ナバックレター
養豚版Vol.164
2026.8.19
日生研株式会社
ナバックレター・サービス事務局　TEL：0120-789-723　FAX：0120-789-599

PRRSウイルス分類の新たな「物差し」：クラスター分類からLineage（リネージ）分類への転換

日生研株式会社
平　修

はじめに：日本のPRRS対策を支えた「クラスター分類」

PRRSウイルス（PRRSV）が1993年に国内で初めて分離されて以来、本病は日本の養豚産業において最大の経済的損失要因の一つであり続けています。この変異しやすいウイルスを理解し、対策を講じるための「共通言語」として長らく使用されてきたのが、2005年に提唱された「クラスター分類（Ⅰ～Ⅴ）」です（参考文献1）。ORF5遺伝子配列に基づくこの日本独自の分類法は、当時の国内流行状況を明確に反映しており、臨床現場、生産者、研究者の間で広く定着しました。しかし、提唱から約20年が経過し、ウイルスの進化と多様化が進んだ現在、この「日本独自の物差し」だけでは捉えきれない新たな課題が浮き彫りになってきました。

クラスター分類の限界：巨大化する「クラスターⅣ」のブラックボックス化

転換点は2008年、北米の強毒株（MN184A）に類似したクラスターⅣ株が国内で初めて確認されたことでした。その後、クラスターⅣは急速に拡大し、近年の調査では国内の主要な流行株となっています。問題は、クラスター法による分類が、遺伝的に多様なウイルス群をひとまとめにする「大きな箱」になってしまっている点です。

例えば、2022年に沖縄県で確認された、国際的に警戒される強毒タイプ「NADC34類似株」も、関東地方で蔓延している別のタイプも、従来の分類では同じ「クラスターⅣ」になってしまいます。「クラスターⅣが増えている」という情報だけでは、それが「従来のタイプ」なのか「新規の危険なタイプ」なのか、リスクの判別がつかなくなっているのです（参考文献2）。

世界の共通言語「Lineage（リネージ）」による解像度の向上

この「解像度不足」を解決するために現在用いられている国際標準が、「Lineage（リネージ）分類」です（参考文献3）。従来の「クラスターⅣ」という大きな箱の中身を、この「新しい共通の物差し」で分析し直すと、実は全く異なるタイプであることが明確になります。

・沖縄のNADC34類似株→Lineage 1A（L1A）
・関東の流行株→Lineage 1B（L1B）

このように、全世界のPRRSVをLineage 1～11（さらに詳細なサブ分類）に分けることによって、より解像度の高い分析が可能です。

表. クラスター分類とLineage分類の対応

クラスター分類	Lineage分類	備考
クラスターⅠ	Lineage 8 (L8) Lineage 9 (L9)	フォステラ PRRS生ワクチン株に類似
クラスターⅡ	Lineage 5 (L5)	インゲルバック PRRS生ワクチン株に類似
クラスターⅢ	Lineage 4 (L4)	日本固有の株
クラスターⅣ	Lineage 1 (L1)	最も多様で、強毒株を含む要注意グループ

最新知見：日本国内におけるLineage分類

最新の研究報告によると、2020年から2023年にかけて、国内のPRRSVの勢力図は劇的に変化しています（参考文献4）。

1. かつて主流だった日本固有株（L4 / クラスターⅢ）が減少し、代わってLineage 1（L1 / 旧クラスターⅣ）が爆発的に拡大しています。2020年には約8%だった検出率が、2023年には55%を超え、過半数を占めるに至りました（図1）。

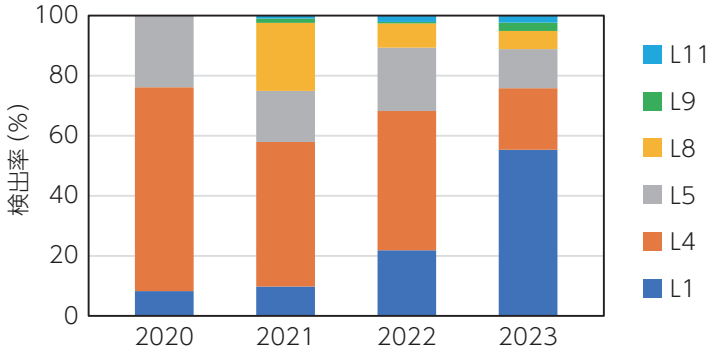

図1．2020-2023年に日本国内で検出されたPRRSV-2のLineage構成比

2. 地域による「顔つき」の違い；L1の中身（Sub-lineage）を見ると、地域差が明らかです（図2）。

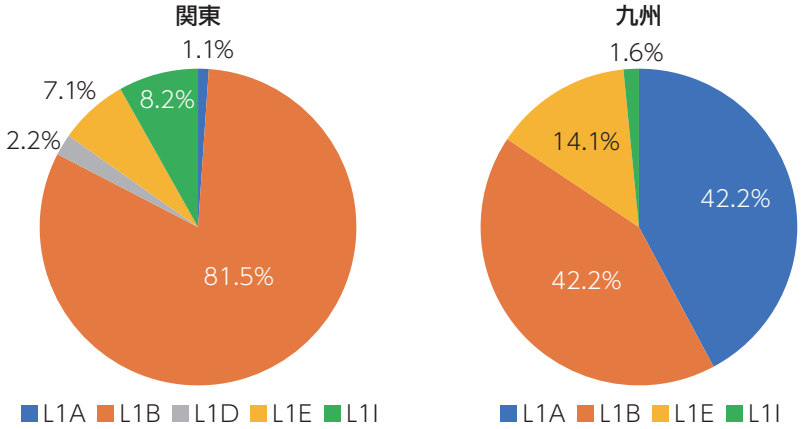

図2．地域別Lineage1サブリネージ構成比

○ 関東：「L1B」という特定のタイプが80%以上を占め、圧倒的に優勢です。
○ 九州：「L1A（NADC34-like）」、「L1B」、「L1E」などが混在し、県ごとに異なる株が定着するモザイク状の分布を示しています。

3. ワクチン由来株の確認；Lineage 5（旧クラスターⅡ）とLineage 8（旧クラスターⅠ）として検出されるウイルスの大部分は、遺伝子解析の結果、生ワクチン類似株に由来することがわかりました。

まとめ：精密なリスク評価と対策の再構築へ

これからのPRRS対策において重要なのは、クラスターという大まかな分類に頼らず、「Lineage 1の何なのか（L1AなのかL1Bなのか）」まで突き止める解像度の高さが必要になってきます。地域によって流行しているLineageのサブタイプが異なる現在、農場ごとの正確なリスク評価を行い、「新しい共通の物差し」へと認識をアップデートする必要があります。

【参考文献】

1. Yoshii, M. et al. Genetic variation and geographic distribution of porcine reproductive and respiratory syndrome virus in Japan. *Arch. Virol*. 150, 2313–2324 (2005).
2. Yonezawa, Y.et al. First detection of NADC34-like porcine reproductive and respiratory syndrome virus strains in Japan. *J. Vet. Med. Sci*. 87, 110–114 (2025).
3. Yim-im, W. et al. Refining PRRSV-2 genetic classification based on global ORF5 sequences and investigation of their geographic distributions and temporal changes. *Microbiol. Spectr*. 11, e02916-23 (2023).
4. Takai, R. et al. Spatiotemporal distribution and genetic characteristics of porcine reproductive and respiratory syndrome virus-2 lineage 1 in Japan from 2020 to 2023. *Res. Vet. Sci*. 106025 (2025).