清型内でも抗原性が多様であるため、自国で流行しているあるいは侵入の恐れ

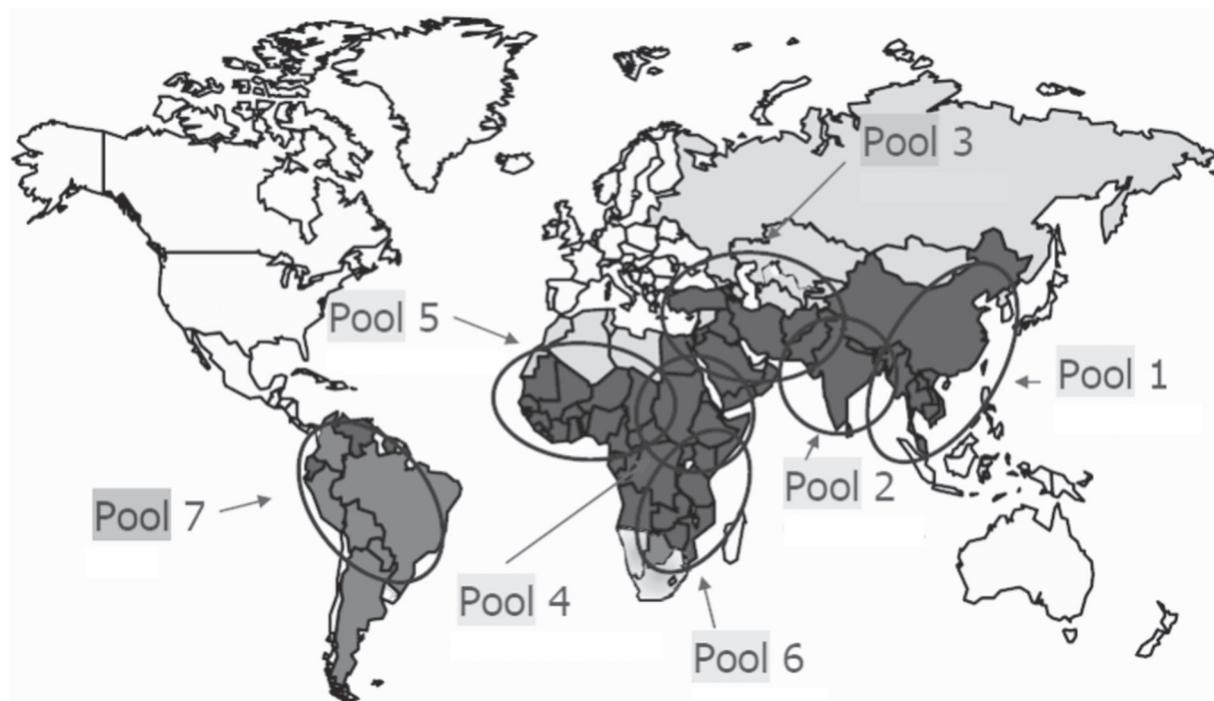


図1 世界における FMDV の地域的ウイルスプール (文献 22 より改変・転載)

のあるウイルスの抗原性状を把握することが極めて重要である。すなわち、流行国で日常的に用いられるワクチン株や万一の侵入に備えて備蓄されるワクチン株は、流行あるいは侵入する可能性のあるウイルス株に有効である必要がある。そこで、国際獣疫事務局の口蹄疫に関するレファレンスラボラトリー 12 機関などが情報を集約し、四半期報という形で、世界における本病の発生状況や原因ウイルスの抗原的及び遺伝的性状、及びそれらに対する現行ワクチンの有効性検証の成績などを報告している<sup>23)</sup>。わが国で備蓄されているワクチン株も、この情報に基づいて、動物衛生課、動物検疫所ならびに動物医薬品検査所、及び動物衛生研究部門の専門家が議論を行い、決定されている。

## 5. 臨床症状と経過

臨床的には、発熱、流涎、及び跛行が初期症状として現れ、続いて、口腔、鼻腔、蹄部、及び乳頭などに水疱が出現する。その後、これらの水疱は破裂して潰瘍となり、疼痛により摂食障害や運動障害を引き起こす。また、若齢動物においては心筋炎による高い致死率も報告されている<sup>6,14)</sup>。

2010年のわが国における本病発生時に確認された臨床症状及び病変部位は、表1及び表2の通りである<sup>11)</sup>。発熱は牛と豚に共通する臨床症状であるが、それに加

えて、牛においては口腔及び舌、豚においては蹄部における臨床症状が中心であり、疑い例では全身くまなく観察することが必須だが、前述の部位を特に注視することが望ましい。また、前述の通り、本病の最大の特徴が強い伝染力であることを考えると、疑い例においては、複数個体に共通して症状が出現する可能性が高いことも頭に留めておく必要がある。

## 6. おわりに

2010年のわが国における口蹄疫発生時に、一例目を発見された青木淳一先生にお話を伺う機会を昨年3月に得た。青木先生が発見された症状は、前述のものとは大きく異なり、弱い流涎と小さな病変、及び軽微な発熱のみであったという。この事実は、前述のような知識の蓄積に加えて、早期発見における日常的な観察眼と経験の重要性を物語っている。

口蹄疫はその強い伝染力と多様な伝播様式により、畜産業にとって最も警戒すべき感染症の一つである。世界各地での発生が続く現状を踏まえ、わが国においても継続的な警戒が不可欠である。

青木先生や初期の症例を発見された仲間の先生は、共通して「何かがおかしい」という感覚を持ったと伺っている。本病を正しく理解し、かつ「いつもと違う」という直感を大切にすること、そして迅速な対応体制

表1 2010年の口蹄疫発症動物における臨床症状（文献11より転載）

症状	牛(%)	豚(%)
発熱	88	80
泡沫性流涎	94	—
起立不能・跛行	—	52
死亡	—	7

表2 2010年の口蹄疫発症動物における病変部位（文献11より転載）

病変部位	牛(%)	豚(%)
鼻(鼻腔)	72	94
口(口腔)	91	44
舌	88	<1
蹄	1	93
乳頭・乳房	9	31

を維持することが、万一の際の感染拡大防止の鍵となる。関係者一人ひとりの知識と意識の向上が、日本の畜産を守る最も確実な防波堤となることを強調し、本稿の締めくくりとしたい。

#### 利益相反状態の有無

著者は開示すべき利益相反はない。

#### 引用文献

- Alexandersen S, et al. (2003) The pathogenesis and diagnosis of foot-and-mouth disease. *J Comp Pathol*, 129: 1-36.
- Alexandersen S, et al. (2005) Foot-and-mouth disease: host range and pathogenesis. *Curr Top Microbiol Immunol*, 288: 9-42.
- Arzt J, et al. (2018) Transmission of foot-and-mouth disease from persistently infected carrier cattle to naive cattle via transfer of oropharyngeal fluid. *mSphere*, 3: e00365-18.
- Bachanek-Bankowska K, et al. (2018) Reconstructing the evolutionary history of pandemic foot-and-mouth disease viruses: the impact of recombination within the emerging O/ME-SA/Ind-2001 lineage. *Sci Rep*, 8: 14693.
- Brown E, et al. (2022) Airborne transmission of foot-and-mouth disease virus: A review of past and present perspectives. *Viruses*, 14: 1009.
- Deka P, et al. (2024) Foot-and-mouth disease-associated myocarditis is age dependent in suckling calves. *Sci Rep*, 14: 10289.
- Hagag NM, et al. (2023) Molecular detection and phylogenetic analysis of newly emerging foot-and-mouth disease virus type A, Lineage EURO-SA in Egypt in 2022. *Virus Res*, 323: 198960.
- Hemadri D, et al. (2002) Emergence of a new strain of type O foot-and-mouth disease virus: its phylogenetic and evolutionary relationship with the PanAsia pandemic strain. *Virus Genes*, 25: 23-34.
- Knowles NJ, et al. (2003) Molecular epidemiology of foot-and-mouth disease virus. *Virus Res*, 91: 65-80.
- Knowles NJ, et al. (2016) Outbreaks of foot-and-mouth disease in Libya and Saudi Arabia during 2013 due to an exotic O/ME-SA/Ind-2001 lineage virus. *Transbound Emerg Dis*, 63: e431-5.
- 宮崎県農政水産部畜産課 (2011) 2010年に宮崎県で発生した口蹄疫の症状、宮崎県農政水産部畜産課.
- Nishi T, et al. (2017) Genome variability of foot-and-mouth disease virus during the short period of the 2010 epidemic in Japan. *Vet Microbiol*, 199: 62-67.
- Onodera T, et al. (2023) Antiviral agents and disinfectants for foot-and-mouth disease (Review). *Biomed Rep*, 19: 57.
- Ryan E, et al. (2008) Foot-and-mouth disease

- virus infection in young lambs: pathogenesis and tissue tropism. *Vet Microbiol*, 127: 258-274.
- 15) Sobrino F, et al. (1986) Fixation of mutations in the viral genome during an outbreak of foot-and-mouth disease: heterogeneity and rate variations. *Gene*, 50: 149-159.
  - 16) Soltan MA, et al. (2022) Emergence of foot and mouth disease virus, serotype O, Europe-South America topotype in Egypt, 2022. *Transbound Emerg Dis*, 69: 2409-2411.
  - 17) Stenfeldt C, et al. (2016) The pathogenesis of foot-and-mouth disease in pigs. *Front Vet Sci*, 3: 41.
  - 18) Stenfeldt C, et al. (2020) The carrier conundrum: A review of recent advances and persistent gaps regarding the carrier state of foot-and-mouth disease virus. *Pathogens*, 9: 167.
  - 19) Stenfeldt C, et al. (2025) Differential mosaicism of recombinant foot-and-mouth disease viruses resulting from heterologous superinfection of cattle. *J Virol*, 99: e0221324.
  - 20) Susila EB, et al. (2023) Detection and identification of foot-and-mouth disease O/ME-SA/Ind-2001 virus lineage, Indonesia, 2022. *J Appl Anim Res*, 51: 487-494.
  - 21) Tensin, et al. (2008) Rate of foot-and-mouth disease virus transmission by carriers quantified from experimental data. *Risk Anal*, 28: 303-309.
  - 22) The Pirbright Institute (2008) Annual OIE/FAO FMD Reference Laboratory Network Report. [https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick\\_media/OIE-FAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Network%20Report%202008.pdf](https://www.wrlfmd.org/sites/world/files/quick_media/OIE-FAO%20FMD%20Ref%20Lab%20Network%20Report%202008.pdf) (2025年7月9日閲覧)
  - 23) The Pirbright Institute, Quarterly reports from the WRLFMD. <https://www.wrlfmd.org/reference-laboratory-reports> (2025年7月9日閲覧)
  - 24) Weaver GV, et al. (2013) Foot and mouth disease: a look from the wild side. *J Wildl Dis*, 49: 759-785.