

演題番号：6

演題名：当所管内で発生したマレック病の病理学的診断および分子疫学的解析

発表者名：○松川国洋、新垣貴野、仁平稔、仲村清崇、銘苺愛美

発表者所属：北部食肉衛生検査所

### 1. はじめに

当所管内食鳥処理場では、2013年4月～2014年3月までの一年間に、肝臓および脾臓に発生した白色結節により肉眼的にマレック病（MD）と診断された鶏は35羽であったが、翌月の2014年4月から発症鶏が急増し、同年8月までの5ヶ月で1040羽がMDと診断された。今回、この急増の要因を検討することを目的に病理学的検査およびMDウイルス遺伝子の検出および解析を行ったところ、若干の知見を得たので報告する。

### 2. 材料および方法

当所管内A農場ブロイラー26羽、B農場地鶏2羽、C農場ブロイラー1羽の計29羽を試験に供した。各農場のMD発生率は、99羽（0.28%）、39羽（0.71%）、1羽（0.003%）である。

病理学的検査として鶏の肝臓あるいは脾臓について、定法に従いHE染色を施して鏡検し、診断を行った。この診断でMDと認定された鶏について、肝臓あるいは脾臓の白色結節部位よりDNAを抽出し、PCRによるMDウイルスのmeq遺伝子検出を実施した。検出された遺伝子については塩基配列全長（1020bp）の決定を試み、系統樹解析を行った。

### 3. 結果

採集した鶏検体全ての肝臓あるいは脾臓で大小不同のリンパ球の増殖を主体としたMD特有の組織病変を確認した。PCRの結果、A、B、C農場の各23、2、1検体、計26検体（89.7%）からmeq遺伝子が検出され、そのうち各16、2、1株、計19株の塩基配列全長を決定することができた。これら19株間の塩基およびアミノ酸相同性は99%以上、遺伝学的距離は0.005未満であった。A農場由来の16株間、BおよびC農場由来の3株間の塩基相同性は100%であった。系統樹解析の結果、今回の株は2001～2012年に中国で検出された株と同系統であり、これら中国株と比較して、塩基相同性は99%以上、アミノ酸相同性は98%以上、遺伝学的距離は0.01未満であった。

### 4. 考察およびまとめ

今回採集した29羽の鶏は全て肉眼的および組織学的にMDと診断され、検出された19株のMDウイルスは、meq遺伝子の系統樹解析では2001～2012年に中国で検出された株と同系統であった。これらの中国株のうちのいくつかは、中国国内にてワクチン接種済みにもかかわらずMDを発症した鶏から検出されている。このことから、2014年に当所管内でMDが急増した要因の一つとして、強い病原性を持つMDウイルスの関与が考えられた。MDウイルスの分子疫学的解析は、MDウイルスのワクチン耐性獲得状況を把握するために重要とされている。今回の様な事例が発生した場合、組織学的診断に加え分子疫学的解析を行うことは、家畜保健衛生所等と連携して食肉の安全確保につながる対策を立てる上で、重要と思われる。