

総説

## 豚コレラ

### ～ 2018～ 2019年にわが国で発生した豚コレラの原因ウイルスの性状～

深井克彦

国立研究開発法人 農業・食品産業技術総合研究機構  
動物衛生研究部門 越境性感染症研究領域 口蹄疫ユニット  
Tel 042-321-1441  
Fax 042-325-5122  
Email: fukai@affrc.go.jp

#### 【要約】

2018年9月9日にわが国では26年ぶりに豚コレラ（CSF）の発生が確認された。その際分離されたCSFウイルス（JPN/1/2018株）を用いた血清学的解析成績から、現在国内で備蓄されているCSFワクチンはJPN/1/2018株に対して効果が期待出来ると考えられた。また、JPN/1/2018株のゲノム解析の成績から、JPN/1/2018株が近隣のアジア諸国からわが国に持ち込まれた可能性が示唆された。一方、JPN/1/2018株の病原性状の解析から、JPN/1/2018株が強毒株ALD株に比べて、軽度な症状のみを示す一方で、発熱等の症状を示す前から排泄・分泌物中にウイルスを排泄していること、ウイルス接種豚から同居豚へのウイルスの水平伝播に関しては、両株に大きな差がないことが確認された。

**キーワード:** 豚コレラ、豚コレラウイルス、豚

#### はじめに

豚コレラ（CSF）は、高い死亡率を引き起こす豚の熱性疾患である。本病は、発熱を除いては、様々な臨床症状を示し、感染動物の年齢やウイルスの病原性により異なり、致死的な転帰から無症状まで様々である。CSFウイルス（CSFV）は、フラビウイルス科ペスチウイルス属に属し、牛ウイルス性下痢ウイルスや綿羊のボーダー病ウイルスと近縁である [10]。CSFは、企業型養豚農場のみならず、小規模養豚農場に対しても甚大な社会経済的被害をもたらす。小規模養豚農場については、多くの貧困国における社会保障と福祉に影響を及ぼす [2]。養豚産業に及ぼす社会経済的な重要性から、CSFの発生は国際獣疫事務局（OIE）に報

告することになっており、世界の多くの地域において家畜豚や野生イノシシ群で本病の発生が確認されている。家畜豚における主要な防疫対策は摘発淘汰であり、時に弱毒生ワクチン投与も行われる。集団の密度や流行ウイルスの性状により、野生イノシシにおける本病は、小規模の発生に留まる場合と発生が継続する場合があります。発生が継続する場合には、狩猟や経口ワクチン散布により対応する。カナダ、米国、オーストラリアやEU諸国等の国々が、本病の撲滅に成功しているが、その他の多くの国々では、依然として本病が流行しているため、本病は、世界中の食糧安全保障や養豚産業に対する脅威となっている。また、CSF清浄国においては、本病の再侵入の危険性を常に抱えている。

一方、2018年9月9日にわが国では26年ぶりにCSFの発生が確認された [9]。2019年7月31日現在で、34事例68農場3と畜場で発

受理：2019年7月1日

生が確認され、殺処分頭数は127,603頭に及んでいる。また、岐阜県で780頭、愛知県で59頭、三重県で4頭、福井県で7頭、長野県で27頭、富山県で1頭の野生イノシシにおいてCSFVが検出されている。さらに、野生イノシシにおけるCSF流行抑制を目的に、野生イノシシに対する経口ワクチンの投与が、2019年3月24日から愛知県および岐阜県で開始された。本稿では、2018～2019年のわが国におけるCSF発生の原因ウイルスの性状を中心に豚コレラについて概説する。

### 原因ウイルスの血清学および遺伝学的性状

2018年9月8日に1事例目の豚から採取した全血よりCPK細胞を用いてCSFVの分離を試みた。その結果、材料接種7日目に、抗CSFVモノクローナル抗体を用いた間接蛍光抗体法により細胞質内に特異蛍光が確認され、全血材料からCSFVが分離されたことが確認された。分離されたCSFVはJPN/1/2018株と命名され、CPK細胞でさらに1代継代したウイルスを以降の性状解析に用いた。

わが国で備蓄されているCSF弱毒生ワクチン(GPE<sup>-</sup>株)を1～2カ月齢の豚4頭に接種し、1か月後血清を採取した。それら4頭の血清およびGPE<sup>-</sup>株とJPN/1/2018株を用いて、OIEマニュアル[12]に従って、蛍光抗体による中和試験を行った。その結果、GPE<sup>-</sup>株およびJPN/1/2018株に対する中和抗体価は、各々45～128倍および8～90倍であった(表1)。すなわち、ワクチン投与豚の血清は、ホモであるGPE<sup>-</sup>株に対して、ヘテロであるJPN/1/2018株より高い中和抗体価を示す傾向にあったが、

JPN/1/2018株に対する中和抗体は検出されたため、備蓄ワクチンによる効果は期待出来ることが示唆された。

CSFVは遺伝的に多様である[8]。CSFVには3つの遺伝子型が存在し、各遺伝子型はさらに遺伝子亜型に分類され、地域によりその分布は異なっている[1]。

今回、Vilčekら[11]の方法に従って、JPN/1/2018株ゲノムの5' untranslated region (UTR)領域を標的としたRT-PCR法を行った。その結果、予想された約280bpのPCR産物が得られた。得られたPCR産物の塩基配列を、RT-PCR法と同様のプライマーを用いたダイレクトシーケンス法により決定し、遺伝子データベースから収集した62株のCSFV株とともに最尤法により遺伝子系統樹解析を行った(図1)。その結果、JPN/1/2018株は、遺伝子型2のうちの遺伝子亜型2.1に属することが確認された。また、JPN/1/2018株の全長ゲノムの塩基配列を次世代シーケンサーにより決定し、遺伝子データベース上のCSFV株と比較した結果、JPN/1/2018株は遺伝子亜型2.1のうちの系統2.1dに属することが確認された[7]。系統2.1dに属するCSFVは近年中国で発生が確認されている一方で[4]、この系統に属するCSFV株による発生はわが国においてこれまで確認されていない。このことから、今回のわが国におけるCSFの発生が、中国やその近隣諸国からのCSFV株の侵入に起因することが示唆された。

### 原因ウイルスの病原性状

CSFの経過が品種により異なるとの学術的

表1: ワクチン投与豚血清のGPE<sup>-</sup>株およびJPN/1/2018株に対する中和抗体価

血清	ウイルス株	
	GPE <sup>-</sup>	JPN/1/2018
ワクチン接種豚 1	128	32
ワクチン接種豚 2	64	90
ワクチン接種豚 3	64	22
ワクチン接種豚 4	45	8
ワクチン非接種豚 1	<2	<2
ワクチン非接種豚 2	<2	<2

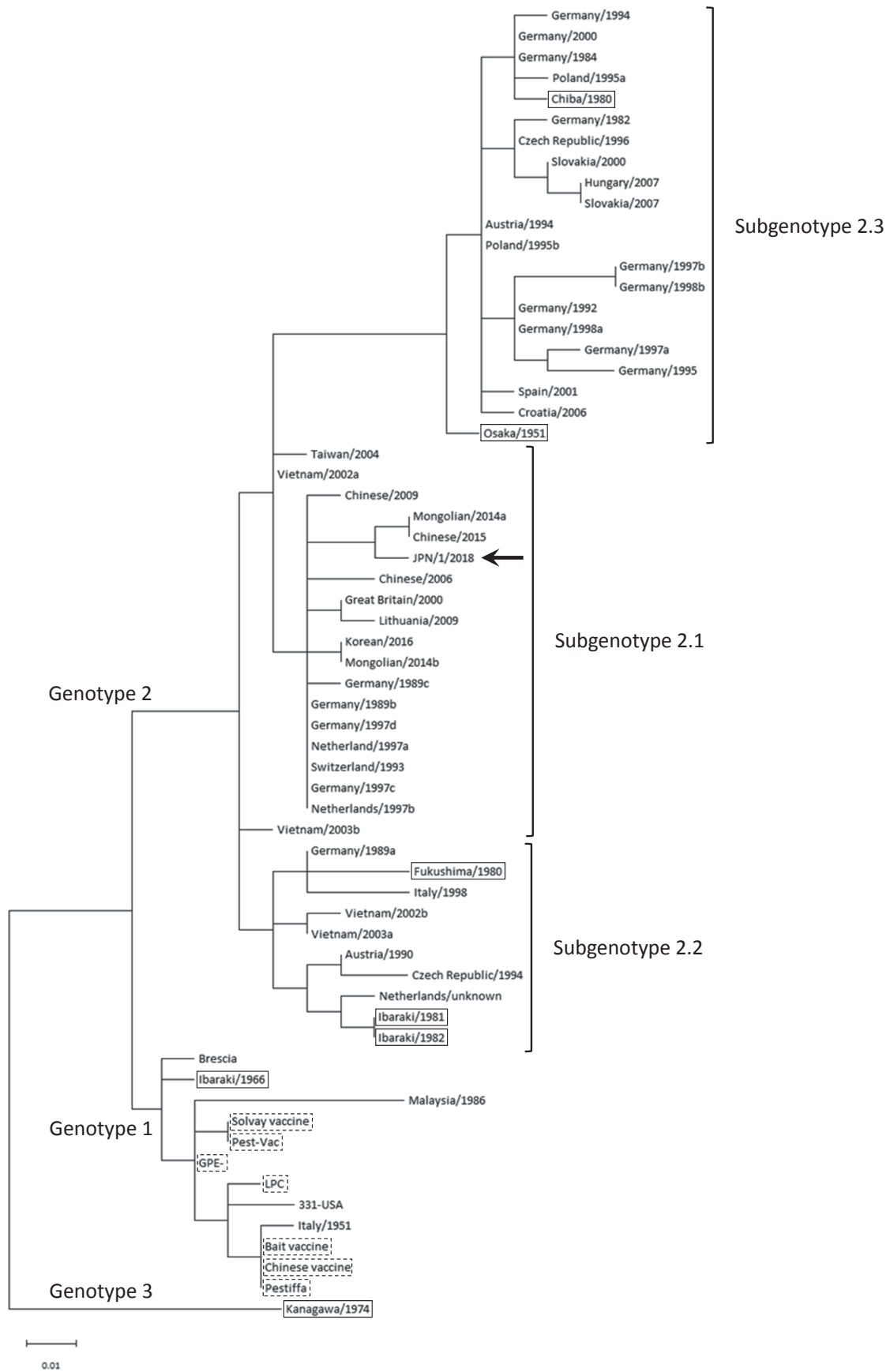


図1：豚コレラウイルスの遺伝子系統樹

(矢印：当該ウイルス、実線四角：過去の国内検出株、破線四角：ワクチン株、Genotypeの参照株は、Postelらの[8]方法を利用した。国内検出株および近年のアジア流行株について、5'UTR領域の150bpを用いて最尤法により解析した、解析ソフトウェア：MEGA 10.0.5、アライメント法：Muscle)

知見はなく、家畜豚と野生イノシシ共に同一である。感染個体における潜伏期間は3～10日であるが、群内での感染の進行は比較的遅い。すなわち、群内にウイルスが侵入してから数週間後に、感染が顕在化する。繁殖豚群においては、繁殖成績の低下により顕在化する場合もある。感染後の経過は、ウイルスの病原性や個体の年齢により様々である。一般に、若齢個体は重篤な経過を取る一方で、成熟個体では中程度の経過を取る場合や無症状の場合もある。病型は、急性、慢性および遅発性に分類される [5]。

CSF のみに特徴的な症状は存在しない。アフリカ豚コレラ、豚皮膚炎腎症症候群、豚繁殖・呼吸障害症候群、豚パルボウイルス感染症、オーエスキー病、レプトスピラ症および豚丹毒等と類似した症状を示す [5]。急性型では、12 週齢以下の個体における 40℃ を越える発熱が特徴的である一方で、成熟個体における発熱は 39.5℃ 程度までに留まる。結膜炎、呼吸器症状、便秘および下痢が、最初の肉眼所見となることが多い。豚はしばしば活力低下を呈し、痙攣やふらつき等の神経症状を呈することが多い。発熱を示した約 2 週間後に、腹部、耳翼、尾部および四肢下部に紫斑を呈する場合がある。CSFV は、重篤な免疫抑制と白血球減少を引き起こす。他の病原体の二次感染により、CSFV 感染を疑うような明瞭な臨床症状が確認されない場合もある。そのため、CSF を疑う症例が確認された場合には、必ず実験室内検査を行う必要がある。CSFV は、全ての分泌・排泄物中に排泄される。個体の年齢が上がるとともに、症状は特徴的ではなくなり、多くの個体が回復する。回復した個体においては、生涯継続する非常に強力な液性免疫により感染が収束する。中和抗体は、感染 2～3 週間後から検出される。

慢性型 CSF は、ウイルスを体内から排除する十分な免疫応答が起こらなかった若齢個体の一部で確認される。慢性型 CSF は、通常致命的経過を辿り、2～4 か月後に死亡する。症状は急性型と類似しているが、波状熱、慢性下痢および消耗性疾患等、特徴的ではない軽度な進行性疾患を示す。慢性型 CSF においては、二次感染が個体の状態を複雑にし、CSF の症状が隠されてしまう場合もある。慢性型 CSF の経過を通して、ウイルスは排泄される。免疫応

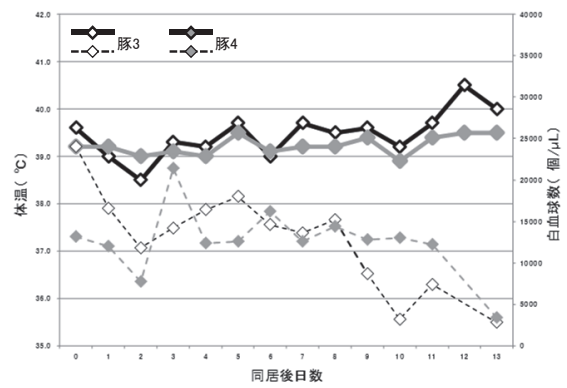
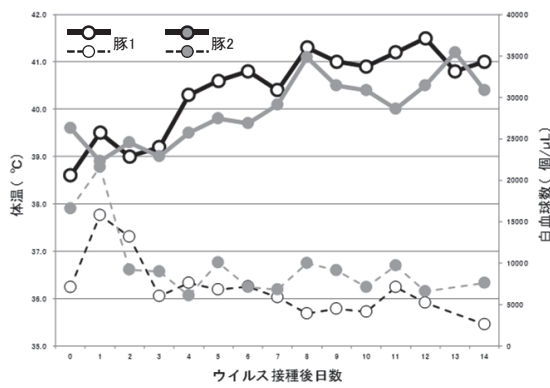
答により抗体は産生されるが、抗体によりウイルスは排除されない。急性型 CSF と同様に、多くの他疾病との類症鑑別が必要となる。

遅発型 CSF は、子宮内感染あるいは出生後早期の感染により引き起こされ、持続的なウイルス血症を呈する。他のペスチウイルスと同様に、CSFV は妊娠期間を通して、胎盤を通過可能である。妊娠時期およびウイルスの病原性が、感染の転帰の重要な要因であり、流産、死産、ミイラ胎子および奇形がしばしば確認される。遅発型 CSF は、母豚や胎子を直ちに殺さない低病原性から中程度の病原性の CSFV 株の感染の結果、通常引き起こされる。妊娠 50～70 日後に子宮内感染あるいは出生後早期の感染は、臨床上健康あるいは発育不良を示す持続感染個体の誕生を引き起こす [6]。持続感染子豚は、発育不良で、点状の皮膚出血や消耗性疾患等、進行性の臨床症状を示す。遅発型 CSF は、通常致命的経過を辿るが、発症個体は数週間から数か月生残し、大量のウイルスを排泄し続けるため、防疫上、非常に問題となる。特に、発見および撲滅が容易な重篤な症状を示すことなく、疾病の常在状態を引き起こす可能性がある中程度の病原性のウイルス株による感染が起こった際に最も問題となる。

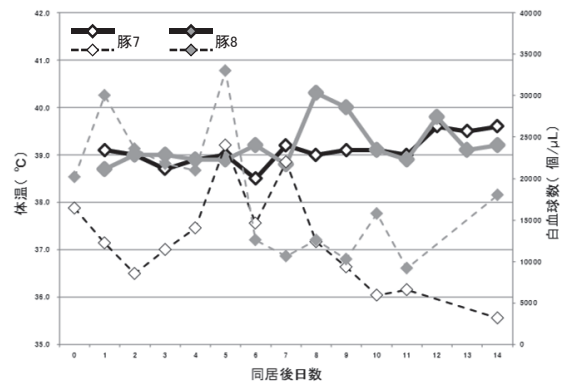
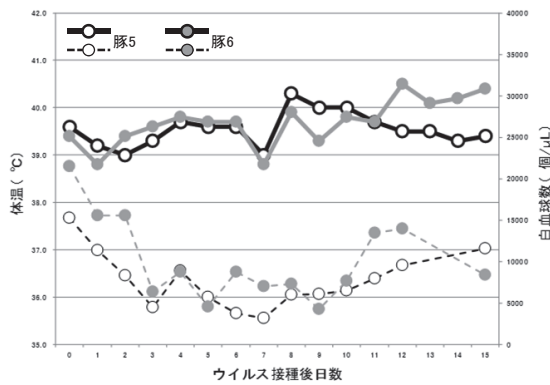
今回、JPN/1/2018 株の病原性状を解析するため、豚に対する感染試験を実施した [3]。具体的には、 $10^{6.5}$  TCID<sub>50</sub> の JPN/1/2018 株を 2 か月齢の豚 2 頭に経口接種（群 1）または筋肉内接種（群 2）した。ウイルス接種翌日に同月齢の豚 2 頭を各々のウイルス接種豚と同居させた。また、JPN/1/2018 株の病原性状の比較対照として、 $10^{6.5}$  TCID<sub>50</sub> の強毒株 ALD 株を 2 か月齢の豚 2 頭に筋肉内接種し、その翌日に同月齢の豚 2 頭を同居させた（群 3）。

群 3 のウイルス接種豚 2 頭においては、下痢、起立困難、食欲廃絶および遊泳運動がウイルス接種 5 日後に確認された。これらの豚は人道的エンドポイントに達したと判断し、同日安楽殺した。群 3 の同居豚も、ウイルス接種豚 2 頭と同様の症状を示したが、試験最終日の同居 12 日後まで生残した。一方、群 1 および 2 の豚は、紫斑や結膜炎を示したが、全頭が試験期間中生残した。また、群 1 のウイルス接種豚においては、食欲低下や活力低下も確認された。

群 1 (JPN/1/2018 株 経口接種)



群 2 (JPN/1/2018 株 筋肉内接種)



群 3 (ALD 株 筋肉内接種)

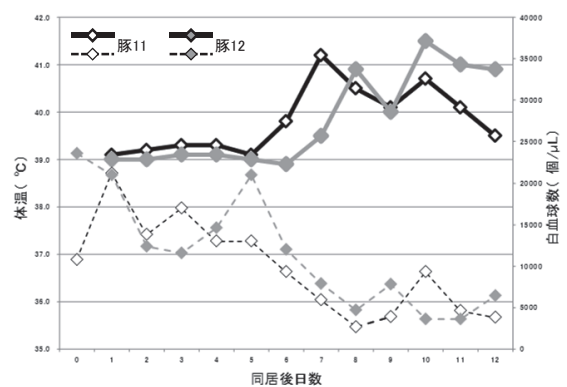
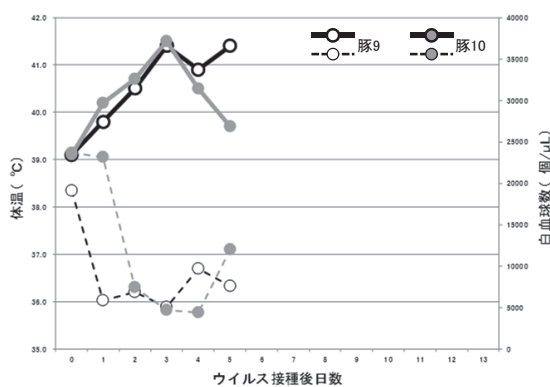


図 2：群 1～3 の豚における体温および白血球数  
(体温：実線、白血球数：破線、豚 9 および 10 はウイルス接種 5 日後に安楽殺した、※成績は、引用文献 [3] に示した成績を和訳および改変したものである)

表2: 臨床材料からのウイルス遺伝子の検出状況

		ウイルス接種後日数/同居後日数																
群	豚番号	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
1	1	-/-/-/- <sup>a)</sup>	-/-/-/-	-/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	NT
	2	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	NT
	3	NT	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	NT
	4	NT	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	NT
2	5	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	NT
	6	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	NT
	7	NT	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	NT
	8	NT	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	NT
3	9	-/-/-/-	-/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	NT
	10	-/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	+/-/-/-	NT
	11	NT	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	NT
	12	NT	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	-/-/-/-	NT

a) 左から、血清、全血、唾液、鼻汁および糞便からのウイルス遺伝子の検出成績を表す（陽性：+、陰性：-）。また、いずれかの材料が陽性を示した日を薄い灰色、全ての材料が陽性を示した日を濃い灰色で示す。

b) 検査を実施せず。

※上記成績は、引用文献 [3] に示した成績を和訳および改変したものである。

表3：主な剖検所見

群	豚番号	病変									
		脳病変	扁桃病変	腎点状出血	脾梗塞	リンパ節出血	ポタン状潰瘍	皮膚病変	膀胱点状出血		
1	1	+	-	-	+	+	+	+	-	-	
	2	-	-	+	+	+	-	+	-	-	
	3	-	-	-	+	+	-	+	-	-	
	4	-	-	-	-	-	-	+	+	+	
2	5	-	-	-	-	-	-	+	-	-	
	6	-	-	-	-	-	+	+	-	-	
	7	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
	8	-	-	-	+	+	-	+	-	-	
3	9	-	+	+	+	+	-	-	+	+	
	10	+	+	+	+	+	-	+	+	+	
	11	+	+	+	-	+	-	+	-	-	
	12	+	+	-	+	-	+	+	-	-	

a) 病変の確認状況を表し (陽性：+, 陰性：-), 病変が確認された豚については薄い灰色で示す。  
※上記成績は、引用文献 [3] に示した成績を和訳および改変したものである。

群3のウイルス接種豚においては、ウイルス接種1～2日後から40℃以上の発熱および白血球数の減少が確認された(図2)。群3の同居豚においても、同居6～8日後から発熱および白血球数の減少が確認された。一方、群1および2のウイルス接種豚は、ウイルス接種4～7および8～12日後から発熱が確認されたが、白血球数の減少は、発熱が確認される以前のウイルス接種2～3日後から確認された。群1および2の同居豚各1頭は、同居8および12日後から発熱を示した。また、同居豚全頭が、同居14日後までに白血球数の減少を示した。しかし、群1および2の同居豚各1頭は、試験期間中、40℃以上の発熱を示さなかった。

各豚の血清、ヘパリンで凝固防止した血液(全血)、唾液、鼻汁および糞便の臨床材料からのウイルス遺伝子の検出状況を表2に示した。群3のウイルス接種豚においては、ウイルス接種1～2日後から臨床材料中にウイルス遺伝子が検出され始めたのに対し、群1および2のウイルス接種豚においては、ウイルス接種3日後から検出され始めた。一方、群1～3のウイルス接種豚の分泌・排泄物(唾液、鼻汁および糞便)からウイルス遺伝子が検出された4～7日後、4～8日後および5日後から、各群の同居豚の血液材料(血清および全血)からウイルス遺伝子が検出された。すなわち、ウイルス接種豚から同居豚への水平伝播は、JPN/1/2018株およびALD株ともに、容易に起こることが示唆された。

一方、今回感染試験に使用した豚全頭の扁桃において、蛍光抗体法において陰窩上皮細胞の細胞質に特異蛍光が確認された。また、ELISA抗体は、群1のウイルス接種豚1頭、群2のウイルス接種豚2頭および同居豚1頭において、試験最終日に確認された。一方、群3の豚においては、試験期間中、ELISA抗体は確認されなかった。

CSFの解剖所見として、一般に、腎臓、消化管、漿膜、膀胱、喉頭、喉頭蓋および他臓器における点状から斑状の出血が確認される。リンパ節は腫大、出血および浮腫を呈する。

今回、解剖所見として、群3の豚4頭中3頭において、脳の充血、髄膜の充血および白色混濁もしくは髄膜血管の拡張が確認された(表

3)。また、群1および2の豚8頭中1頭において、脳髄膜の血管拡張が確認された。一方、群3の豚全頭において、扁桃の多巣壊死と小膿瘍形成が確認されたが、群1および2の豚においては確認されなかった。腎臓の点状出血は、群3の豚4頭中3頭で確認されたが、群1および2の豚では8頭中1頭で確認されたのみであった。脾臓、リンパ節、小腸と大腸および皮膚病変については、群間で顕著な差は確認されなかった。脾臓辺縁の多巣梗塞およびリンパ節の赤色化が、群1および2の豚8頭中4頭および群3の豚4頭中3頭で確認された。結腸のボタン状潰瘍が、群1～3の豚各1頭で確認された。

### おわりに

本稿における解析成績から、現在国内で備蓄されているCSFワクチンのJPN/1/2018株に対する効果は期待出来ると考えられた。また、JPN/1/2018株のゲノム解析の成績から、JPN/1/2018株が近隣のアジア諸国からわが国に持ち込まれた可能性が示唆された。一方、JPN/1/2018株の病原性状の解析から、JPN/1/2018株がALD株に比べて、軽度な症状のみを示す一方で、発熱等の症状を示す前から排泄・分泌物中にウイルスを排泄していること、ウイルス接種豚から同居豚へのウイルスの水平伝播に関しては、両株に大きな差がないことが確認された。感染試験の成績から、特徴ある臨床症状の発見が困難であり、養豚現場での日常的な観察をより一層徹底する必要性が示唆された。

### 謝辞

2018～2019年におけるCSFの病性鑑定および原因ウイルスに対する各種解析に多大なるご尽力とご助言を頂いた農研機構動物衛生研究部門海外病研究拠点の皆様へ深謝します。また、国内備蓄ワクチン投与豚血清をご提供頂いた農林水産省動物医薬品検査所の皆様へ感謝いたします。さらに、2018～2019年におけるCSFの防疫対策に日々奮闘なさっている全ての関係者の皆様へ深く敬意を表します。

### 引用文献

- [1] Beer, M., Goller, K. V., Staubach, C. and Blome, S.



2015. Genetic variability and distribution of Classical swine fever virus. *Anim. Health Res. Rev.*,16:33–39.
- [2] Edwards, S., Fukusho, A., Lefevre, P. C., Lipowski, A., Pejtsak, Z., Roche, P. and Westergaard, J. 2000. Classical swine fever: The global situation. *Vet. Microbiol.*, 73:103–119.
- [3] Kameyama, K., Nishi, T., Yamada, M., Masujin, K., Morioka, K., Kokuho, T. and Fukai, K. 2019. Experimental infection of pigs with a classical swine fever virus isolated in Japan for the first time in 26 years. *J. Vet. Med. Sci.*, in press.
- [4] Luo, Y., Ji, S., Liu, Y., Lei, J. L., Xia, S. L., Wang, Y., Du, M. L., Shao, L., Meng, X. Y., Zhou, M., Sun, Y. and Qiu, H. J. 2017. Isolation and characterization of a moderately virulent classical swine fever virus emerging in China. *Transbound. Emerg. Dis.*, 64:1848–1857.
- [5] Moennig, V., Floegel-Niesmann, G. and Greiser-Wilke, I. 2003. Clinical signs and epidemiology of classical swine fever: A review of new knowledge. *Vet. J.*,165:11–20.
- [6] Muñoz-González, S., Ruggli, N., Rosell, R., Pérez, L. J., Frías-Leuporeau, M. T., Fraile, L., Montoya, M., Cordoba, L., Domingo, M., Ehrensperger, F., Summerfield, A., Ganges, L. I. 2015. Postnatal persistent infection with classical Swine Fever virus and its immunological implications. *PLoS ONE*,10:e0125692
- [7] Nishi, T., Kameyama, K., Kato, T. and Fukai, K. 2019. Genome sequence of a classical swine fever virus of subgenotype 2.1, isolated from a pig in Japan in 2018. *Microbiol. Resour. Announc.*, 8:e01737-18.
- [8] Postel, A., Schmeiser, S., Bernau, J., Meindl-Boehmer, A., Pridotkas, G., Dirbakova, Z., Mojzsis, M. and Becher, P. 2012. Improved strategy for phylogenetic analysis of classical swine fever virus based on full-length E2 encoding sequences. *Vet. Res.*, 43:50.
- [9] Postel, A., Nishi, T., Kameyama, K., Meyer, D., Suckstorff, O., Fukai, K. and Becher, P. 2019. Reemergence of classical swine fever, Japan, 2018. *Emerg. Infect. Dis.*, 25:1228–1231.
- [10] Simmonds, P., Becher, P., Collet, M. S., Gould, E. A., Heinz, F. X., Meyers, G., Monach, T., Pletnev, A., Rice, C. M., Stiasny, K., Thiel, H. -J., Weiner, A. and Bukh, J. Family Flaviviridae. *Virus Taxonomy. Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses.* San Diego, USA
- [11] Vilček Š, Herring, A. J., Herring, J. A., Nettleton, P. F., Lowings, J. P. and Paton, D. J. 1994. Pestiviruses isolated from pigs, cattle and sheep can be allocated into at least three genogroups using polymerase chain reaction and restriction endonuclease analysis. *Arch. Virol.*, 136:309–323.
- [12] World Organization for Animal Health (2018) Chapter 3.8.3., Classical Swine Fever (Hog Cholera) (infection with classical swine fever virus), *Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals 2018.* [http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Health\\_standards/tahm/3.08.03\\_CSF.pdf](http://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/3.08.03_CSF.pdf)

## Classical swine fever —characteristics of classical swine fever virus that caused outbreaks between 2018 and 2019 in Japan—

Katsuhiko Fukai

Foot and mouth disease unit, Division of Transboundary Animal Diseases,  
National Institute of Animal Health, National Agriculture and Food Research Organization  
Tel 042-321-1441  
Fax 042-325-5122  
Email: fukai@affrc.go.jp

### **[Abstract]**

Classical swine fever (CSF) occurred in Japan on September 9, 2018 for the first time in 26 years. Serological analyzing using an isolate (JPN/1/2018) obtained from the CSF case suggested that a CSF vaccine preserved in Japan for the emergency use is effective to JPN/1/2018. In addition, genetic analyzing of JPN/1/2018 suggested that JPN/1/2018 would be brought in from a neighboring Asian country to Japan. In contrast, experimental infections using JPN/1/2018 suggested that JPN/1/2018 occurs weaker clinical signs than high virulent ALD; however, viruses are discharged in excretion and secretions before clinical signs such as fever appear, and both the strains have almost same horizontal transmissibility to contact animals.

**Keywords:** Classical swine fever, Classical swine fever virus, Pig