

栃木県における豚トルクテノウイルスの 浸潤状況及び感染動態調査

米山州二^{1)†} 湯澤裕史¹⁾ 岡崎克美¹⁾ 宇佐美佳秀²⁾

1) 栃木県県央家畜保健衛生所 (〒321-0905 宇都宮市平出工業団地6-8)

2) 栃木県県南家畜保健衛生所 (〒328-0002 栃木市惣社町1439-20)

(2011年9月2日受付・2011年11月28日受理)

要 約

栃木県の豚群における豚トルクテノウイルス (TTV) の浸潤状況, 感染動態及び後向き調査を行った。2009年に採取した21農場201検体を用いた浸潤状況調査では, TTV1及びTTV2がすべての農場から検出され, 個体別の陽性率はそれぞれ77.6%, 56.2%であった。若齢豚の陽性率は月齢が進むに従い上昇傾向を示し, TTV1は5カ月齢 (97.7%), TTV2は3カ月齢 (91.7%) で最高値となった。繁殖豚の陽性率はTTV1がTTV2より高値で推移する傾向であった。3農場で実施した感染動態調査では, 衛生環境等とTTVの浸潤率に関係は認められなかった。後向き調査では, 1995年の検出率はTTV1が100%, TTV2が60.0%であり, 2008年まで高率に推移した。TTVは県内の豚群に広域かつ高率に浸潤し, 古くからまん延していたと考えられた。

—キーワード: 感染動態調査, 浸潤状況調査, 後向き調査, 豚トルクテノウイルス。

----- 日獣会誌 65, 271~277 (2012)

トルクテノウイルス (TTV) は, 直径30~32nmの小型球形粒子で, エンベロープを持たず, 豚サーコウイルス2型 (PCV2) と同様に環状1本鎖DNAをゲノムとして保有しており, 暫定的に *Anellovirus* 属に分類されている [1, 2]。本ウイルスは日本の輸血後肝炎患者から1997年に初めて発見されて以来 [3], 同様のウイルスが豚, 鳥類, 牛, 羊, 猫及び犬など, 多くの脊椎動物において種特異的に存在していることが報告されている [2, 4]。

人のTTVには数多くの遺伝子型が存在し [5], その遺伝学的多様性が示されている。豚に感染するTTVの遺伝子型は, これまでのところ, genotype 1 (TTV1) 及び genotype 2 (TTV2) に分類されており, 両者の全塩基配列の相同性は約45%程度である [2, 6]。TTVは, 豚の血清, 血漿, 精液, 鼻腔拭い液, 糞便, 初乳, 肺, リンパ節, 扁桃及び回腸などからPCR法により検出される [7-10]。本ウイルスの病原性については, TTV1をノトバイオート豚に単独感染させたところ, 間質性肺炎, 膜性糸球体腎炎, 一過性の胸腺萎縮などの病変が認

められたが, 臨床症状はまったく確認されなかったと報告されている [11]。しかし, 離乳後多臓器性発育不良症候群 (PMWS) の発症豚では, 非発症豚と比較してTTV2の感染率が有意に高いことや [12], ノトバイオート豚に対し, 複合感染としてTTV1を接種した後にPCV2を感染させたところ, 急性にPMWSを発症したこと [13], また, TTV1と豚繁殖・呼吸障害症候群ウイルス (PRRSV) を同時感染させると, 豚皮膚炎腎症候群 (PDNS) が再現されることなども報告されている [14]。このように, PCV2が一次的に作用して発現する疾病と考えられていた豚サーコウイルス関連疾病 (PCVAD) に, TTVが何らかの役割を担っていることが推測されている。

わが国では, 2009年, Tairaら [15] が16都道府県から集めたPMWSないし豚呼吸器複合病 (PRDC) の発症豚の血清を調べたところ, TTV1とTTV2はそれぞれ30%及び31%の陽性率を示し, 広範な地域に存在していることを報告した。しかし, 国内の健康豚を含めた浸潤率については報告がなく, 野外における詳細な疫学的

† 連絡責任者: 米山州二 (栃木県県央家畜保健衛生所)

〒321-0905 宇都宮市平出工業団地6-8

☎028-689-1274 FAX 028-689-1279

E-mail: yoneyamas01@pref.tochigi.lg.jp

な解析は行われていない状況である。そこで今回、栃木県内で飼養されている健康豚の血清からTTV 遺伝子を検出することで、浸潤状況、感染動態及び後向き調査を実施し、野外の豚群におけるTTVの疫学的情報を収集、解析したので概要を報告する。

材料及び方法

供試血清及び調査項目：県内10市町の一貫経営21農場から2009年に採取した血清のうち、飼養ステージ別となるよう選択した1～5カ月齢の肥育豚138頭と1～9産の繁殖豚63頭の計201検体を用いて、TTVの浸潤状況や月齢及び産歴別における陽性率を調査した。また、各農場におけるオーエスキー病ウイルス(ADV)及びPRRSVの浸潤状況調査には、それぞれ市販のキット(ADV (gI) エリーザキット, IDEXX laboratories, 東京及びPRRS エリーザキット, IDEXX laboratories, 東京)を用いた抗体検査により実施した。飼養環境及び衛生状況の異なる県内3農場を選定し、飼養ステージ別に採取した血清計124検体(A農場:40検体, B農場:30検体, C農場:54検体)を用い、TTVの詳細な感染動態調査を実施した。なお、各農場におけるPCV2の遺伝子型別は、Lyooら[16]の報告に準じてNested-PCRにより実施し、ADVとPRRSVの抗体検査は上述のELISAキットを用いた。さらに、県内の豚群へのTTVの侵入時期を特定するため、1995～2008年(1998, 1999年を除く)に採取した約150日齢の肥育豚血清130検体を無作為に抽出し、後向き調査を行った。

PCR法によるTTV遺伝子の検出：DNAは、血清200μlから市販のキット(QIAamp DNA mini kit, QIAGEN社, 東京)を用いて抽出し、使用まで-20℃で保存した。PCR法はSegalésら[17]が報告した、TTV遺伝子のnon-coding region (250 bases)を標的とするTTV1及びTTV2にそれぞれ特異的なプライマーペアを採用し、DNAポリメラーゼ試薬(Red Taq® ready mix PCR reaction mix, SIGMA-Aldrich, U.S.A.)を使用した。遺伝子の増幅はGeneAmp® PCR System 9700, Applied biosystems (Life technologies Japan, 東京)を用い、反応条件はKekarainenら[18]の報告に準じた。増幅されたPCR産物は、2.0% TBE-アガロースゲルで電気泳動した。

Non-coding regionの塩基配列決定及び分子系統学的解析：PCR法で検出した産物から、両遺伝子型3検体ずつ計6検体(TC67, TC68, TC85, TC109, TC144, TC159)を無作為に抽出し、市販のキット(QIAquick Gel Extraction kit, QIAGEN社, 東京)により核酸を精製した。シークエンス反応は、Big Dye Terminator v3.1 (Applied biosystems, Life technologies Japan, 東京)を用いて実施した。シークエンス反

表1 供試農場の飼養豚におけるTTV1, TTV2, ADV及びPRRSVの浸潤状況

農場	飼養頭数	検体数	TTV1 (%)	TTV2 (%)	オーエスキー病(AD)*1	PRRS*2
a	1,500	9	55.6	44.4	+	+
b	1,000	13	61.5	38.5	+	+
c	2,200	11	100	45.5	+	+
d	2,500	8	87.5	75.0	+	+
e	1,600	14	78.6	35.7	+	+
f	3,300	10	80.0	60.0	+	+
g	3,300	8	75.0	62.5	-	+
h	4,000	10	70.0	50.0	-	+
i	3,000	14	57.1	57.1	-	+
j	8,000	7	100	57.1	-	+
k	1,000	9	100	88.9	-	+
l	900	7	100	100	-	+
m	2,000	9	55.6	66.7	-	+
n	600	6	50.0	50.0	-	+
o	2,500	12	83.3	58.3	-	+
p	1,300	13	69.2	30.8	-	+
q	800	7	85.7	71.4	-	+
r	160	9	77.8	77.8	-	-
s	1,500	9	88.9	62.5	-	-
t	1,100	7	85.7	71.4	-	-
u	3,300	9	88.9	33.3	-	-

*1 飼養豚においてADVの野外抗体が認められる農場を+とした

*2 飼養豚にELISA抗体が認められる場合、+とした

応の産物はAutoSeq G-50 (GE Healthcare, U.K.)を用いて余剰の標識dNTPsを除去した後、ABI PRISM® 310 genetic analyzer (Applied biosystems, Life technologies Japan, 東京)で分析することで、その塩基配列を決定した。得られた塩基配列は、フリーソフトのMEGA4 (URL: <http://www.megasoftware.net/mega4/mega.html>)で整列化し、GenBankから収集した既知のTTV遺伝子とともにNeighbor-joining法により分子系統樹を作成した。また、各塩基配列の相同性は、GENETYX ver. 6.1 (Genetyx, 東京)を用いて解析した。

成績

21農場におけるTTV調査：県内21農場を調査したところ、すべての農場でTTV1及びTTV2が検出され、農場別の陽性率はTTV1が50.0～100%、TTV2が30.8～100%であった。なお、ADV及びPRRSVの陽性農場と陰性農場間でTTVの陽性率の変動は認められなかった(表1)。個体別の陽性率は、TTV1が77.6% (156/201検体)、TTV2が56.2% (113/201検体)であり、両遺伝子型が検出されたのは46.3% (93/201検体)であった(表2)。肥育豚では両遺伝子型とも1～2カ月齢の幼齢期に著しく陽性率が上昇する傾向が認めら

表2 肥育豚及び繁殖豚におけるTTV1, TTV2の陽性率

	月齢	検体数	陽性率 (%)		
			TTV1	TTV2	TTV1+TTV2
肥育豚	1	9	33.3	0	0
	2	23	60.9	56.5	30.4
	3	36	75.0	91.7	72.2
	4	27	85.2	81.5	66.7
	5	43	97.7	81.4	79.1
計		138	79.0	74.6	61.6
繁殖豚	産歴				
	1-2	15	95.2	28.6	28.6
	3-4	18	68.4	5.3	5.3
	5-6	13	64.3	7.1	7.1
	7-9	7	55.6	22.2	0
計		63	74.6	15.9	12.7
合計		201	77.6	56.2	46.3

表3 感染動態調査を実施したA, B及びC農場の概要

農場	飼養頭数	AD ^{*1}	PRRS ^{*2}	PCV2		事故率等
				ワクチン接種	検出遺伝子型	
A	3,300	+	-	母豚+子豚	検出されず	低い
B	3,100	+	+	母豚	2a	低い
C	1,300	-	+	なし	2a+2b	高い ^{*3}

- *1 飼養豚においてADVの野外抗体が認められる農場を+とした
- *2 PRRSVワクチンの未接種農場であり、飼養豚にELISA抗体が認められた場合+とした
- *3 離乳後で10%以上の事故率、病性鑑定では発育不良豚がPCVADと診断されている

表4 A, B及びC農場飼養豚におけるTTV1, TTV2の陽性率

農場	用途	検体数	陽性率 (%)	
			TTV1	TTV2
A	肥育豚	30	80.0	76.7
	繁殖豚	10	90.0	20.0
B	肥育豚	20	80.0	75.0
	繁殖豚	10	80.0	10.0
C	肥育豚	46	65.2	67.4
	繁殖豚	8	75.0	0

れ、2カ月齢ではTTV1が60.9%, TTV2が56.5%を示した。その後も月齢が進むにつれ陽性率が高くなる傾向となり、TTV1は5カ月齢、TTV2は3カ月齢で最高値となり、それぞれ97.7%, 91.7%を示した。繁殖豚では1~2産でTTV1が95.2%, TTV2が28.6%と、遺伝子型間に陽性率の大きな差が認められ、その後もTTV1はTTV2よりも高い値で推移した(表2)。

県内3農場における感染動態調査：各農場の採材時における飼養状況及び衛生状況の概要を表3に示した。

表5 後向き調査結果

年	検査頭数	陽性率 (%)	
		TTV1	TTV2
1995	5	100	60.0
1996	5	100	60.0
1999	5	100	80.0
2000	5	100	40.0
2001	5	100	60.0
2002	15	86.7	53.3
2003	15	86.7	86.7
2004	15	93.3	73.3
2005	15	100	86.7
2006	15	93.3	93.3
2007	15	100	60.0
2008	15	80.0	66.7

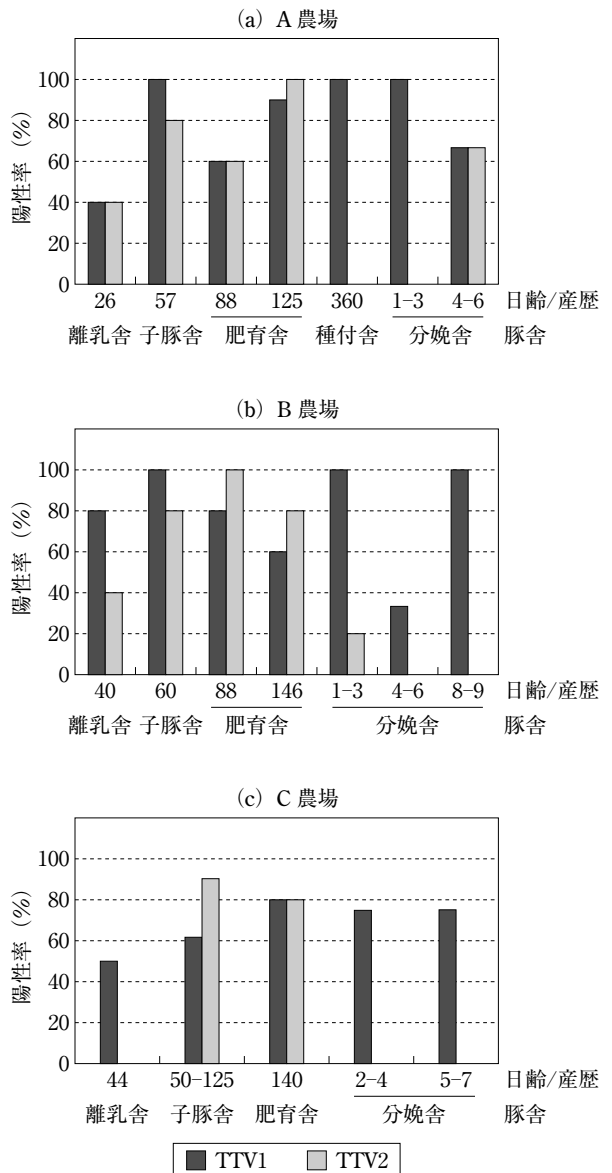


図1 A, B及びC農場の飼養豚におけるTTVの感染動態調査結果

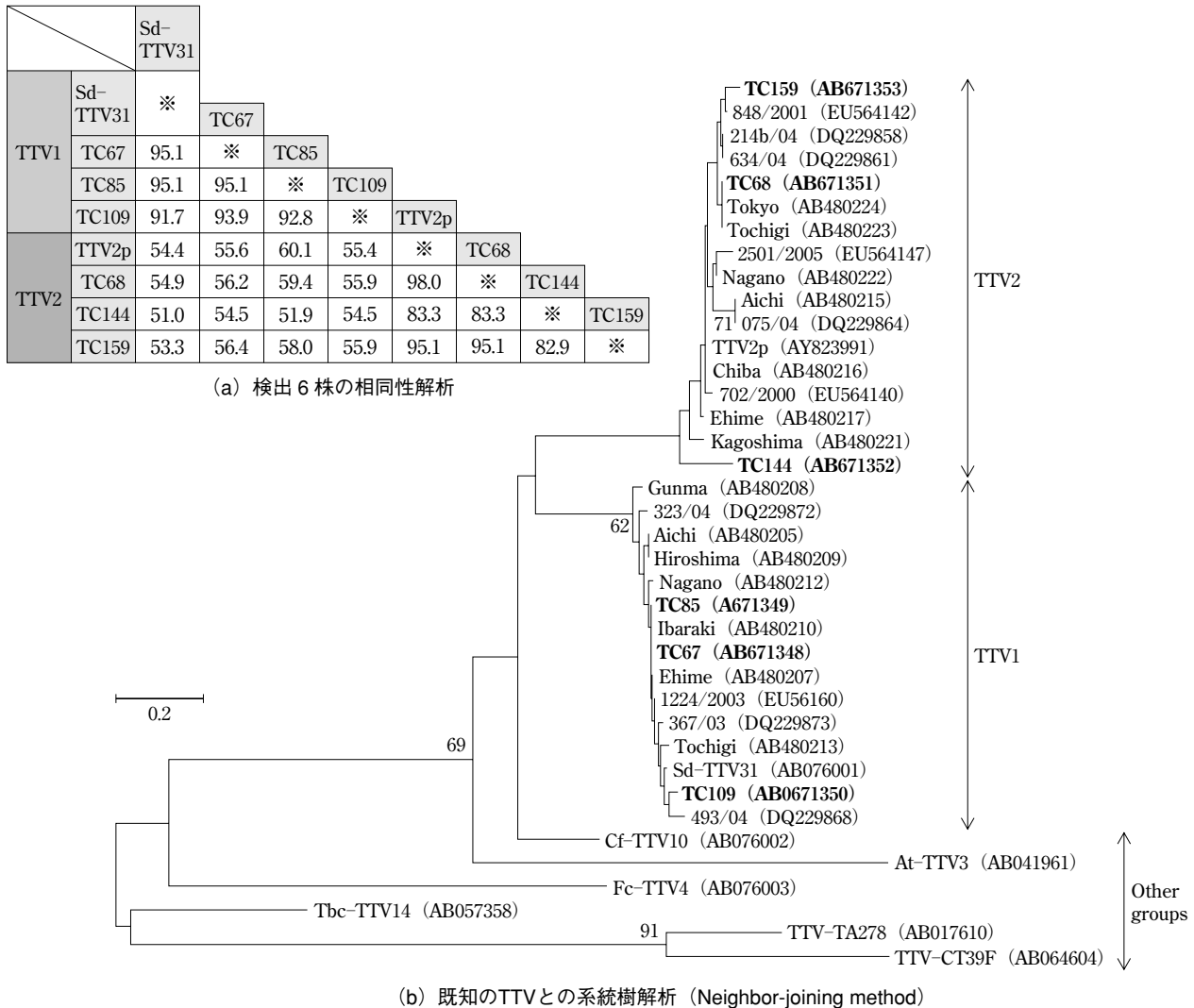


図2 non-coding region の塩基配列を特定した6株の相同性解析及び既知 TTV 株との系統樹解析

(b) 豚由来株のうち、Sd-TTV31及びTTV2pは標準株、ボールド体は今回の検出株、都道府県名はTairaら [15] が解析した日本検出株、その他はスペイン検出株である。

Other groupsのうち、Cf-TTV10は犬、At-TTV3はヨザル、Fc-TTV4は猫、Tbc-TTV14はツパイ、TTV-TA278及びTTV-CT39Fは人由来の株である。

Bootstrap valueは50%以上のものを示す。

PCV2のPCR法を実施した結果、A農場では全検体から特異遺伝子は検出されなかった。B農場では肥育後期に検出され、遺伝子型は2aのみであった。C農場では2カ月齢以降の多くの検体から特異遺伝子が検出され、遺伝子型は2a及び2bが確認された。なお、C農場については、2～3カ月齢の肥育豚で事故率が高く、病性鑑定でPCVADと診断されていた。各農場において飼養ステージ別にTTV調査を実施したところ、いずれの農場でも明瞭な感染動態の違いは認められず、肥育豚では、月齢が進むにつれ両遺伝子型の陽性率が上昇する傾向が認められ、約2～4カ月齢で最高値に達し、繁殖母豚ではTTV2よりTTV1が高い陽性率で推移することが示された(図1)。各農場の肥育豚及び繁殖母豚におけるTTV

の陽性率は、農場事故率の高低に関わらず、有意差は認められなかった(表4)。

後向き調査：1995～2008年に採取した肥育豚血清を用いた後向き調査の結果を表5に示した。1995年に採取した血清からは、TTV1が100%、TTV2が60.0%といずれも高率に検出されており、その後、2008年に至るまでTTV1は80.0～100%、TTV2は40.0～93.3%と高い陽性率で推移した。

分子系統樹解析及び相同性解析：TTV遺伝子のnon-coding regionについて分子系統樹解析を実施したところ、TTV1及びTTV2は異なる2つのクラスターを形成し、これらは、人や他の哺乳類由来のTTVとは明瞭に区別された(図2)。今回の調査で検出された株は、Taira

ら [15] が報告した国内のPMWS等の発症豚由来株や海外検出株と混在しており、これらの株間に系統学的な差は認められなかった。今回の調査で検出した株と標準株のnon-coding regionにおける塩基配列の相同性は、TTV1であるSd-TTV31 (AB076001)と検出株間で91.7～95.1%、TTV2であるTTV2p (AY823991)と検出株間で83.3～98.0%を示した。また、今回検出した株間における塩基配列の相同性は、TTV1の3株で91.7～95.1%、TTV2の3株で82.9～98.0%を示し、異なる遺伝子型間では51.0～60.1%であった (図2)。

考 察

県内21農場におけるTTVの浸潤状況調査を実施したところ、TTV1及びTTV2が全農場から検出され、個体別でもTTV1が77.6%、TTV2が56.2%と高い陽性率を示したことから、TTVは県内の豚群に広域かつ高率に浸潤していることが示唆された。これまでの報告では、TTV1はカナダ、中国、フランス、イタリア、スペイン、タイ及びアメリカで飼養される豚の血清から認められており、陽性率は24～100%であった [7, 12, 19, 20]。一方、TTV2は、スペインの調査で77%の豚血清から遺伝子が検出されたと報告されている [12]。Tairaら [15] は国内の豚群における浸潤状況調査で、TTV1が30%、TTV2が31%の陽性率を示したと報告しており、今回の調査とは大きく異なる結果であった。この原因について、TTVの浸潤度には地域差が生じることが考えられる。事実、野生イノシシにおける調査ではあるが、スペイン国内の地域間で陽性率の変動を認めたとの報告がある [21]。今回の調査は栃木県内の飼養豚であり、限られた地域を対象としていたことから、この原因の追及にはさらに広範あるいは異なる地域での調査が必要と考えられた。

肥育豚の月齢別における陽性率の結果から、半数以上の豚が約2カ月齢までにTTV1及びTTV2に感染することが判明し、飼養ステージでは子豚舎に移動するまでに多くの豚が本ウイルスに感染しているものと推測された。また、両遺伝子型の陽性率は、幼齢期から月齢が進むにつれ上昇し、TTV1は5カ月齢、TTV2は3カ月齢で最高値となり、これらの時期には、ほぼすべての豚が水平感染を受け、ウイルス血症を呈していることが判明した。このことから、豚はTTV1及び2に持続感染しているものと思われた。繁殖母豚の産歴別の調査結果では、1～2産の若齢母豚のTTV1とTTV2の陽性率に大きな差が認められ、3産以降においてもTTV1はTTV2より高値で推移した。1カ月齢の肥育豚におけるTTV1及びTTV2の陽性率はそれぞれ33.3%、0%であったことも考慮すると、少なくともTTV1は繁殖母豚から子豚へ垂直感染する可能性が考えられた。一方、繁殖母豚群

におけるTTV2の陽性率は、肥育豚と比較して低値で推移する傾向であり、何らかの機序により体内から排除される傾向が疑われ、ウイルス血症の持続期間はTTV1よりも短期間であると推測された。TTVのウイルス血症の持続期間について、Sibilaら [22] は同一豚を経時的に調査したところ、ウイルス血症は、TTV1が15週間、TTV2が8週間程度持続したと報告している。

飼養環境及び衛生状況の異なる3農場を調査した結果、いずれの農場もほぼ同様の感染動態を示しTTVの陽性率と農場事故率に相関は認められず、ほとんどの飼養ステージでTTVが検出された。Martelliら [19] も、飼養規模やバイオセキュリティステータスとTTVの陽性率に関連性はなかったと報告しており、同様の成績であった。

後向き調査では1995年に採取した肥育豚血清からTTV1及びTTV2が高率に検出された。このことから、少なくとも16年前には栃木県内の豚群にTTVが浸潤していたことが示唆された。なお、スペインの飼養豚で実施された後向き調査では、TTVは1985年の豚血清からも検出されており、古くから国内外の豚群にまん延していたウイルスであったと考えられた [17]。

TTV遺伝子のnon-coding regionについて分子系統樹解析を実施したところ、健康畜由来株とPCVADなどの発症豚由来株に系統学的な差は認められなかった。なお、相同性解析において、今回検出したTTV2間で一致率が最も低い値を示した株 (TC144) は、領域内に11塩基の挿入が認められており、同様の変異株はスペイン及びドイツなどでも確認されている [17, 23]。

今回の調査では、栃木県内の豚群におけるTTVの浸潤状況や月齢及び産歴別の陽性率の変動を明らかにすることができた。TTVは健康豚においても高い陽性率を示し、農場の飼養環境や衛生状況に関連なく、古くから豚群に常在していたことが示唆され、少なくとも本ウイルスが単独で養豚衛生に与える影響はほとんどないと推測された。しかし、本調査ではTTVとPCVADとの関連性については言及するには至らなかったことから、今後も本ウイルスの病原因子としての役割を解明していきたい。

引用文献

- [1] Itoh Y, Takahashi M, Fukuda M, Shibayama T, Ishikawa T, Tsuda F, Tanaka T, Nishizawa T, Okamoto H : Visualization of TT virus particles recovered from the sera and feces of infected humans, *Biochem Biophys Res Commun*, 279, 718-724 (2000)
- [2] Okamoto H, Takahashi M, Nishizawa T, Tawara A, Fukai K, Muramatsu U, Naito Y, Yoshikawa A : Genomic characterization of TT viruses (TTVs) in pigs, cats and dogs and their relatedness with

- species-specific TTVs in primates and tupaia, *J Gen Virol*, 83, 1291-1297 (2002)
- [3] Nishizawa T, Okamoto H, Konishi K, Yoshizawa H, Miyakawa Y, Mayumi M : A novel DNA virus (TTV) associated with elevated transaminase levels in post-transfusion hepatitis of unknown etiology, *Biochem Biophys Res Commun*, 241, 92-97 (1997)
- [4] Leary TP, Erker JC, Chalmers ML, Desai SM, Mushahwar IK : Improved detection systems for TT virus reveal high prevalence in humans, non-human primates and farm animals, *J Gen Virol*, 80, 2115-2120 (1999)
- [5] Peng YH, Nishizawa T, Takahashi M, Ishikawa T, Yoshikawa A, Okamoto H : Analysis of the entire genomes of thirteen TT virus variants classifiable into the fourth and fifth genetic groups, isolated from viremic infants, *Arch Virol*, 147, 21-41 (2002)
- [6] Niel C, Diniz-Mendes L, Devalle S : Rolling-circle amplification of torque teno virus (TTV) complete genomes from human and swine sera and identification of a novel swine TTV genogroup, *J Gen Virol*, 86, 1343-1347 (2005)
- [7] Bigarré L, Beven V, de Boissésion C, Grasland B, Rose N, Biagini P, Jestin A : Pig anelloviruses are highly prevalent in swine herds in France, *J Gen Virol*, 86, 631-635 (2005)
- [8] Brassard J, Gagné MJ, Lamoureux L, Inglis GD, Leblanc D, Houde A : Molecular detection of bovine and porcine torque teno virus in plasma and feces, *Vet Microbiol*, 126, 271-276 (2008)
- [9] Kekarainen T, López-Soria S, Segalés J : Detection of swine torque teno virus genogroups 1 and 2 in boar sera and semen, *Theriogenology*, 68, 966-971 (2007)
- [10] Martínez-Guinó L, Kekarainen T, Segalés J : Evidence of torque teno virus (TTV) vertical transmission in swine, *Theriogenology*, 71, 1390-1395 (2009)
- [11] Krakowka S, Ellis JA : Evaluation of the effects of porcine genogroup 1 torque teno virus in gnotobiotic swine, *Am J Vet Res*, 69, 1623-1629 (2008)
- [12] Kekarainen T, Sibila M, Segalés J : Prevalence of swine Torque teno virus in post-weaning multisystemic wasting syndrome (PMWS)-affected and non-PMWS-affected pigs in Spain, *J Gen Virol*, 87, 833-837 (2006)
- [13] Ellis JA, Allan G, Krakowka S : Effect of coinfection with genogroup 1 porcine torque teno virus on porcine circovirus type 2-associated postweaning multisystemic wasting syndrome in gnotobiotic pigs, *Am J Vet Res*, 69, 1608-1614 (2008)
- [14] Krakowka S, Hurtunian C, Hamberg A, Shoup D, Rings M, Zhang Y, Allan G, Ellis JA : Evaluation of induction of porcine dermatitis and nephropathy syndrome in gnotobiotic pigs with negative results for porcine circovirus type 2, *Am J Vet Res*, 69, 1615-1622 (2008)
- [15] Taira O, Ogawa H, Nagao A, Tuchiya K, Nunoya T, Ueda S : Prevalence of swine torque teno virus genogroups 1 and 2 in Japanese swine with suspected post-weaning multisystemic wasting syndrome and porcine respiratory disease complex, *Vet Microbiol*, 139, 347-350 (2009)
- [16] Lyoo KS, Kim HB, Joo HS : Evaluation of a nested polymerase chain reaction assay to differentiate between two genotypes of porcine circovirus-2, *J Vet Diagn Invest*, 20, 283-288 (2008)
- [17] Segalés J, Martínez-Guinó L, Cortey M, Navarro N, Huerta E, Sibila M, Pujols J, Kekarainen T : Retrospective study on swine torque teno virus genogroups 1 and 2 infection from 1985 to 2005 in Spain, *Vet Microbiol*, 134, 199-207 (2009)
- [18] Kekarainen T, Martínez-Guinó L, Segalés J : Swine torque teno virus detection in pig commercial vaccines, enzymes for laboratory use and human drugs containing components of porcine origin, *J Gen Virol*, 90, 648-653 (2009)
- [19] Martelli F, Caprioli A, Di Bartolo I, Cibin V, Pezzotti G, Ruggeri FM, Ostanello F : Detection of swine torque teno virus in Italian pig herds, *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health*, 53, 234-238 (2006)
- [20] McKeown NE, Fenaux M, Halbur PG, Meng XJ : Molecular characterization of porcine TT virus, an orphan virus, in pigs from six different countries, *Vet Microbiol*, 104, 113-117 (2004)
- [21] Martínez-Guinó L, Kekarainen T, Sibila M, Ruiz-Fons F, Vidal D, Gortázar C, Segalés J : Torque teno virus (TTV) is highly prevalent in the European wild boar (*Sus scrofa*), *Vet Microbiol*, 118, 223-229 (2006)
- [22] Sibila M, Martínez-Guinó L, Huerta E, Llorens A, Mora M, Grau-Roma L, Kekarainen T, Segalés J : Swine torque teno virus (TTV) infection and excretion dynamics in conventional pig farms, *Vet Microbiol*, 139, 213-218 (2009)
- [23] Gallei A, Pesch S, Easking WS, Keller C, Ohlinger VF : Porcine torque teno virus : determination of viral genomic loads by genogroup-specific multiplex rt-PCR, detection of frequent multiple infections with genogroups 1 or 2, and establishment of viral full-length sequences, *Vet Microbiol*, 143, 202-212 (2010)

Prevalence and Infection Dynamics of Swine Torque Teno Virus (TTV)
in Pig Herds in Tochigi Prefecture

Shuji YONEYAMA*†, Hirofumi YUZAWA, Katsumi OKAZAKI and Yoshihide USAMI

* *Central Animal Hygiene Service Center of Tochigi Prefecture, 6-8 Hiraide Kougyo-danchi, Utsunomiya, 321-0905, Japan*

SUMMARY

We report on the prevalence, infection dynamics, and retrospective study of swine torque teno virus (TTV) in pig herds in Tochigi Prefecture. The detection of TTV1 and TTV2 from pig serum was performed with the PCR method using primer pairs specific for each genogroup. A total of 201 sera from 21 farms in 2009 were examined, and the prevalence rates of TTV1 and TTV2 were 77.6% and 56.2%, respectively. In the piglets, infection rates of TTV1 and TTV2 showed a tendency to increase with each month, with the highest percentages at 5 months old (97.7%) and 3 months old (91.7%), respectively. In sows, TTV1 was consistently more prevalent than TTV2. No relationship between the prevalence of TTV infection and herd size, general health, or biosecurity status was observed for the three farms studied for infection dynamics. A retrospective study revealed that TTVs were already widespread in 1995, suggesting that the virus was previously introduced into the pig population in Tochigi Prefecture.

— Key words : infection dynamics, prevalence, retrospective study, swine torque teno virus.

† *Correspondence to : Shuji YONEYAMA (Central Animal Hygiene Service Center of Tochigi Prefecture)*

6-8 Hiraide Kougyo-danchi, Utsunomiya, 321-0905, Japan

TEL 028-689-1274 FAX 028-689-1279 E-mail : yoneyamas01@pref.tochigi.lg.jp

— *J. Jpn. Vet. Med. Assoc.*, 65, 271 ~ 277 (2012)
