

総説

家畜の急性伝染病と慢性疾病対策 — 鳥取県でのPED及びBVDの発生事例を題材として —

増田恒幸

鳥取県農業振興戦略監畜産課
〒680-8570 鳥取県鳥取市東町1-220
TEL: 0857-26-7287 FAX: 0857-26-7292
Email: masudat@pref.tottori.lg.jp

【要約】

高病原性鳥インフルエンザ (HPAI) や口蹄疫 (FMD) のような家畜の伝染性疾患は一度発生すれば、畜産業に甚大な被害を引き起こす急性伝染病である。急性伝染病は感染から発症までの期間が短く、顕著な臨床症状を呈することが多いため、伝染病として認識されやすい。HPAI や FMD は過去に国内発生はあるが、殺処分等を始めとする発生時の徹底的な防疫対応と飼養衛生管理の徹底により、現在は清浄化が保たれている。近年では豚流行性下痢 (PED) が7年ぶりに国内で発生して大きな被害を引き起こした。一方、急性伝染病のような顕著な症状を示さないものの、家畜の生産性を阻害する慢性疾患が近年問題視されている。慢性疾患は病気の特性上、コントロールが非常に困難である。代表的な疾患としては牛白血病や牛ウイルス性下痢ウイルス感染症 (BVD) が挙げられる。これらは全国的に被害が顕在化してきているが、その清浄化対策には長い時間と労力を要するため対応に苦慮しているところである。本稿では、鳥取県での疾患対策事例を参考に、家畜の急性伝染病として PED を、家畜の慢性疾患として BVD を紹介する。

キーワード: 豚流行性下痢、急性伝染病、慢性疾患、牛ウイルス性下痢ウイルス感染症

【はじめに】

家畜伝染性疾患のうち、特に畜産業に甚大な被害を与える急性伝染病として、口蹄疫 (FMD)、高病原性鳥インフルエンザ (HPAI)、豚流行性下痢 (PED) などが知られており、国内でも発生が認められている。FMD については2010年の宮崎県での発生以降、国内発生はないが、HPAI は2010年から2018年にかけて42件の発生があり、2018年1月の香川県での発生が記憶に新しい。FMD 及び HPAI は現在も近隣諸国において発生が確認されているものの、国内発生時の徹底的な防疫対応や飼養衛

生管理基準の徹底により、清浄化が保たれているところである。PED は2013年の発生以降、全国的に大流行し、国内の養豚産業に大打撃を与えた。全国的な流行は終息しているが、現在でも発生が散見されている。

一方、急性伝染病のように重篤な症状を示さないものの、家畜の生産性を阻害する慢性疾患は、一般的にコントロールが困難であり、畜産経営に大きな影響を与えることから、近年、問題となっている。代表的な疾患としては、地方病性牛白血病、牛ウイルス性下痢ウイルス感染症 (BVD) などが挙げられる。これらの疾患は臨床症状に乏しく、その経済的被害についても把握が困難であるため、感染症として生産者が意識しづらく、気が付いた時には農場内に広

受理: 2018年9月9日

くまん延してしまっている場合が多い。さらに問題となるのは、その疾病の性質上、清浄化が非常に困難であることである。このため、一度、農場内にまん延してしまうと、長期間にわたり農場の生産性を阻害し続ける。

急性伝染病であれ慢性疾病であれ、家畜伝染性疾病の防疫対応や清浄化対策には正確な疾病診断が必要となるのは言うまでもない。しかし、急性伝染病を引き起こす病原体であっても、株によっては慢性疾病のような病態を示すものが報告されているため、診断には注意が必要である。

本稿では、家畜の急性伝染病の症例として、鳥取県での発生した PED の発生状況及び防疫対応について紹介し、異なる PED ウイルス (PEDV) 株が病原性に与える影響についての考察を述べる。また慢性疾病として、近年注目されている BVD について、本県における発生状況や清浄化に向けた取組みなどを紹介したい。

【PED】

PED は PEDV を原因とする嘔吐や水様性下痢、それに伴う脱水を主徴とする豚の急性ウイルス感染症で [20]、2013 年 10 月に 7 年ぶりに国内発生が認められ、その後、全国各地に広がった。結果的に 2017 年 8 月 31 日までに 39 都道府県 1232 農場で発生し、約 47 万頭の豚が死亡する未曾有の大流行となり、現在も発生が散発している (農林水産省ホームページ: <http://www.maff.go.jp/j/syouan/douei/ped/ped.html>)。PED は日本だけでなく、2013 年から 2014 年にかけて、中国、韓国等のアジア諸国、米国、カナダ等の北米でも感染が拡大し、大きな被害を引き起こした [4, 29]。PEDV はコロナウイルス科アルファコロナウイルス属に分類される 1 本鎖 (+) RNA ウイルスで、全遺伝子は約 28,000 塩基から構成される [24]。7 つのオープンリーディングフレーム (ORF) は、ORF1a、ORF1b、スパイク (S)、ORF3、エンペロープ、メンブレンおよびヌクレオカプシド蛋白をコードしている [3, 14]。現在、PEDV はその全遺伝子解析により、大きく 2 つのクレードの北米流行株に分類されている。また近年、S 遺伝子の N 末端側に特徴的な欠損と挿

入を認め、哺乳豚での致死率が低い INDEL と呼ばれる株が報告されており [29, 30]、日本国内においても北米流行株 (高病原性型) と INDEL タイプの株が確認されている [25]。さらに S 遺伝子の N 末端側に大きな欠損を有する培養細胞由来株の報告もある [19]。このように、国内外において様々な PEDV 株が検出されており、PEDV の遺伝的多様性が示唆されている。

鳥取県では 2014 年 3 月に繁殖母豚約 100 頭、肉豚約 4700 頭を飼養する一貫経営農場 (A 農場) において、初めて PED が発生し、分娩舎において多くの哺乳豚が水様性下痢を呈し、最終的に 180 頭の哺乳豚が死亡または淘汰された。また同年 10 月に鳥取県内の繁殖母豚約 550 頭を飼養する子豚生産農場 (B 農場) で、哺乳豚が下痢と嘔吐を発症した。B 農場は A 農場の関連農場であり、毎週、離乳子豚を A 農場へ出荷していた。発症哺乳豚は抗生剤治療には反応せず、元気消失、消瘦を示すものの、下痢による哺乳豚の死亡は認められなかった。また分娩室内に嘔吐、食欲不振、元気消失を示す母豚が散見された。A および B 農場は農場立ち入り時のシャワーイン・シャワーアウトなど、衛生管理が徹底されており、過去半年間は従業員の海外渡航歴もなかった。また PED ワクチンの使用歴はなかった。A 農場立入時に下痢を呈している哺乳豚を用いて、病性鑑定を実施した。病理解剖に供した子豚全頭で消化管のひ薄化が認められ、発生状況から PED が強く疑われる症例であった。農場立入の翌日には遺伝子検査及び免疫組織化学的検査により PED と確定診断した。PEDV の農場外への蔓延防止のため、農場内の消毒の徹底、消毒ゲートを新設し退場時の車両の消毒の徹底、肉豚の出荷自粛および制限、豚舎毎のスタッフの固定化、発生豚舎で飼養されている豚の移動制限を徹底した。堆肥については堆肥中から PEDV が検出されなくなるまで処理場への搬出を制限した。また分娩豚舎で飼養されている哺乳豚の殺処分、直近に分娩予定の 4 頭の妊娠豚の人工流産を早急に実施した。分娩舎内に哺乳豚が存在していると PEDV が順次感染し、大量のウイルスを排泄し、分娩直後の哺乳豚に感染し、分娩が常時起こる農場では感染の連鎖を断ち切

る事ができない。このためウイルスの増殖源となる哺乳豚を淘汰し、母豚群が免疫を獲得するまでの間、時間的空白を作ることが PEDV の早期終息には重要である。農場にとっては苦渋の決断であったが、発症した哺乳豚は回復の見込みがなく、「PEDV を絶対に農場外へ拡散させない」という、農場の強い決意と管轄家畜保健衛生所との信頼関係があったからこそ、殺処分や人工流産などの対策を実施すること可能であった。これらの早急な防疫対応が功を奏し、PED は早急に沈静化し発生から 3 週間後に終息した。肥育豚の出荷制限については、PEDV 遺伝子陰性を確認した後、出荷を再開し、出荷先のと畜場で他農場との交差を防止するために週末出荷などの対応を約 1 ヶ月間実施した。その後は、出荷用トラックを農場内へ入れないよう農場と外部との境界線上で出荷豚の受け渡しを実施しており、現在も継続中である。当時は全国的に PED が大流行していた時期であったが、発生農場を始めとする関係機関で前述の対策を実施した結果、初発生以降、7 ヶ月間は鳥取県内で PED の続発は確認されなかった。

その後、全国的にも発生が落ち着いており、県内における PED の続発の可能性は低いと考えられていたが、B 農場で 2 症例目が発生した。哺乳豚で衰弱は確認されず、病理解剖に供した個体で消化管のひ薄化は A 農場での症例ほど顕著ではなかった。発生状況および臨床症状から PED を疑うことは困難であった。病性鑑定の結果、下痢を発症していた哺乳豚から PEDV が検出されたため、県内で 2 例目の PED の発生となった。確定診断を受けて、A 農場での防疫対応と同様に、B 農場においても農場内外の消毒、入退場時の車両消毒を徹底した。特に分娩室では、オールイン・オールアウトを実施し、オールアウト後の消毒を徹底、また発生後、直ちに飼養している母豚への PED ワクチン接種を開始した。A 農場に比べて臨床症状が軽度で死亡する哺乳豚がいなかったため、発症した個体も回復する見込みがあると判断し、発症豚の腹腔内への生理食塩水を投与する補液治療を実施した。A 農場のように哺乳豚の殺処分や妊娠豚の人工流産を実施しなかったため、しばらくの間は新生哺乳豚への感染が断ち切れず、哺乳豚での下痢は継続したが、重篤な脱水

症状を示す個体は認められなかった。発生から 2 ヶ月後には個体および豚舎環境中からの PEDV は検出されなくなり、2014 年内中での終息に至った。

A、B 農場とも同じ PED と確定診断され、関連農場での発生であったにも関わらず、両農場の発生状況には明確な違いが認められた。A 農場では哺乳豚に重篤な臨床症状を示す典型的な PED であったが、B 農場では非典型的な PED 症例、すなわち哺乳豚の死亡率が極端に低い発生例であった。両農場はどちらも PED ワクチン未接種農場であり、飼養管理においても特別な違いは認められていなかった。このため、2 つの症例での発生状況の違いを究明するため、病原体側の要因が考えられたため、両農場で検出された PEDV の分子疫学的性状について調査した。結果、A 農場からは北米流行株（高病原性型）と近縁な PEDV が検出された [25]。しかし、続発の B 農場から分離された PEDV は S 遺伝子の N 末端側に 582 塩基という大きな欠損を認め（図 1）、遺伝的に INDEL タイプの株と別グループに分類されることが明らかになった [16]。野外症例におけるこのような PEDV の S 遺伝子変異欠損株は世界初の報告であった。PEDV と同属に分類される伝染性胃腸炎ウイルス（TGEV）は、細胞継代を繰り返すと徐々にその病原性を失い、組織親和性も消化管から呼吸器へシフトすることが知られている [7, 9]。そして TGEV の変異株である呼吸器コロナウイルス（PRCoV）は S 遺伝子領域に大きな欠損を有し、病原性の減弱と呼吸器組織への親和性に関連することが確認されている [31]。B 農場由来の PEDV における S 遺伝子の欠損部位と大きさは PRCoV と TGEV における関係性と非常に類似していた。PEDV では S 遺伝子の変異欠損が病原性に影響を与えるという報告は確認されていないが、S 遺伝子における N 末端側の大きな欠損が、従来の PEDV に比べて病原性を減弱させている可能性が疑われた。現在、哺乳豚における感染実験において、北米流行株と比較して B 農場由来株の病原性が低いことが示唆されている [26]。

A 農場での発生後 7 ヶ月間の間に、B 農場への PEDV の侵入は中和抗体検査等の結果によ

- **Small-intestine in Farm B were prepared as 10 % suspensions in PBS following and filtration.**
- **Viral RNA was extracted from the 10 % suspensions**
- **Amplification by RT-PCR with a set of primers (S1-20320-F, S1-21816R) for the PEDV.**
- **The PCR product of the S1 is approximately 600 nucleotides (nt) shorter than the expected size (1,500 nt).**

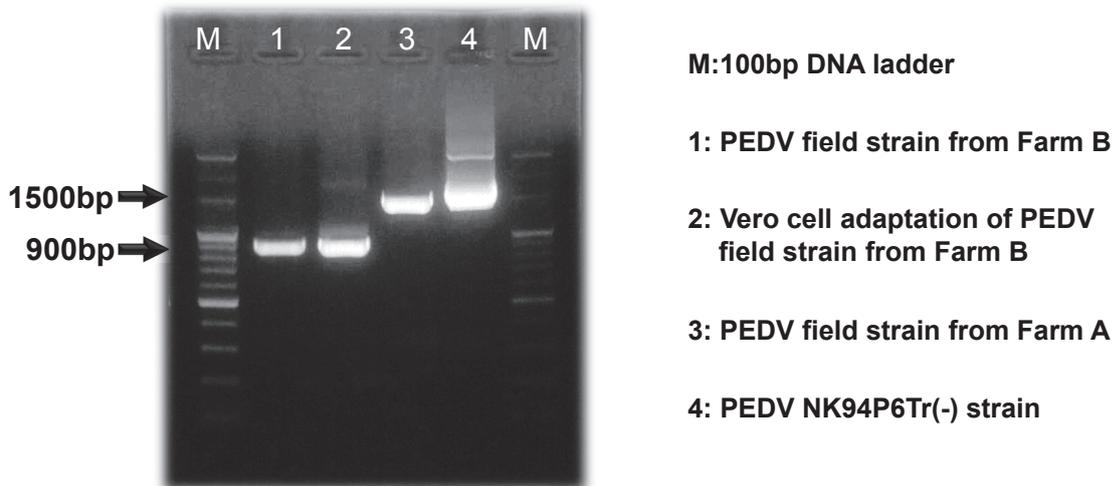


図1 B農場から分離されたPEDVのS1遺伝子における約600塩基の欠損

り否定的である。またA農場では発生後数ヶ月間、環境中からPEDV遺伝子が検出され続けたが、このようなS遺伝子に欠損を伴うPEDVは確認されていない。これらの理由からA農場からB農場へPEDVが伝播した可能性は低いと考えられる。B農場由来PEDV株は、欠損部位以外は北米流行株と高い相同性があったため、海外からの侵入も考えられたが、B農場のスタッフには直近の海外渡航歴もなく、日本を含めた全世界でこのような野外欠損株の報告はされておらず、現在のところ侵入経路は不明のままである。

全国的にPEDが猛威を振るっていた時期に、鳥取県では2例の発生があった。しかし、その発生にはタイムラグがあり、周辺農場に伝播することなく、いずれも単一症例として終息した。これは迅速な疾病診断に基づく適切な防疫対応が実施された結果と考えられる。分子疫学解析の結果、B農場から分離されたPEDV株はA農場の株と異なりS遺伝子に大きな欠損を有する事が明らかになった。そして哺乳豚の死亡率が低いこと、その後の感染実験により、国内

外で流行した北米流行株のPEDVより病原性が低下している可能性が示唆された。過去の報告および本症例で得られた知見を鑑みると、PEDVは遺伝的に多様であると考えられ、同じPEDVであっても、照会した2つの症例のように発生状況が異なり、同じ病原体に由来する疾病であっても急性感染症と慢性疾病のような病態を呈するものもある。このためPEDの診断には注意が必要であり、病性鑑定による確定診断の重要性が再認識された。PEDVについては我が国への進入経路や国内での蔓延経路など、未だ解明されていないことが多い。本疾病は養豚経営に大打撃を与える伝染病であり、国内における清浄化が望まれている。今回分離されたB農場由来株については病原性試験や欠損部位の機能解析など更なる検証が必要ではあるものの、病原性は低いと推察されることから、PEDの病態解明への一助になることが期待される。

【BVD】

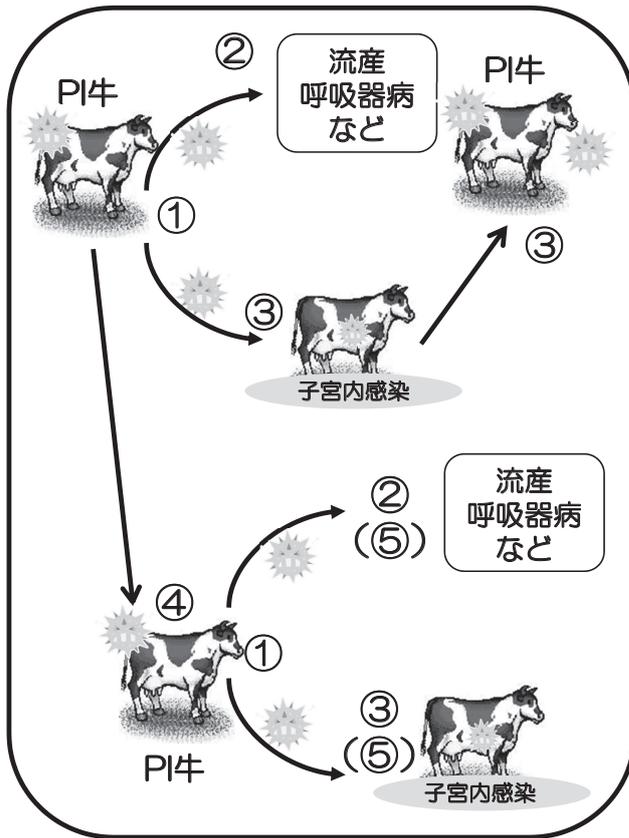
BVDウイルス（BVDV）は豚コレラウイル

スやボーダー病ウイルスが含まれるフラビウイルス科ペスチウイルス属のウイルスで、遺伝子型の違いから大きく BVDV-1 と BVDV-2 に分類される。さらに BVDV-1 はその塩基配列に基づいて少なくとも 21 の亜型に分類されている [13]。近年ではアジア、南米、欧州などで BVDV-3 と考えられる非定型 BVDV の報告があり [2, 5, 6, 12, 21]、牛における臨床症状との関連が示唆されているが詳細は明らかにされていない。BVDV 感染症の病態は腸炎や呼吸器病、繁殖障害及び感染による免疫低下による他の感染症に対する罹患率の上昇など多岐にわたるため [10, 22, 27]、近年、家畜慢性疾病として注目されている。牛群内の BVDV の流行で最も問題となるのが持続感染 (PI) 牛の存在であり、BVDV ワクチンを使用していない預託育成牧場などに PI 牛が侵入すると、免疫を持たない妊娠牛に BVDV が感染し、胎子が免疫寛容となり、結果として多くの PI 牛が産出される。PI 牛は発育不良や下痢、肺炎などに罹患しやすいなどの特徴があるが、典型的な臨床症状を示さないことも多く、知らず知らずのうちに牛群に潜み、牛群への感染源となっている [11, 27]。著者の経験上、感覚的に牛群の調子が悪くなった場合に、結果として PI 牛が牛群に侵入していたケースが多い。このため BVDV 感染症の蔓延防止には PI 牛の早期摘発淘汰が最も重要である。

鳥取県では 2012 年に BVDV-2 の PI 牛が初めて摘発され、疫学調査の結果、その母牛は県内の多くの酪農家が利用する公共育成牧場において BVDV-2 に感染したと推察された。その後、この育成牧場を利用した農場において多くの BVDV-2 の PI 牛が摘発された。育成牧場への預託牛は入牧前に呼吸器病対策として BVDV-1 を含む生ワクチンの接種が義務付けられていたが、BVDV-2 を含むワクチンは未接種であった。育成牧場内の多くの妊娠牛は BVDV-2 に対する免疫が十分に賦与されておらず、牧場内の同居 PI 牛により BVDV-2 に感染し、育成牧場を介して、PI 牛の入牧、育成牧場汚染、新たな PI 牛産出、その PI 牛の入牧という負の連鎖が起こり、PI 牛の大量発生に繋がったと考えられた (図 2)。このため、2013 年 1 月に牧場預託牛の全頭検査を実施し、育成牧場で長期間飼

養されていた PI 牛 1 頭を感染源として摘発した。併せて、その PI 牛と同居歴のある預託牛の産子の検査を実施したところ、2015 年 12 月までに BVDV-2 の PI 牛を 22 頭摘発した。2013 年 3 月以降、現在は育成牧場の入牧予定牛に対して入牧前に BVDV-1 及び 2 を含む生ワクチンの接種と BVDV の遺伝子検査を義務付けており、その清浄性を維持している [17]。なおワクチン接種について、2014 年までは不活化ワクチン 2 回接種、2015 年以降は生ワクチン 1 回接種を実施している。また県内農場での監視対策として 2013 年から酪農家での年 2 回のバルク乳検査、県外導入牛の導入後の検査、県外預託牛の預託前検査を実施している。さらに 2013 年からは PI 牛の摘発淘汰を円滑に実施するための淘汰補助事業を整備するなど、県内の清浄化対策に取り組んでいる [17, 18]。対策は現在も継続しているが、PI 牛の摘発は散発しており、いまだ県内の清浄化を達成できていない。

2016 年 1 月と 4 月に 2 頭の BVDV-1 の PI 牛が県外預託前の検査で摘発された。2 頭の母牛は同時期に県外の育成牧場 (C 牧場) に預託されていた。その C 牧場では全国から育成牛が預託され、預託された育成牛は人工授精され、受胎が確認された後、分娩の約 2 カ月前まで飼養されていた。過去の検査で母牛が PI 牛であることは否定されていたため、C 牧場での感染が疑われた。この結果を受けて、同時期に C 牧場に預託されていた牛の産子 (約 150 頭) の検査を実施し、2016 年 5 月から 10 月にかけて 4 頭の BVDV-1 の PI 牛を摘発した。6 頭の母牛は全て、ほぼ同時期に C 牧場に預託されており、PI 牛を初回分娩で産出していた。預託前に BVDV ワクチンを全頭接種しており、いずれも BVDV-1 及び 2 含有不活化ワクチンであった。これらの PI 牛由来の分離ウイルスの E2 遺伝子領域における分子系統樹解析の結果、5 株は全て BVDV-1c 亜型に分類された。また株間の E2 領域 1122bp の相同性解析を実施した結果、塩基配列で 99.6% から 99.9% であり、高い相同性を示していた。このため、今回分離された BVDV-1c は同一ウイルス由来であり、未検査であった 1 頭の BVDV-1 も、疫学的背景から同じグループに含まれると推察された。



- ① PI牛が周囲にBVDV排泄
- ② 免疫を持たない牛群に感染
⇒ 呼吸器病、流産など発生
(急性感染)
- ③ 胎齢120日以内の
妊娠牛に感染
⇒ 産子はPI牛として産出
- ④ PI牛の産子はPI牛
- ⑤ 人知れずPI牛の増加、
牛群汚染という負の連鎖

図2 育成牧場におけるBVDVの浸潤様式

近年、国内ではBVDV-1b及び2aが中心に分離されており [1]、鳥取県においても同様な傾向であった。一方、BVDV-1cはこれまでに鳥取県内で確認されたことがなく、育成牛の県外預託により新たなBVDVが県内へ侵入したと考えられた。本事例では6頭のPI牛の母牛は全てBVDV-1及び2含有不活化ワクチンを接種していたが、結果として胎子がPI牛として産出してしまった。このことは、ワクチン接種はBVDVの子宮内感染のリスクを完全には予防できないという過去の報告と一致するが、感染リスクを低減させることが可能であるため [8, 23]、全国から多くの牛が集まる育成牧場を利用する際は、預託前のBVDV検査と合わせて、ワクチン接種などの予防対策は必要だと考える。

【終わりに】

本稿では家畜の急性伝染病としてPEDについての典型症例及びPEDVの欠損変異株による非典型的な症例の発生状況と防疫対応を紹介した。この事例以外にも、同種のウイルスにも

関わらず、株の違いにより非典型的な臨床症状を引き起こした症例が報告されており [15]、疾病原因ウイルスの分子生物学的性状が注目されている。さらに家畜の下痢症において、原因が同じ株であっても宿主要因により多様な病態を示すことが知られており、近年ではPEDやTGEと類似する症状を示す豚デルタコロナウイルス感染症のような新しい疾病が出現している。このため下痢症関連ウイルスのまん延防止対策には、正確かつ迅速な病性鑑定が必要不可欠である。

また家畜の慢性疾病としてBVDとその清浄化へ向けた地域レベルでの取組みを紹介した。鳥取県では長期間にわたり、その清浄化へ取り組んでおり、多数のPI牛を摘発淘汰することで、一定の成果は上げられているものの、未だ清浄化には至っていない。要因としては、複雑化する牛の移動、被害実態の把握が困難であること、それに伴うBVDに対する意識の希薄さや、地域間における対策状況の違いが挙げられる。海外では欧州を中心に国内飼養牛の全頭検査や新生子牛の検査により、ほぼ清浄化を達成

した国もある。現在、日本では国による家畜生産農場清浄化支援対策事業により、PI牛淘汰補助を始めとするBVD対策が開始されており、蔓延防止対策がスムーズに実施できる体制が整いつつある。スイスでは2008年よりBVDV清浄化対策を開始しており、ThomannらはBVDV浸潤農場における年間の経済損失と清浄化対策経費を比較することにより、その費用対効果が高いことを報告している [28]。今後は国内においても清浄化対策による生産性向上効果についてデータで示す等の見える化を行い、農場を始めとする関係者のBVDについての意識を啓発し、地域的な対策から全国的な対策へと繋げていくことが重要と考える。

引用文献

- [1] Abe, Y., Tamura, T., Torii, S., Wakamori, S., Nagai, M., Mitsuhashi, K., Mine, J., Fujimoto, Y., Nagashima, N., Yoshino, F., Sugita, Y., Nomura, T., Okamatsu, M., Kida, H. and Sakoda, Y. 2016. Genetic and antigenic characterization of bovine viral diarrhoea viruses isolated from cattle in Hokkaido, Japan. *J. Vet. Med. Sci.* 78: 61-70.
- [2] Bauermann, F.V., Harmon, A., Flores, E.F., Falkenberg, S.M., Reecy J.M. and Ridpath, J.F. 2013. In vitro neutralization of HoBi-like viruses by antibodies in serum of cattle immunized with inactivated or modified live vaccines of bovine viral diarrhoea viruses 1 and 2. *Vet Microbiol.* 166: 242-245.
- [3] Chen, J., Liu, X., Shi, D., Shi, H., Zhang, X., Li, C., Chi, Y. and Feng, L. 2013. Detection and molecular diversity of spike gene of porcine epidemic diarrhoea virus in China. *Viruses.* 5: 2601-2613.
- [4] Cima, J. 2013. Viral disease affects U.S. pigs: porcine epidemic diarrhoea found in at least 11 states. *J Am Vet Med Assoc.* 243: 30-31.
- [5] Cortez, A., Heinemann, M. B., De Castro, M. G., Soares, R. M., Pinto, A. M., Alfieri, A. A., Flore, S. E. F., Cerqueira, L. R. and Richtzenhain, L. J. 2006. Genetic characterization of Brazilian bovine viral diarrhoea virus isolates by partial nucleotide sequencing of the 5-UTR region. *Pesquisa Vet. Brasil.* 26: 211-216.
- [6] Decaro, N., Lucente, M. S., Mari, V., Sciarretta, R., Pinto, P., Buonavoglia, D., Martella, V. and Buonavoglia, C. 2012. Hobi-like pestivirus in aborted bovine fetuses. *J Clin Microbiol.* 50: 509-12.
- [7] Furuuchi, S., Shimizu, M., and Shimizu, Y. 1978. Field trials on transmissible gastroenteritis live virus vaccine in newborn piglets. *Natl. Inst. Anim. Health. Q.* 18: 135-142.
- [8] Grooms, D.L., Bolin, S.R., Coe, P.H., Borges, R. and Coutu, C.E. 2007. Fetal protection against continuous exposure to bovine viral diarrhoea virus following administration of a vaccine containing an inactivated BVDV fraction. *Am J Vet Res.* 68: 1417-1422.
- [9] Harada, K., Furuuchi, S., Kumagai, T. and Sasahara, J. 1969. Pathogenicity, immunogenicity and distribution of transmissible gastroenteritis virus in pigs. *Natl. Inst. Anim. Health. Q.* 9: 185-192.
- [10] Houe, H. 1999. Epidemiological features and economical importance of bovine virus diarrhoea virus (BVDV) infections. *Vet Microbiol.* 64: 89-107.
- [11] Kozasa, T., Tajima, T., Yasutomi, I., Sano, K., Ohashi, K. and Onuma, M. 2005. Relationship of bovine viral diarrhoea virus persistent infection to incidence of diseases on dairy farms based on bulk tank milk test by RT-PCR. *Vet Microbiol.* 106: 41-47.
- [12] Liu, L., Xia, H., Wahlberg, N., Belak, S. and Baule, C. 2009. Phylogeny, classification and evolutionary insights into pestiviruses. *Virology.* 385: 351-357.
- [13] Mao, L., Li, W., Yang, L., Wang, J., Cheng, S., Wei, Y., Wang, Q., Zhang, W., Hao, F., Ding, Y., Sun, Y. and Jiang, J. 2016. Primary surveys on molecular epidemiology of bovine viral diarrhoea virus 1 infecting goats in Jiangsu province, China. *BMC Vet Res.* 12: 181.
- [14] Marthaler, D., Jiang, Y., Otterson, T., Goyal, S., Rossow, K. and Collins, J. 2013. Complete genome sequence of porcine epidemic diarrhoea virus strain USA/Colorado/2013 from the United States. *Genome Announc.* 1: e00555-13.
- [15] Masuda, T., Nagai, M., Yamasato, H., Tsuchiaka, S., Okazaki, S., Katayama, Y., Oba, M., Nishiura, N., Sassa, Y., Omatsu, T., Furuya, T., Koyama, S., Shirai, J., Taniguchi, K., Fujii, Y., Todaka, R., Katayama, K. and Mizutani, T. 2014. Identification of novel bovine group A rotavirus G15P [14] strain from epizootic diarrhoea of adult cows by de novo sequencing using a next-generation sequencer. *Vet Microbiol.* 171: 66-73.
- [16] Masuda, T., Murakami, S., Takahashi, O., Miyazaki, A., Ohashi, S., Yamasato, H. and Suzuki, T. 2015. New porcine epidemic diarrhoea virus variant with a large deletion in the spike gene identified in domestic pigs. *Arch Virol* 160: 2565-2568.
- [17] 増田恒幸、足羽朋子、山里比呂志、亀山健一郎。

- 新たに市販された抗原 ELISA を用いた牛ウイルス性下痢ウイルス検査の検証. 2016. 日獣会誌. 69: 187-191.
- [18] 増田恒幸、黒田萌黄、岩尾 健、池本千恵美、小谷道子、増田康充、亀山健一郎、迫田義博. 2017. 県外預託牛の産子から分離された牛ウイルス性下痢ウイルスの疫学調査とその清浄化に向けた取組み. 日獣会誌. 70: 575-579.
- [19] Oka, T., Saif, L. J., Marthaler, D., Esseili, M. A., Meulia, T., Lin, C., Vlasova, A. N., Jung, K., Zhang, Y. and Wang, Q. 2014. Cell culture isolation and sequence analysis of genetically diverse US porcine epidemic diarrhea virus strains including a novel strain with a large deletion in the spike gene. *Vet. Microbiol.* 173: 258-269.
- [20] Pensaert, M. B. and de Bouck, P. 1978. A new coronavirus-like particle associated with diarrhea in swine. *Arch. Virol.* 58: 243-247.
- [21] Peterhans, E., Bachofen, C., Stalder, H., Schweizer, M. 2010. Cytopathic bovine viral diarrhea viruses (BVDV): emerging pestiviruses doomed to extinction. *Vet Res.* 41: 44.
- [22] Peterhans, E. and Schweizer, M. 2013. BVDV : a pestivirus inducing tolerance of the innate immune response. *Biologicals.* 41: 39-51.
- [23] Ridpath, J. F. 2005. Practical significance of heterogeneity among BVDV strains: impact of biotype and genotype on U.S. control programs. 2005. *Prev Vet Med.* 72: 17-30.
- [24] Song, D. and Park, B. 2012. Porcine epidemic diarrhoea virus: a comprehensive review of molecular epidemiology, diagnosis and vaccine. *Virus Genes.* 44: 167-175.
- [25] Suzuki, T., Murakami, S., Takahashi, O., Koderu, A., Masuda, T., Itoh, S., Miyazaki, A., Ohashi, S. and Tsutsui, T. 2015. Molecular characterization of pig epidemic diarrhoea viruses isolated in Japan from 2013 to 2014. *Infect. Genet. Evol.* 36: 363-368.
- [26] Suzuki, T., Shibahara, T., Yamaguchi, R., Nakade, K., Yamamoto, T., Miyazaki, A. and Ohashi, S. 2016. Pig epidemic diarrhoea virus S gene variant with a large deletion non-lethal to colostrum-deprived newborn piglets. *J. Gene. Virol.* 97: 1823-1828.
- [27] 田島誉士. 2012. 牛ウイルス性下痢ウイルス感染症. 日獣会誌. 65. 111-117.
- [28] Thomann, B., Tschopp, A., Magouras, I., Meylan, M., Schüpbach-Regula, G. and Häsler, B. 2017. Economic evaluation of the eradication program for bovine viral diarrhea in the Swiss dairy sector. *Prev Vet Med.* 145: 1-6.
- [29] Vlasova, A. N., Marthaler, D., Wang, Q., Culhane, M. R., Rossow, K. D., Rovira, A. R., Collins, J. and Saif, L. J. 2014. Distinct characteristics and complex evolution of PEDV strains, North America, May 2013-February 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 20: 1620-1628.
- [30] Wang, L., Byrum, B. and Zhang, Y. 2014. New variant of porcine epidemic diarrhea virus, United States, 2014. *Emerg. Infect. Dis.* 20: 917-919.
- [31] Zhang, X., Hasoksuz, M., Spiro, D., Halpin, R., Wang, S., Stollar, S., Janies, D., Hadya, N., Tang, Y., Ghedin, E. and Saif, L. 2007. Complete genomic sequences, a key residue in the spike protein and deletions in nonstructural protein 3b of US strains of the virulent and attenuated coronaviruses, transmissible gastroenteritis virus and porcine respiratory coronavirus. *Virology.* 358: 424-435.

Control and prevention of acute and chronic livestock infections: PED and BVD cases in the Tottori Prefecture

Tsuneyuki Masuda

Livestock division, Tottori Prefecture Department of Agriculture, Forestry and Fisheries,
1-220 Higashimachi, Tottori, 680-8570, Japan
Tel : +81-857-26-7287 ; Fax : +81-857-26-7292
E-mail : masudat@pref.tottori.lg.jp

[Abstract]

Infectious livestock diseases, such as highly pathogenic avian influenza (HPAI) and foot-and-mouth disease (FMD), recognized as acute infection that cause tremendous damage to the livestock industry. Acute infections develop relatively early and have significant clinical symptoms, making outbreaks easily recognizable. However, HPAI and FMD outbreaks have occurred in the past in Japan, and prevention of future epidemics involves urgent of affected animals and a strict observation of standards of rearing hygiene. Conversely, chronic infections that decrease livestock productivity, such as enzootic bovine leukosis and bovine viral diarrhea, have become problematic in recent years. Generally, eradication of chronic infections is extremely difficult and requires considerable time and effort. Here we describe two cases of livestock infectious diseases occurred in the Tottori prefecture, Japan, namely an acute infection of porcine epidemic diarrhea and a chronic infection of bovine viral diarrhea, and the controls and preventions that were instituted.

Keywords: acute infection, bovine viral diarrhea, chronic infection, porcine epidemic diarrhea