

# 15 豚口ウイルスの県内浸潤状況と豚口ウイルス病の対策

中央家畜保健衛生所  
井上 大輔・吉野 文彦  
対馬家畜保健衛生所  
元村 泰彦

口ウイルス(RV)は、レオウイルス科に属し、11本の分節状二本鎖RNAをゲノムとするウイルスである。これらのRNA分節はウイルス構造蛋白質であるVP1～VP4、VP6およびVP7、ならびに非構造蛋白質であるNSP1～NSP5およびNSP6をコードしている。RVは、内殻を構成しているVP6の抗原性および遺伝学的相違に基づきAからHの8群に分類される。これまで、A(RVA)、B(RVB)、C(RVC)、EおよびH群が豚から検出されており、下痢と関連して報告されているのは主にRVA、RVBおよびRVCである<sup>2、15)</sup>。このうち、RVAについては、成豚のほぼすべてが抗体を保有しており、ほとんどの豚群に常在していると考えられている<sup>15)</sup>。RVは、外殻蛋白であるVP7とVP4の抗原性によりG血清型とP血清型に分類される。これらの血清型はVP7およびVP4の遺伝子型(G遺伝子型およびP遺伝子型)から推定され、非常に多くの遺伝子型が確認されている<sup>1、2、9、15)</sup>。

豚口ウイルス病は、哺乳豚および離乳豚に嘔吐や下痢を引き起こす疾病である。Katsudaら<sup>7)</sup>は、国内の子豚下痢症の原因を調査し、哺乳豚下痢症の67.3%、離乳豚下痢症の65.5%からRVが検出されたと報告しており、RVはわが国の子豚下痢症の主要因であると考えられている。わが国では本病に対するワクチンは市販されておらず、対策は飼養衛生管理により行う必要がある。しかしながら、これまでRVBやRVCの浸潤状況はあまり調査されておらず、本病の対策法について検討した報告もほとんどないため、被害発生農場において適切な対策法を指導するのが難しい状況にあった。そこで、今回、約2年間にわたって県内養豚場の各種RVの浸潤状況を

調査するとともに、本病が頻発していた県内の一養豚場(A農場)において対策法を検討し、その効果を検証したところ、有益な知見が得られたので報告する。

## 1 材料および方法

### (1) 県内浸潤状況調査

平成25年8月～平成27年3月に、県内の一貫経営農場12戸で採取された糞便80検体、直腸スワブ4検体、スラリー1検体および尿貯留槽内容物1検体について、RVA<sup>5)</sup>、RVB<sup>6)</sup>およびRVC<sup>14)</sup>の各遺伝子を検出するRT-PCRを実施した。なお、豚舎別の検出状況を集計するにあたって、飼養されていた豚のステージもしくは日齢で、分娩～離乳前を分娩舎、離乳後～60日齢を離乳舎、61～90日齢を子豚舎、91日齢～出荷を肥育舎、分娩舎以外の母豚を母豚舎と区分した。

### (2) A農場の発生状況調査および浸潤状況

A農場における下痢の発生状況について畜主に聞き取り調査を行うとともに、平成23および25年の発症豚由来RVB株の遺伝子について、RNA-PAGEにより全11分節の電気泳動パターンを比較するとともに、ダイレクトシーケンス法によりVP7遺伝子の塩基配列を解析した。また、平成25年9月、空舎中の2豚舎を除いた34豚舎で採取された、排泄されて間もない新鮮な糞便(落下糞便)5個/棟を豚舎ごとプールし、RT-PCRによりRVA<sup>5)</sup>、RVB<sup>8)</sup>およびRVC<sup>14)</sup>の各遺伝子を検索するとともに、ダイレクトシーケンス法により検出株のVP7遺伝子を解析した。

### (3) A農場における対策と効果の検証

平成 25 年 10 月から、対策法を変更した。すなわち、分娩舎および離乳・子豚舎の糞便を混合したものを馴致材料として、分娩 4 週間前の母豚に、1 週間連続で経口投与することとした。その後、平成 26 年 2 月、空舎中の 4 豚舎を除いた 32 豚舎で採取された落下糞便 5 個/棟を豚舎ごとプールし、RT-PCR により RVA<sup>5)</sup>、RVB<sup>8)</sup>および RVC<sup>14)</sup>の各遺伝子の検索を行った。また、平成 25 年 10 月～平成 27 年 12 月の期間、分娩舎で下痢の流行がみられた際は、発症豚の糞便について、RT-PCR により RVA<sup>5)</sup>、RVB<sup>8)</sup>、RVC<sup>14)</sup>、伝染性胃腸炎ウイルス<sup>12)</sup>、豚流行性下痢ウイルス<sup>11)</sup>および豚デルタコロナウイルス<sup>16)</sup>の各遺伝子を検索した。検出された RV 株については、ダイレクトシーケンス法により VP7 遺伝子を解析した。さらに、平成 23～27 年の淘汰を含めた離乳前事故率を集計し、対策効果を検証した。

## 2 成績

### (1) 県内浸潤状況調査

調査農場 12 戸すべてで RV が検出された。内訳は、RVA、RVB および RVC すべてが検出されたのが 8 戸 (66.7%)、RVB および RVC が検出されたのが 3 戸 (25.0%)、RVC のみが検出されたのが 1 戸 (8.3%) であった。次に、浸潤状況を豚舎別に集計した結果を表 1 に示す。離乳舎での RV 検出率は 100% であり、離乳舎では 1 豚舎の材料から検出される群の種類が多い傾向がみら

れた。

### (2) A 農場の発生状況および浸潤状況調査

A 農場は母豚 1,400 頭飼養、豚舎 36 棟の一貫経営農場で、平成 23 年 9 月～平成 25 年 8 月の期間に少なくとも 3 例 (RVA: 1 例、RVB: 2 例) の豚口タウウイルス病が確認されていた (表 2)。従来 A 農場では、対策として分娩舎の糞便を用いた母豚馴致 (分娩 4 週間前から 1 週間連続で経口投与) を実施していた。しかしながら、分娩舎では 2～3 か月間隔で下痢が繰り返し流行しており、若齢、特に 3 日齢以下で発症すると死亡するか発育不良となることが多く、問題となっていた。

RNA-PAGE による平成 23 年と 25 年の発症豚由来 RVB 株の遺伝子分節の比較では、NSP2 と VP7 を除いた 9 分節は同じサイズであった (写真 1)。また、VP7 遺伝子 (703bp) のシーケンス解析の結果、平成 23 年と 25 年の両株はともに遺伝子型 G20 に分類され、塩基配列は 98.6%、推定アミノ酸配列は 99.6% の一致率を示した。

浸潤状況調査では、19 豚舎 (55.9%) で RV 遺伝子が検出された (表 3)。このうち、馴致材料としていた分娩舎の糞便からは RVC が検出されず、離乳・子豚舎では RVA、RVB および RVC すべてが検出された。検出株の VP7 遺伝子解析では、計 11 種類の遺伝子型が確認された (表 4)。各豚舎で検出された遺伝子型は、分娩舎

表 - 1 県内養豚場の豚舎別 RV 遺伝子検出状況 (12 戸)

| 豚舎<br>日齢等   | 遺伝子検出豚舎数     |       |                |        |             |        |                |        |             |       |             |       |          |       |
|-------------|--------------|-------|----------------|--------|-------------|--------|----------------|--------|-------------|-------|-------------|-------|----------|-------|
|             | 分娩<br>分娩・離乳前 |       | 分娩・離乳<br>分娩-60 |        | 離乳<br>離乳-60 |        | 離乳・子豚<br>離乳-90 |        | 子豚<br>61-90 |       | 肥育<br>91-出荷 |       | 母豚<br>母豚 |       |
| 豚舎数         | 12           |       | 3              |        | 8           |        | 7              |        | 10          |       | 26          |       | 20       |       |
| RV 合計       | 8            | 66.7% | 3              | 100.0% | 8           | 100.0% | 7              | 100.0% | 5           | 50.0% | 16          | 61.5% | 5        | 25.0% |
| RVA 合計      | 3            | 25.0% | 1              | 33.3%  | 6           | 75.0%  | 1              | 14.3%  | 0           | 0.0%  | 0           | 0.0%  | 2        | 10.0% |
| RVB 合計      | 3            | 25.0% | 1              | 33.3%  | 6           | 75.0%  | 7              | 100.0% | 5           | 50.0% | 11          | 42.3% | 3        | 15.0% |
| RVC 合計      | 4            | 33.3% | 2              | 66.7%  | 8           | 100.0% | 5              | 71.4%  | 3           | 30.0% | 12          | 46.2% | 2        | 10.0% |
| RVA のみ      | 2            | 16.7% | 0              | 0.0%   | 0           | 0.0%   | 0              | 0.0%   | 0           | 0.0%  | 0           | 0.0%  | 0        | 0.0%  |
| RVB のみ      | 2            | 16.7% | 1              | 33.3%  | 0           | 0.0%   | 2              | 28.6%  | 2           | 20.0% | 4           | 15.4% | 2        | 10.0% |
| RVC のみ      | 2            | 16.7% | 1              | 33.3%  | 1           | 12.5%  | 0              | 0.0%   | 0           | 0.0%  | 5           | 19.2% | 1        | 5.0%  |
| RVA + RVB   | 0            | 0.0%  | 0              | 0.0%   | 0           | 0.0%   | 0              | 0.0%   | 0           | 0.0%  | 0           | 0.0%  | 1        | 5.0%  |
| RVA + RVC   | 1            | 8.3%  | 1              | 33.3%  | 1           | 12.5%  | 0              | 0.0%   | 0           | 0.0%  | 0           | 0.0%  | 1        | 5.0%  |
| RVB + RVC   | 1            | 8.3%  | 0              | 0.0%   | 1           | 12.5%  | 4              | 57.1%  | 3           | 30.0% | 7           | 26.9% | 0        | 0.0%  |
| RVA+RVB+RVC | 0            | 0.0%  | 0              | 0.0%   | 5           | 62.5%  | 1              | 14.3%  | 0           | 0.0%  | 0           | 0.0%  | 0        | 0.0%  |

表 - 2 A 農場における発生状況

| 発生          | 日齢 | 発生状況              | 検出株 |
|-------------|----|-------------------|-----|
| 平成 23 年 9 月 | 3  | 分娩舎の 30%          | RVB |
| 平成 25 年 1 月 | 3  | 初～2産の産子ほぼすべて      | RVA |
| 平成 25 年 8 月 | 3  | 1週間の分娩 80 腹中 40 腹 | RVB |

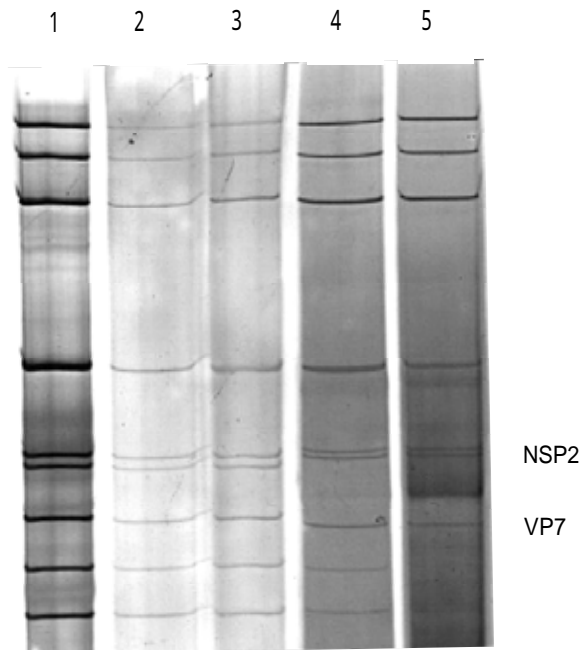


写真 - 1 RNA-PAGE 像

レーン1 - 3:平成 23 年発症豚由来 RVB 株. レーン4, 5:平成 25 年発症豚由来 RVB 株. 各株の遺伝子は、症例ごとに 11 分節すべてが同サイズ. 平成 23 年と 25 年の検出株では、NSP2 と VP7 を除いた 9 分節が同サイズ.

では 2 種類 (18.2%)、離乳・子豚舎では 5 種類 (45.5%)、肥育舎では 8 種類 (72.7%)、母豚舎では 3 種類 (27.3%)、導入豚舎では 1 種類 (9.1%) であった。

### (3) A 農場における対策と効果の検証

浸潤状況調査では、18 豚舎 (56.3%) で RV が検出されたが、分娩舎では検出されなかった(表 5)。また、離乳・子豚舎での RV 検出率は 100% で、RVA、RVB および RVC すべてが検出された。

対策後の下痢の病性鑑定では、平成 26 年 10 月、分娩舎の約 20%の哺乳豚で下痢の発症が確認され、検査に供した発症豚 3 頭中 3 頭の糞便から RVA 遺伝子が検出された。この検出された株は、VP7 遺伝子解析から遺伝子型 G4 に分類され、平成 25 年の調査で検出された RVA 株 (G1、G5 および G9) とは異なっていた。この発生で発症したのは 9 日齢以上の豚で、死亡や発育不良の増加はみられなかった。なお、この発生以降、平成 27 年 12 月まで豚口タウウイルス病の発生は確認されなかった。

離乳前事故率の推移では、対策を実施した平成 25 年以降事故率の減少がみられた (図 1)。

### 3 まとめおよび考察

今回の調査では、まず不明な部分の多かった野外における RVA 以外の RV の浸潤状況の把握を目的として、県内養豚場を対象に調査を行った。

表 - 3 A 農場の RV 浸潤状況(平成 25 年 9 月)

| 豚舎<br>日齢等   | 検出豚舎数        |                |             |          |            |       |   |       |   |        |
|-------------|--------------|----------------|-------------|----------|------------|-------|---|-------|---|--------|
|             | 分娩<br>分娩-離乳前 | 離乳・子豚<br>離乳-90 | 肥育<br>91-出荷 | 母豚<br>母豚 | 導入豚<br>導入豚 |       |   |       |   |        |
| 豚舎数         | 3            | 8              | 14          | 8        | 1          |       |   |       |   |        |
| RV 合計       | 2            | 66.7%          | 7           | 87.5%    | 7          | 50.0% | 2 | 25.0% | 1 | 100.0% |
| RVA 合計      | 2            | 66.7%          | 6           | 75.0%    | 2          | 14.3% | 1 | 12.5% | 1 | 100.0% |
| RVB 合計      | 1            | 33.3%          | 2           | 25.0%    | 5          | 35.7% | 1 | 12.5% | 0 | 0.0%   |
| RVC 合計      | 0            | 0.0%           | 6           | 75.0%    | 5          | 35.7% | 1 | 12.5% | 0 | 0.0%   |
| RVA のみ      | 1            | 33.3%          | 0           | 0.0%     | 0          | 0.0%  | 0 | 0.0%  | 1 | 100.0% |
| RVB のみ      | 0            | 0.0%           | 1           | 12.5%    | 2          | 14.3% | 1 | 12.5% | 0 | 0.0%   |
| RVC のみ      | 0            | 0.0%           | 0           | 0.0%     | 1          | 7.1%  | 0 | 0.0%  | 0 | 0.0%   |
| RVA + RVB   | 1            | 33.3%          | 0           | 0.0%     | 0          | 0.0%  | 0 | 0.0%  | 0 | 0.0%   |
| RVA + RVC   | 0            | 0.0%           | 5           | 62.5%    | 1          | 7.1%  | 1 | 12.5% | 0 | 0.0%   |
| RVB + RVC   | 0            | 0.0%           | 0           | 0.0%     | 2          | 14.3% | 0 | 0.0%  | 0 | 0.0%   |
| RVA+RVB+RVC | 0            | 0.0%           | 1           | 12.5%    | 1          | 7.1%  | 0 | 0.0%  | 0 | 0.0%   |

表 - 4 検出株の VP7 遺伝子型

| 群 | 遺伝子型 | 分娩 | 離乳・子豚 | 肥育 | 母豚 | 導入 |
|---|------|----|-------|----|----|----|
| A | G1   |    |       |    |    |    |
|   | G5   |    |       |    |    |    |
|   | G9   |    |       |    |    |    |
| B | G7   |    |       |    |    |    |
|   | G10  |    |       |    |    |    |
|   | G12  |    |       |    |    |    |
|   | G20  |    |       |    |    |    |
|   | G21  |    |       |    |    |    |
| C | G1   |    |       |    |    |    |
|   | G3   |    |       |    |    |    |
|   | G6   |    |       |    |    |    |

表 - 5 A 農場の RV 浸潤状況 (平成 26 年 2 月)

| 豚舎<br>日齢等   | 検出豚舎数        |                |             |          |  |
|-------------|--------------|----------------|-------------|----------|--|
|             | 分娩<br>分娩-離乳前 | 離乳・子豚<br>離乳-90 | 肥育<br>91-出荷 | 母豚<br>母豚 |  |
| 豚舎数         | 3            | 8              | 13          | 8        |  |
| RV 合計       | 0 0.0%       | 8 100.0%       | 9 69.2%     | 1 12.5%  |  |
| RVA 合計      | 0 0.0%       | 5 62.5%        | 4 30.8%     | 1 12.5%  |  |
| RVB 合計      | 0 0.0%       | 5 62.5%        | 4 30.8%     | 1 12.5%  |  |
| RVC 合計      | 0 0.0%       | 8 100.0%       | 6 46.2%     | 0 0.0%   |  |
| RVA のみ      | 0 0.0%       | 0 0.0%         | 1 7.7%      | 0 0.0%   |  |
| RVB のみ      | 0 0.0%       | 0 0.0%         | 1 7.7%      | 0 0.0%   |  |
| RVC のみ      | 0 0.0%       | 2 25.0%        | 4 30.8%     | 0 0.0%   |  |
| RVA + RVB   | 0 0.0%       | 0 0.0%         | 1 7.7%      | 1 12.5%  |  |
| RVA + RVC   | 0 0.0%       | 1 12.5%        | 0 0.0%      | 0 0.0%   |  |
| RVB + RVC   | 0 0.0%       | 1 12.5%        | 0 0.0%      | 0 0.0%   |  |
| RVA+RVB+RVC | 0 0.0%       | 4 50.0%        | 2 15.4%     | 0 0.0%   |  |

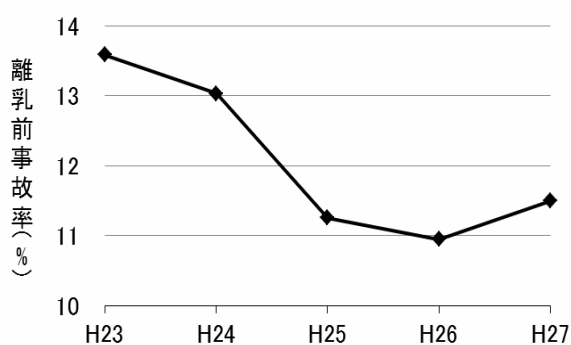


図 - 1 離乳前事故率の推移

その結果、RVB、RVC も、RVA と同様に多くの農場に浸潤していることが明らかとなった。豚舎別の検出状況では、離乳舎で最も検出率が高く、次いで分娩舎で多く検出された。Miyazaki ら<sup>10)</sup>は、国内の養豚場において発育ステージ別の RVA の浸潤状況を調査し、検出率が最も高かったのが 30 日齢の豚であり、次いで哺乳豚で高く、60

日齢以上では低かったことを報告している。本調査でも、RVA の検出状況は概ね同様の傾向であった。国内の養豚場における RVB や RVC の浸潤状況に関する報告は限られているが<sup>8、13)</sup>、Janke ら<sup>6)</sup>が米国の 6 州 145 農場の下痢便について行った調査で、RVA は哺乳豚で多く検出されたが、RVB および RVC は離乳豚での検出が多かったことが報告されている。また、国内の子豚下痢症の原因調査<sup>7)</sup>でも同様の傾向がみられ、哺乳豚と比較して、離乳豚の下痢症では複数群の RV の混合感染が多かったことが報告されている。今回の調査で、多くの農場の離乳舎に複数群の RV が存在していることが示唆され、離乳豚の下痢症で混合感染が多い原因は、この汚染度の高さに起因すると考えられた。

豚口ウイルス病の頻発していた A 農場で行った調査では、少数のサンプルでの抽出検査であったにもかかわらず、55.9%と半数以上の豚舎で RV の浸潤が確認され、農場内の汚染度が非常に高いことが明らかとなった。また、平成 23 年と 25 年の発生時に検出された RVB 株は、抗原性のきわめて近い近縁な株と考えられ、農場常在株による発生が繰り返されていたことが示唆された。哺乳豚における本病の防御には、移行抗体よりも乳汁免疫が重要であり、哺乳中の子豚は乳汁中の抗体によって感染や発症から防御される<sup>15)</sup>。それにもかかわらず哺乳豚の発生が繰り返される原因として、母豚が農場常在株に対して十分な免疫を保有していない可能性が考えられた。分娩舎糞便による馴致は、分娩舎で本病が発生した際に、すみやかに流行株に対する免疫を母豚に賦与できるため、流行の早期終息に有効な対策法と考えられる。しかしながら、流行が終息し、分娩舎内のウイルス量が減少すると、免疫が不十分な母豚が増えていくと考えられ、これが一定期間を経て常在株による再流行が繰り返されている一因と推察された。さらに、分娩舎に浸潤している株の抗原性の種類は、農場全体に浸潤している株の抗原性に対して非常に少なく、分娩舎糞便での馴致では、母豚は限られた抗原性に対する免疫しか獲得できないと考えられた。そのため、外部から分娩舎に存

在しない抗原性株が侵入すると発生を防ぐことができない場合があり、発生頻度の増加につながっている可能性も考えられた。

この改善策として、RV の検出率が高く、幅広い抗原性株が存在していた離乳・子豚舎の糞便を馴致材料に追加することとした。この対策実施以降、分娩舎内のウイルス量と本病の発生頻度は著しく減少し、離乳前事故率も減少した。これらは、母豚の免疫強化により、哺乳豚の感染および発症が防御され、分娩舎内での水平感染も減少したことを示唆する成績と考えられた。また、RVA の糞便への排泄期間は 1 ~ 14 日間(平均 7.4 日間)であり<sup>3)</sup>、感染から回復した豚は腸管内で IgA 抗体を分泌し、一定期間再感染から防御される<sup>15)</sup>。そのため、分娩 4 週間前に幅広い抗原性の株により母豚を免疫する本対策には、分娩舎への移動直前に母豚が RV に感染する頻度を減少させ、母豚による分娩舎へのウイルスの持込みを防止する効果もあると考えられる。

対策後、分娩舎内のウイルス量が減少しても、離乳・子豚舎では対策前と変わらず多くの RV が検出され、A 農場では離乳舎を中心に RV が常在化していると考えられた。糞便中の RV は、60 30 分間の加熱で不活化されず、18~20 で少なくとも 7 ~ 9 か月間感染性を保持する<sup>17)</sup>。Fu ら<sup>4)</sup>は、3 か月間使用しなかった離乳室で RV が生存していたことを確認し、豚舎環境が子豚への重要な感染源であることを報告している。A 農場に限らず、多くの養豚場では、環境中に残存したウイルスが感染源となっている、もしくは他の豚舎で排泄されたウイルスを従業員等が媒介している可能性が考えられる。離乳直後は、乳汁免疫がなくなり、子豚自体の能動免疫も不十分であるため、豚の RV に対する感受性がもっとも高い時期と考えられる。そういった子豚が離乳舎に移動するたびに感染を受けることで、離乳舎を中心とした感染環が形成されていることが推察される。しかしながら、これは馴致用抗原の安定的な確保が可能であることも示唆しており、発生や終息によりウイルス量が増減しがちな分娩舎の糞便による馴致と比較して、対策の安定性と有効性は高いと考えられる。

対策後、1 度だけ RVA による本病の発生が確認されたが、これは平成 25 年の調査時には農場に存在しなかった、もしくは浸潤度の低い抗原性の株によるものと考えられた。こういった発生の予防は今後の課題ではあるが、馴致材料には以前と変わらず分娩舎の糞便が含まれているため、発生期間は最小限に抑えられると考えられる。

以上のことから、本対策法には、豚口タウウイルス病に対し、継続的に非常に高い被害低減効果が期待できる。ただし、馴致は、安全性の保証されたワクチンとは異なり、野外株の強制感染による免疫賦与である。すなわち、病原性株の拡散や豚へ障害等のリスクを伴い、他の病原体が馴致材料に混入する危険性もあるため、無条件にすべての農場で推奨できる対策ではない。馴致による対策の実施にあたっては、生産者とそのリスクについて十分に理解し、必ず獣医師の管理下で注意深く実施しなければならない。また、実施前には、RV 以外の病原体が馴致材料に含まれていないことを確認する必要がある。

#### 謝辞

稿を終えるにあたり、RV の遺伝子解析にご協力いただき、調査および対策にあたって貴重なご助言をいただきました、動物衛生研究所の鈴木亨主任研究員に深謝いたします。

#### 引用文献

- 1) Amimo JO *et al.*: Prevalence and genetic heterogeneity of porcine group C rotaviruses in nursing and weaned piglets in Ohio, USA and identification of a potential new VP4 genotype, *Vet Microbiol*, 164, 27-38 (2013)
- 2) Chang KO *et al.*: Reoviruses (Rotaviruses and Reoviruses), *Diseases of Swine*, Zimmerman JJ *et al* eds, 10th ed, 621-634, Wiley and Sons, USA (2012)
- 3) Fu ZF *et al.*: Group A rotavirus excretion patterns in naturally infected pigs, *Res*

- Vet Sci, 43, 297-300 (1987)
- 4 ) Fu ZF *et al.*: Detection and survival of group A rotavirus in a piggery, Vet Rec, 125, 576-578 (1989)
  - 5 ) Gouvea V *et al.*: Polymerase chain reaction amplification and typing of rotavirus nucleic acid from stool specimens, J Clin Microbiol, 28, 276-282 (1990)
  - 6 ) Janke BH *et al.*: Relative prevalence of typical and atypical strains among rotaviruses from diarrheic pigs in conventional swine herds, J Vet Diagn Invest, 2, 308-311 (1990)
  - 7 ) Katsuda K *et al.*: Frequency of enteropathogen detection in suckling and weaned pigs with diarrhea in Japan, J Vet Diagn Invest, 18, 350-354 (2006)
  - 8 ) Kuga K *et al.*: Genetic diversity and classification of the outer capsid glycoprotein VP7 of porcine group B rotaviruses, Arch Virol, 154, 1785-1795 (2009)
  - 9 ) Marthaler D *et al.*: Detection of substantial porcine group B rotavirus genetic diversity in the United States, resulting in a modified classification proposal for G genotypes, Virology, 433, 85-96 (2012)
  - 10 ) Miyazaki A *et al.*: Annual changes in predominant genotypes of rotavirus A detected in the feces of pigs in various developmental stages raised on a conventional farm, Vet Microbiol, 163, 162-166 (2013)
  - 11 ) Park SJ *et al.* : Cloning and further sequence analysis of the ORF3 gene of wild- and attenuated-type porcine epidemic diarrhea viruses, Virus Genes, 36, 95-104 (2008)
  - 12 ) Paton D *et al.*: Detection of transmissible gastroenteritis virus by RT-PCR and differentiation from porcine respiratory coronavirus, J Virol Methods, 66, 303-309 (1997)
  - 13 ) Suzuki T *et al.*: Analysis of genetic divergence among strains of porcine rotavirus C, with focus on VP4 and VP7 genotypes in Japan, Virus Res, 197, 26-34 (2015)
  - 14 ) Tsunemitsu H *et al.*: Sequence comparison of the VP7 gene encoding the outer capsid glycoprotein among animal and human group C rotaviruses, Arch Virol, 141, 705-713 (1996)
  - 15 ) 恒光裕: 豚口ウイルス病, 豚病学, 柏崎守ら編, 第4版, 271-277, 近代出版, 東京 (1999)
  - 16 ) Wang L *et al.* : Detection and genetic characterization of deltacoronavirus in pigs, Ohio, USA, 2014, Emerg Infect Dis, 20, 1227-30 (2014)
  - 17 ) Woode GN: Epizootiology of bovine rotavirus infection, Vet Rec, 103, 44-16 (1978)