

令和4年度厚生労働科学研究費補助金（食品の安全確保推進研究事業）

「野生鳥獣由来食肉の食中毒発生防止と衛生管理ガイドラインの改良に資する研究」
総括研究報告書

研究代表者	前田 健	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究分担者	朝倉 宏	(国立医薬品食品衛生研究所・食品衛生管理部)
研究分担者	宇根 有美	(岡山理科大学・獣医学部)
研究分担者	壁谷 英則	(日本大学・生物資源科学部)
研究分担者	杉山 広	(国立感染症研究所・寄生動物部)
研究分担者	鈴木 康規	(北里大学・獣医学部)
研究協力者	Milagros Virherz Mendoza	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	立本 完吾	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	奥谷 晶子	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	松鶴 彩	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	石嶋 慧多	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	平良 雅克	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	山本 つかさ	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	黒田 雄大	(国立感染症研究所・獣医科学部)
研究協力者	森嶋康之	(国立感染症研究所・寄生動物部)
研究協力者	村上正樹	(国立感染症研究所・寄生動物部)
研究協力者	常盤俊大	(日本獣医生命科学大学・獣医学部)
研究協力者	石井 香菜	(日本大学生物・資源科学部)
研究協力者	鈴木 綾乃	(日本大学生物・資源科学部)
研究協力者	田中 裕梨	(日本大学生物・資源科学部)
研究協力者	大津 千尋	(日本大学生物・資源科学部)
研究協力者	鶴見 柚葉	(日本大学生物・資源科学部)
研究協力者	山崎 晴香	(日本大学生物・資源科学部)
研究協力者	嘉手苺 将	(岡山理科大学・獣医学部)
研究協力者	高井伸二	(北里大学・獣医学部)
研究協力者	安藤匡子	(鹿児島大学・共同獣医学部)

研究要旨：

1) E型肝炎ウイルス、SFTSウイルス、SARS-CoV-2ウイルスのイノシシとシカにおける感染状況を調査し、食肉からの感染、捕獲時・解体時における感染リスクが明らかになりつつある。2) シカ糞便18検体(12.9%)、イノシシ糞便1検体(2.3%)、食肉21検体(28.0%)から黄色ブドウ球菌が分離された。処理工程における流通食肉への糞便汚染が疑われた。全257検体においてCREは分離されなかった。セフトキシムに耐性を示す株が、シカ糞便5検体(3.6%)から分離されたが、現時点では、野生獣が保有する株を原因とする薬剤耐性菌感染症の発生リスクは低いと予測される。3) アナプラズマ科細菌がヤクシカから高率に検出されたが、マダニからは検出されなかった。マダニからはマダニ共生菌と考えられるリケッチア科およびコクシエラ科細菌が検出された。アナグマからは、マダニ共生菌が血液からのみ検出され、脾臓からは検出されず、病原性のないリケッチアが一時的に血液中に存在する可能性が示された。ニホンザルからは特定できる細菌は検出されなかった。4) わが国で発生した旋毛虫食中毒の原因 *Trichinella* T9の幼虫に対し、65°Cで15分間の加熱を施し、マウスに経口摂食させたところ、感染性は消失した。北海道で捕獲された236頭のヒグマのうち6頭から、また北東北で捕獲された117頭のツキノワグマのうち1頭(岩手県)から、旋毛虫の幼虫が検出され、検出虫体は総て日本固有種の *Trichinella* T9と同定された。秋田県で捕獲されたイノシシ10頭についても、舌を対象に同様の検査を実施したが、旋毛虫は総て陰性であった。5) カラーアトラスの素材としてイノシシ、シカの臓器・組織のみならず、食肉衛生検査で摘発される豚、牛の共通疾患・病変をも採用してビジュアル的に理解しやすいようにした。今までに収集した検体数はイノシシおよびシカ延べ105件、2022年単年度で牛、豚および羊約300病変を収集・検査してカラーアトラス素材とした。これらの素材を用いて、カラーアトラス詳細版のサンプルを作成するとともに、簡易版カラーアトラスを作成した。なお、以上の活動過程で見出した特徴的病変の病理発生の解明の作業を継続した。6) 「剥皮」と「内臓摘出」の作業順別では鹿において、「屋外」で処理されたものは、高度に一般細菌が検出される傾向があること、鹿、猪ともに、剥皮時に「のせ台」を用いた場合には、懸吊する場合に比べ、一般細菌が多く検出されること、「ウィンチ」と「手剥ぎ」では同程度の細菌汚染があること、が示された。野生鳥獣肉処理施設で処理された鹿、猪各1頭について、各処理工程における作業員、器具、と体等から拭き取りを行い、細菌叢解析を実施した結果、剥皮後、内臓摘出後、解体後などの作業員の手指やナイフから高度な細菌汚染が認められた。また、表皮洗浄による細菌減少効果は限定的であること、などが明らかとなった。熟成肉では、一般細菌数が増加するものの、大腸菌群・大腸菌は低下する傾向があること、わが国でインターネットにて市販されている野生鹿肉のうち一部の施設で販売されていたものにおいて極めて高度に細菌汚染をしているものがあること、が確認された。7) 1施設由来のアナグマ食肉製品からサルモネラが検出されたほか、高い腸内細菌科菌群数が検出されたアナグマ食肉製品では phylogroup B2 に属する非定型腸管病原性大腸菌(aEPEC)の汚染を受けている実態を把握した。また、ジビエ生ハム製造に関する調査を開始し、塩蔵工程では温度及び塩分濃度の管理等が微生物制御に重要であることを示す知見を得た。このほか、カモ盲腸便からカンピロバクター及び aEPEC が検出され、同食肉製品における当該病原細菌探索を開始した。

A. 研究目的

ニホンジカとイノシシの生息数が過去30年間にそれぞれ9倍、3.5倍と急速に増加し、被害額として数字に表れる以上に農山漁村に深刻な影響を及ぼしている。わが国では捕獲鳥獣の利活用の推進を図るため、鳥獣被害防止特措法の改正(H28年)、食品衛生法の一部改正(H30年)を行ったほか、R2年には「野生鳥獣肉の衛生管理に関する指針」を一部改正し、一般衛生管理措置に加え、1) 解体処理施設等でのHACCPの考え方を取り入れた衛生管理、2) 取扱者の体調管理と野生鳥獣由来感染症対策、3) 屋外で内臓摘出する場合の衛生管理措置、4) 野生鳥獣肉の消費時における衛生的取扱等を明

示し、これ迄以上に、捕獲・処理・加工・調理・消費の各段階で科学的根拠に基づいた狩猟/捕獲者・処理者・調理従事者・消費者の安全性確保(人獣共通感染症/食中毒のリスク)と衛生管理に関する知見の一層の蓄積が求められている。捕獲頭数増加に伴いH29年からH30年には全国の野生鳥獣肉処理施設が630から682施設に増える中、実態に即した適切な衛生管理の普及と処理技術を有する狩猟者及び関連施設事業者の養成と平準化は喫緊の課題である。本研究では、1) 野生鳥獣が保有する食中毒の病因物質並びに血液等を介する病原体の汚染状況と異常個体・臓器の病理学的検索に関する研究、2) HACCPの考え方を取り入れた衛生

管理の確立に向け、処理施設での工程毎に健康被害に繋がる恐れのある原因調査と汚染防止・低減に関する研究、3) 食品製造や調理段階での食品リスク軽減に関する研究を実施する。本研究班は細菌・ウイルス・寄生虫感染症と病理学、公衆衛生学、食中毒の専門家から構成され、全国の関係自治体・団体を含めた研究協力者の支援を得て、3年間で、1) イノシシとシカにおける病原体汚染状況、並びに抗体保有状況調査、2) 狩猟・捕獲・解体の際に発生する様々な食中毒・人獣共通感染症（主に寄生虫）並びに異常個体の探知に資するカラーアトラスの作成、3) 解体処理施設の衛生実態調査並びに衛生管理手法の平準化に必要な事項の整理と改善策の検証、4) 食品製造加工・調理段階での衛生管理実態の把握並びに危害工程の抽出と多彩な調理法に伴う微生物消長を定量的に検証する。本研究成果は野生鳥獣由来食肉における病原体汚染の実態調査等を通じ、その危害防止のための知見を収集し、HACCP 制度化に対応した衛生管理手法の確立に資する情報を提供する。

B. 研究方法

① 野生鳥獣が保有する病原体（ウイルス）の汚染状況に関する研究

1) 野外調査計画：

本年度も継続して野生動物の E 型肝炎の調査を実施中である。本年度は猪に関しては青森 3 頭、富山 19 頭、和歌山 205 頭、香川 20 棟、長崎 42 頭、シカは青森 13 頭、群馬 10 頭、岐阜 61 頭、和歌山 178 頭、香川 10 頭、長崎 137 頭の血清を回収している。

糞便における E 型肝炎ウイルスの検出のため、イノシシ 40 頭・シカ 114 頭の糞便から遺伝子検出を行った。また、得られた遺伝子を解析し、遺伝子ライブラリーに加えた。

2) E 型肝炎ウイルスの実験室内解析法の確立：

ウイルスを用いた中和試験あるいは IFA による抗体評価系を確立し、ELISA による抗体測定の特異性を解析するために、E 型肝炎ウイルスの遺伝子型 I、III、IV のウイルスを用いて培養細胞における感染性の検討を行っている。

3) 狩猟者および鳥獣肉を取扱者の感染症対策：

イノシシおよびシカの血清および糞便におけるウイルス遺伝子の検出を継続して行っている。血清中にウイルス遺伝子が検出される場合は、血液により全身の筋肉にウイルスが存在していることを意味している。糞便中から遺伝子が検出される場合は、解体時における腸内容物の汚染への注意事項となる。

SFTSV に関しては、シカやイノシシの抗体陽性率を調査することにより、地域のリスクを明らか

にすることができる。一方、血液からの遺伝子解析は、解体時の血液を関した感染および食肉を介した感染のリスクを明らかにできる。

② 野生鳥獣が保有する食中毒細菌の汚染状況と薬剤耐性に関する研究

野生鳥獣由来食肉による食中毒発生を防止するためには、食中毒細菌の野生鳥獣における汚染、及び処理・加工段階での汚染、それぞれの過程における状況の汚染状況の把握が重要である。本研究では代表的な食中毒細菌である黄色ブドウ球菌及び CRE を含めた β ラクタム系抗菌薬耐性腸内細菌目細菌を研究対象として、野生獣解体処理施設及び加工肉製品における汚染状況を令和 3～5 年度の 3 年間に調査する。

ブドウ球菌食中毒の原因菌である黄色ブドウ球菌は温血動物の常在菌として知られており、野生鳥獣由来食肉においても例外ではない。しかし、野生鳥獣をはじめとした環境中における本菌の分布や分子疫学的な情報は非常に限られている。また近年、グラム陰性菌による感染症の治療において重要なカルバペネム系抗菌薬を分解するカルバペネム耐性腸内細菌科細菌 (CRE) が国際的に警戒されている。本耐性遺伝子は水平伝達され易く、多くの variant が存在し薬剤感受性が異なる表現型を有するものが存在する。CRE 感染症患者からの臨床分離株の疫学的及び遺伝学的解析は数多く報告され、その特徴が把握されつつある。しかし、本耐性遺伝子の由来や野生鳥獣を含む環境中に存在する腸内細菌科細菌の汚染状況に関する報告は少ない。そこで本申請研究では、野生鳥獣の糞便や市場流通後の野生鳥獣由来食肉から黄色ブドウ球菌並びに CRE を含めた β ラクタム系抗菌薬耐性腸内細菌目細菌の分離を行う。また、それら分離菌株の分子疫学・ゲノム構造解析を実施し、野生鳥獣で流行する遺伝子型・毒素型を特定するとともに、新規毒素・耐性因子の同定や機能解析及びその検出系の確立を試みる。

令和 4 年度は、前年度から継続して 14 道府県で採取したイノシシ及びシカの糞便から黄色ブドウ球菌の分離と食中毒起病性の評価並びに薬剤耐性菌の分離と耐性遺伝子探索を実施した。また、調査対象を市場流通時の野生鳥獣由来食肉 (6 カ所の処理施設並びにネット販売品購入) へと広げ、上記対象菌の分離を試み、分離菌株のゲノム解析から毒素遺伝子、耐性遺伝子の保有調査を実施した。

野生鳥獣を食肉利用するためには、狩猟・運搬・処理・解体等の工程があり、野生鳥獣の血液や外部寄生虫 (特にマダニ) を介する人獣共通感染症の病原体に暴露される可能性がある。感染防止対

策のために病原体の存在を把握する必要がある。そこで、Q熱を起こすコクシエラ、日本紅斑熱やつつが虫病を起こすリケッチア、アナプラズマ症を起こすアナプラズマの保有状況を調査する。これらの細菌はマダニが保有する場合もあるため、捕獲した野生動物個体に寄生していたマダニおよび捕獲地域の植生から採集したマダニも調査する。

コクシエラは宿主域が広く、海外では野生動物からの検出も報告されている。国内の野生動物における保有調査は古く、新しい情報が必要である。リケッチアは、日本紅斑熱患者の報告数の増加がシカやイノシシの生息域・個体数増加に関連するという地域が報告されており、注意が必要である。アナプラズマは、国内に様々な種が存在することは確認されているが、人や動物への病原性など明らかではないことが多い。

令和4年度は、前年度から継続して、ジビエ利用される動物を含む野生動物からコクシエラ科、リケッチア科、アナプラズマ科細菌遺伝子検出を行う。過去の報告では動物1個体から1サンプルを検査することがほとんどであったが、本研究では同一個体から複数サンプル（脾臓と血液、脾臓と吸着マダニなど）を採集できるように調整し、調査した。

③ 野生鳥獣が保有する病原体（寄生虫）の汚染状況に関する研究

1) 調理の条件下でT9幼虫を加熱した場合、厚生省の示す「食肉を安全に喫食する加熱条件(75℃、1分)」と同等条件とされる65℃、15分の処理で、感染性を失うか、マウスを用いた感染試験で検証した。

2) 北海道のヒグマおよび岩手県のツキノワグマから旋毛虫T9の幼虫が検出されたことから、近接する秋田県のツキノワグマおよびイノシシの検査（旋毛虫の好寄生部位である舌を対象）した。北海道のヒグマから検出されていた旋毛虫について、分子同定をし、検出虫体の分子系統の解析を試みた。

3) 野生ニホンジカの横隔膜または骨格筋を各自自治体の猟友会の協力を得て採取した。採取場所と検体数は以下のとおりである。北海道：167、岩手県：2、千葉県：179、長野県：9、三重県：56、和歌山県：3、京都府：2、兵庫県：1、長崎県：148（合計567検体）

肉サンプルは捕獲後48時間以内の冷蔵または冷凍で岩手大学に郵送された。各検体から10gを量り取り、ホモジネーションの後に核酸抽出を行った。得られた核酸試料を用いて、*Sarcocystis*属18S rRNA遺伝子を対象とした定量的リアルタイム

PCRを行った。プロトコルは既報に従った(Yamazaki et. al. 2020)。

各検体1gあたりの遺伝子コピー数を用いて、統計的解析を行った。変数は採材地域、年齢、性別とし、それぞれKruskal-Wallis検定、Steel-Dwassの多重検定、一元配置分散分析、相関係数解析、studentのt検定を行った。

また、食中毒事例を起こした馬肉1gあたりの*S. fayeri*遺伝子コピー数および、有症事例品のシカ肉1gあたりの*Sarcocystis* sp. 遺伝子コピー数との比較解析を行った。また、九州地方で捕獲され食用に供される野生獣肉における流行種の解明を目的に、宮崎県内の処理施設からシカ100頭およびイノシシ11頭、宮崎市周辺でロードキルにより回収されたアナグマ7匹から、横隔膜を採取した。まず実体顕微鏡下でサルコシストを検査し、各動物種での保有率を算出した。次に、組織学的にサルコシスト横断面、特に壁構造を観察し、形態学的に鑑別を試みた。さらに、単離したシストからDNAを抽出し、その後、ミトコンドリアDNAシトクロムcオキシダーゼサブユニット1遺伝子領域の塩基配列を解析し、種を同定した。

④ 異常個体の病理学的検索とカラーアトラスの充実

作業員および消費者に健康被害が生じないように、狩猟・捕獲・解体の際に発生する様々な食中毒・人獣共通感染症（主に寄生虫）並びに異常個体を排除および適切に取り扱いするため、的確に探知する方法としてカラーアトラスを作成する。令和3-5年度の3年間の研究期間で、野生鳥獣にみられる異常個体（疾病）・病変を病理学的（肉眼的および組織学的）に検索して、その疾病・病変の特徴を明らかにした上で、疾病・病変それぞれの公衆衛生上のリスク評価を行い、これらを適切な方法で、的確に排除するための資料（カラーアトラス、手引書）を作成する。具体的には、高リスク群（全廃棄）：人獣共通感染症、と殺、解体、加工処理の過程でも感染する可能性がある、あるいは喫食することで感染する可能性がある。中リスク群（部分廃棄）：生体に生じた病変で、直接的健康被害はないものの食用として不適切なもの。低/無リスク群：と殺、不適切な加工処理中に生じた人工的な変化として、疾病や病変に対して十分な知識を有さない狩猟者、処理加工者に、理解しやすい内容とする。なお、資料の補足として、野生鳥獣の運搬、移動が、家畜衛生上リスクが高いと判断されるもの（豚熱、アフリカ豚熱、口蹄疫、豚水疱病、水疱性口炎、オーエスキー病など）を入れる。更に、食用には適さない可食部分の廃

棄目安（基準）の手引書の作成（カラーアトラス作成）も検討する。

⑤ 処理施設における解体処理工程での微生物汚染防止に関する研究

1) わが国の野生鳥獣肉処理施設で処理された枝肉の衛生指標細菌数の測定

わが国の野生鳥獣処理施設のうち、各施設で生産された枝肉について、衛生状況を評価する。特に「野外における内臓摘出」の枝肉の衛生状況への影響を評価するため、野外にて内臓摘出した個体を利用する施設に対して集中的に検体を収集する。対象施設は、これまでに構築した研究協力体制を活用するとともに、全国の野生鳥獣肉の利活用の推進を行ってきた日本ジビエ振興協会と連携したさらに強固となった研究協力体制が確立されている。さらに大日本猟友会の協力を得て、2箇所の猟友会から協力をいただき、枝肉の拭き取り検査を実施する。

2) 解体処理工程における細菌汚染源の探索

野生鳥獣処理施設における解体作業に同行し、各工程毎に、作業員、器具、と体（枝肉）などから拭き取りを実施し、細菌叢解析を行うことにより、一連の処理工程の環境中に潜在する微生物汚染の原因、由来に関するデータを収集する。

3) 熟成肉の衛生評価

熟成を行って出荷する野生鳥獣処理施設から協力を得て、熟成前後の肉を採材し、衛生指標細菌数の計測、食中毒起因細菌の検索、細菌叢解析を実施し、わが国で生産された野生鳥獣由来熟成肉の衛生状況を評価する。加えて、インターネット上で市販されている野生鳥獣肉、および、熟成肉として市販されているものを購入し、上記と同様の検討を行い、衛生状況を評価する。

⑥ 食品製造や調理段階における食品リスクの軽減に関する研究

昨年度アナグマ食肉より検出された非定型腸管病原性大腸菌（aEPEC）の特性探知のためにゲノム解析等に供したほか、新たな施設由来アナグマ食肉製品からの食中毒菌探索を行った。また、ジビエ生ハム製造関連事業者との意見交換を行い、製造工程での衛生管理に係る調査を開始した。このほか、カモ盲腸便からの主要食中毒菌保菌状況を調査した。

（倫理面への配慮）

特になし

C. 研究結果

① 野生鳥獣が保有する病原体（ウイルス）の汚染

状況に関する研究

1) 野外調査計画：

本年度も継続して野生動物のE型肝炎の調査を実施中である。新規採材地としては長崎県などのサンプルを得ることができた。順調に解析中である。

本年度はイノシシ116頭・シカ288頭の糞便から遺伝子検出を実施した結果、イノシシ6頭（5.2%）からウイルス遺伝子が検出された。シカからは検出されなかった。遺伝子解析の結果、山口県以外で初めて遺伝子型IVのウイルスが検出された。野生における各地のE型肝炎ウイルスの遺伝子系統が明らかになりつつある。

2) E型肝炎ウイルスの実験室内解析法の確立：

ウイルスの増殖が悪く試行錯誤を繰り返しているが、温度が重要との指摘を受け検討を行っている。本課題期間中に、ウイルスを用いた中和試験あるいはIFAによる抗体評価系を確立して、ELISAによる抗体測定の特異性を解析することを目標にしている。

3) SFTSに対する抗体保有および遺伝子検出状況

今年度を含めたこれまでの集計結果では、日本のシカ4399頭中1073頭が抗SFTSV抗体陽性となり陽性率は24.4%であった。イノシシにおいては3062頭中1117頭が抗SFTSV抗体陽性となり陽性率は36.5%であった。遺伝子陽性率はシカ1294頭中1頭（0.1%）、イノシシ1350頭中3頭（0.2%）となった。

2022年度に新たに解析に用いたイノシシの抗体検査結果は青森8頭中0頭（0%）、富山19頭中3頭（13%）、和歌山220頭中159頭（72%）、香川20頭中9頭（45%）、長崎47頭中2頭（4%）、シカでは青森13頭中0頭（0%）、群馬10頭中0頭（0%）、岐阜61頭中0頭（0%）、和歌山218頭中88頭（40%）、香川10頭中0頭（0%）、長崎156頭中7頭（4%）であった。遺伝子検査ではいずれの検体においてもウイルス遺伝子は検出されなかった。

4) SARS-CoV-2に対する抗体保有状況

2020年採取ニホンジカ青森県12頭、群馬県20頭、岐阜県61頭、和歌山県102頭、山口県91頭、香川県10頭計296頭、ハクビシン埼玉件16頭、和歌山県48頭計64頭、タヌキ神奈川県7頭、和歌山県23頭、山口県6頭計36頭、2021年採取ニホンジカ青森県18頭、群馬県20頭、岐阜県51頭、和歌山県240頭、山口県53頭、香川県10頭計392頭、イノシシ青森県1頭、富山県15頭、和歌山県253頭、香川県20頭、山口県44頭計333頭の血清に対して、56°C30分の非働化処理後2021年採取検体ではWK-521株、2021年採取検体にはWK-521株、2021年流行したデルタ株TY26-419株を用いて中和試験を行った。

結果は2020年度採取検体ではすべてが抗体価5倍未満で陰性であった。2021年採取検体では和歌山県のシカで一検体抗体価5倍以下のものがあり4倍で再度中和試験を行い抗体価4倍となった。陽性率は2021年シカ採取検体392頭中1頭で0.26%と非常に低い陽性率であった。

② 野生鳥獣が保有する食中毒細菌の汚染状況と薬剤耐性に関する研究

1) 13道府県から採取したシカ糞便139検体中18検体から黄色ブドウ球菌が分離され、陽性率は12.9%であった。4県から採取したイノシシ糞便43検体中1検体から黄色ブドウ球菌が分離され、陽性率は2.3%であった。上記と同一の糞便検体を用いてβラクタム系抗生物質耐性腸内細菌科細菌の分離を行った。昨年度同様全257検体においてCREは検出されなかった。一方で、セフトキシムに耐性を示し基質特異性拡張型β-ラクタマーゼ(Extended spectrum beta-lactamase: ESBL)産生菌だと疑われる株が、シカ糞便139検体中5検体(3.6%)から分離されたが、イノシシ糞便においては、全43検体で分離されなかった(0%)。また、解体後・加工後市場流通シカ肉においても全75検体で分離されなかった(0%)。分離菌株53株(昨年度分離菌株も含む)の全ゲノム解析を行い、各菌株のANI value、ST型の決定、毒素遺伝子、薬剤耐性遺伝子の探索を行った。黄色ブドウ球菌の標準株(*S. aureus* NCTC8325: NC_007795)に対するANI valueは全ての分離菌株で95%以上であり、ゲノム構造においても全ての分離菌株が黄色ブドウ球菌であることが確認された。53株中30株が既報のST型に分類され、ST6238が12株、ST4278が9株、ST1250が4株、ST20、ST133、ST188、ST398及びST2449が各1株であった。一方で残りの23株は既報のST型に分類されない未報告のST型であった。すなわち、本研究において7つの新規allele(gmk-630、pta-963、tpi-888、tpi-889、tpi-890、yqil-1059、yqil-1060)と12の新規ST型(ST8073-8084)を同定し、これらについてPubMLSTデータベースに登録した。ST型に基づく最小スパニングツリー法による系統解析の結果、53株中39株がClonal complex(CC)121から分岐した新たな集団に含まれることが明らかとなった。すなわちこの優占クローンにはST1250、ST6238及び新規12種類のSTが含まれていた。一方で、ST4278(n=9)はこの優占クローンには含まれず、既報のCC15に属した。なお、ST4278に属する9株は全て同一の施設(施設E)で処理された食肉検体由来であった。食中毒の原因毒素であるエンテロトキシン遺伝子は、上記の優占クローンに属するST6238(n=12)とST8076(n=3)の全て

の株において、必ずegc関連SE遺伝子(sei, sem, sen, seo, selu)を保有したが、古典的SE遺伝子(sea-see)を保有する株は存在しなかった。一方で、上記の集団には属さないST2449(SA22D108株)1株のみ、egc関連SE遺伝子に加えて古典的SEであるSEC及びSEH遺伝子を保有していた(SE genotype; sec, seh, sei, sel, sem, sen, seo, selu)。また本菌株の培養液中のSEC産生量は $4.97 \pm 0.68 \mu\text{g/ml}$ 、SEH産生量は $180.27 \pm 14.98 \text{ ng/ml}$ であった。上述のSA22D108株はβラクタム系薬剤耐性遺伝子であるblaZ並びにアミノグリコシド耐性遺伝子であるaph(3')-1aを保有していた。ST4278に属する全ての株(n=9)は、blaZ単独もしくはblaZとaph(3')-1aの両者を保有していた。その他の株では既報の薬剤耐性遺伝子を保有しなかった。また、全53株でメチシリン耐性に関与する遺伝子mecAを持つSCCmecは存在せず、MRSAは分離されなかった。分離された5菌株の全ゲノム解析を行い、各菌株のST型、薬剤耐性遺伝子の探索を行った。分離菌株の内4株(EC22D69、EC22D92、EC22D94、EC22D116株)は*Escherichia coli*であり、それぞれST38、ST540、ST746、ST4450であった。いずれの菌株も少なくとも1種類のβラクタマーゼ遺伝子を保有し、昨年度の分離菌株でも多く検出されたbla_{CTX-M-15}保有株が2株(EC22D69、EC22D92)あり、EC22D92株はbla_{TEM-1B}も併せて保有していた。EC22D116株はbla_{CTX-M-55}とbla_{TEM-1B}を保有しており、EC22D94株は昨年度分離されなかったbla_{CTX-M-32}を保有していた。残りの1株(CL22D99株)は*Enterobacter cloacae*であり、bla_{ACT-16}を保有していた。しかし、昨年度同様genotypeと薬剤耐性遺伝子の保有に明確な関連性は見出されなかった。続けて、5菌株について14種類のβラクタム系抗生物質の薬剤感受性試験を行った。全ての株においてペニシリン系薬剤(ペニシリン、アンピシリン、アモキシシリン、オキサシリン)において阻止円は観察されなかった。また、CL22D99株を除く4株は、カルバペネム系薬剤(イミペネム、メロメネム、ドリペネム)に対して感受性を示した一方で、CL22D99株はイミペネムの阻止円径が耐性と感受性の中間を示した。また、セフェム系のセフトジジム及びモノバクタム系のアズトレオナムについては一部の株で中間を示す株が存在したが、多くはこれらの薬剤を含むセフェム系、モノバクタム系薬剤に対して耐性を示した。6施設から輸送したシカ肉及びインターネットで購入したシカ肉58検体中19検体から黄色ブドウ球菌が分離され、陽性率は32.8%であった。一方で、全58検体からCREを含むβラクタム系抗生物質耐性腸内細菌目細菌は分離されなかった。一般的な汚染指標項目(生菌数・大腸菌

群数・大腸菌)の結果と黄色ブドウ球菌の分離結果は関連性が高く、前者が高い検体は高確率で黄色ブドウ球菌が分離された。また、上記項目や黄色ブドウ球菌の分離率は処理施設の違いに依存していた。すなわち、汚染度が高いシカ肉を加工している施設からは高確率で黄色ブドウ球菌が分離された。ゲノム解析を行ったシカ由来 8 株の黄色ブドウ球菌の MLST 型は、シカ及びイノシシ糞便からの分離菌株の主要な ST 型である ST6238 (及びその近縁型) が 3 株、ST482 (及びその近縁型) が 1 株、ST1639 (及びその近縁型) が 2 株分離されており、糞便等シカ自身が保有する黄色ブドウ球菌が加工・解体時に肉を汚染したことが疑われた。

2) 鹿児島県で捕獲した野生動物から検体を採集した。令和 4 年度はシカ(ヤクシカ)の脾臓 19 検体および血液 9 検体、アナグマの脾臓 1 検体および血液 8 検体、ニホンザルの脾臓 30 検体採集した。また捕獲動物由来とヤクシカ生息地域の植生由来のマダニ 125 個体を採集した。対象細菌の保有状況は、コクシエラ科細菌はニホンザルの脾臓 1 (33.3%)、マダニ 11 (8.8%) であった。リケッチア科細菌はアナグマの血液 2 (25.0%)、マダニ 9 (7.2%) であり、これはリケッチア属細菌遺伝子のみで、オリエンチア属細菌遺伝子は含まれていない。アナプラズマ科細菌はヤクシカの脾臓 17 (89.5%)と血液 7 (77.8%)、アナグマの脾臓 1 (100%)と血液 4 (50.0%) であった。検出したコクシエラ科とリケッチア科細菌の遺伝子配列の解析から、これらは全てマダニ共生菌の遺伝子と考えられた。検出したアナプラズマ科細菌の遺伝子配列の解析では、様々な未同定の種が検出されていることが明らかになった。ヤクシカの脾臓および血液からは同一の配列が多く、これらは *Anaplasma capra* であると考えられた。ヤクシカが高率にアナプラズマを保有していることが明らかになったが、ヤクシカに吸着していたマダニとヤクシカ生息地域の植生から採集したマダニからはアナプラズマは検出されなかった。

③ 野生鳥獣が保有する病原体(寄生虫)の汚染状況に関する研究

1) 調理の条件下で T9 幼虫を 65°C、15 分間加熱処理したところ、マウスを用いた感染試験では感染個体が検出されず、この加熱条件で旋毛虫 T9 は感染性を失うことが証明された。

2) 北海道で捕獲された 236 頭のクマ(ヒグマ)のうち 6 頭から、また北東北(青森県、秋田県及び岩手県)で捕獲された 117 頭のクマ(ツキノワグマ)のうち 1 頭(岩手県)から、旋毛虫の幼虫が検出され、検出虫体は総て日本固有種の *Trichinella T9* と同定された。検査したクマ検体

の総数は 353 頭で、このうちの 7 頭が旋毛虫 T9 の幼虫陽性であった(陽性率:2.0%)。なおこの間に秋田県で捕獲されたイノシシ 10 頭についても、舌を対象に同様の検査を実施したが、旋毛虫は総て陰性であった。

④ 異常個体の病理学的検索とカラーアトラスの充実

1) イノシシおよびシカの病変カラーアトラス作成のため、病変 102 検体(2023 年 1 月現在)を収集し、マクロ写真撮影、病理組織学的検査を行った。検体提供者に検査結果をフィードバックして、情報交換、および口頭で病変説明も行った。

2) イノシシ・豚、シカ・牛共通の重要疾患に関しては豚および牛の病変で代用するため、食肉衛生検査摘発材料を収集し、肉眼写真および組織写真の充実を図った。

3) カラーアトラスとして、簡易版(現場作業用)と詳細版作成を計画し、簡易版の作成はほぼ終了し、引用写真に関して引用の許諾を得るための作業を行っている。

4) 以上の作業で見出された疾患:イノシシの肥大心やエゾシカの脂肪壊死症について、病因解明のための作業を行った。

⑤ 処理施設における解体処理工程での微生物汚染防止に関する研究

1) わが国の野生鳥獣肉処理施設で処理された枝肉の衛生指標細菌数の測定

「野外における内臓摘出」を行う施設として、1) わが国の野生鳥獣肉処理施設で処理された枝肉の衛生評価

鹿:

剥皮と内臓摘出の作業工程順別:枝肉洗浄前の胸部、肛門周囲部における各衛生指標細菌数の中央値を比較した。その結果、一般細菌数(胸部:肛門周囲部,単位は $\log_{10}\text{cfu}/\text{cm}^2$)において、「剥皮」→「内臓摘出」では 0.1:1.0、「屋外内臓摘出」→「剥皮」では 1.4:検出限界未満(ud)、「屋内内臓摘出」→「剥皮」は、ud:ud、「猟友会」では 1.3:1.4 であった。その他の衛生指標細菌の中央値はいずれも ud cfu/cm^2 であった。

剥皮施設別:と体を「のせ台」に乗せて剥皮する施設と、「懸吊」して剥皮する施設に分けて、各衛生指標細菌数の中央値を比較した。その結果、一般細菌数(胸部:肛門周囲部,単位は $\log_{10}\text{cfu}/\text{cm}^2$)において、「のせ台」は 1.0:1.5、「懸吊」は ud:ud、「猟友会」は、1.3:1.4 であった。その他の衛生指標細菌の中央値はいずれも ud cfu/cm^2 であった。

剥皮方法別:剥皮時に「ウィンチ」を使用する施

設と、「手剥ぎ」により実施する施設に分け各衛生指標細菌数の中央値を比較した。その結果、一般細菌数（胸部：肛門周囲部，単位は cfu/cm²）において、「ウィンチ」は、ud:ud、「手剥ぎ」は ud:0.6、「猟友会」は 1.3:1.4 であった。その他の衛生指標細菌の中央値はいずれも ud cfu/cm² であった。

猪：

剥皮と内臓摘出の作業工程順別：枝肉洗浄前の胸部、肛門周囲部における各衛生指標細菌数の中央値を比較した。その結果、一般細菌数（胸部：肛門周囲部，単位は log₁₀ cfu/cm²）において、「剥皮」→「内臓摘出」では 1.9:2.2、「屋内内臓摘出」→「剥皮」は、0.5:0.6、「猟友会」では 1.6:1.4 であった。その他の衛生指標細菌の中央値はいずれも ud cfu/cm² であった。

剥皮施設別：と体を「のせ台」に乗せて剥皮する施設と、「懸吊」して剥皮する施設に分けて、各衛生指標細菌数の中央値を比較した。その結果、一般細菌数（胸部：肛門周囲部，単位は log₁₀ cfu/cm²）において、「のせ台」は 1.7:2.2、「懸吊」は ud:ud、「猟友会」は、1.6:1.4 であった。その他の衛生指標細菌の中央値はいずれも ud cfu/cm² であった。

剥皮方法別：剥皮時に「ウィンチ」を使用する施設、「手剥ぎ」により実施する施設、さらに「湯剥ぎ」を行う施設に分け各衛生指標細菌数の中央値を比較した。その結果、一般細菌数（胸部：肛門周囲部，単位は cfu/cm²）において、「ウィンチ」は、1.0:2.2、「手剥ぎ」は 1.2:1.4、「猟友会」は 1.6:1.4 であった。その他の衛生指標細菌の中央値はいずれも ud cfu/cm² であった。

2) 屋外で実施された解体処理工程で採取した拭き取り検体の衛生指標細菌数

わが国の屋外で解体処理を行う野生鳥獣肉処理施設 X、および Y において、一連の処理工程において、作業員、器具、施設等、枝肉への細菌汚染源となる可能性のあるものから拭き取り検体を採取し、各拭き取り検体における衛生指標細菌数を計測した。施設 X、Y において、それぞれ鹿 1 回、猪 1 回実施した。

施設 X (鹿)

と体・枝肉：と体洗浄前で一般細菌数 (cfu/cm²) が 8.4x10¹~1.5x10² と高度に検出され、洗浄後には、1.9x10¹~1.1x10² と残存した。以降、ほとんどいずれも胸部は低値 (0~3.5x10⁰) であったが、肛門周囲部は、比較的高度 (2.3x10¹~4.0x10¹) に検出されなかった。大腸菌群・大腸菌 (cfu/cm²) について特に肛門周囲部でわずか (0~2.8x10⁰) に検出された。

ブロック肉：一般細菌数 (cfu/cm²) が 1.0x10¹~2.0x10¹ 検出されたが、その他はいずれも検出されなかった。

作業員手指：一般細菌数 (cfu/片手) が 0~9.6x10³ と高度に検出され、特に枝肉洗浄後に多く検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/片手) はわずか (0~2.5x10¹) に検出されたが黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

ナイフ：一般細菌数 (cfu/ナイフ) が 0~8.1x10⁴ と高度に検出され、特に枝肉洗浄後に多く検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/ナイフ) は 0~3.9x10³ 検出された。特に剥皮後において高度に検出された。黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

後蹄：一般細菌数 (cfu/蹄) が 2.2x10⁴~3.4x10⁴ と高度に検出された。大腸菌群・大腸菌 (0~5x10⁰ cfu/蹄)、黄色ブドウ球菌 ((0~1x10⁰ cfu/蹄) はわずかに検出された。

銃創・止め刺し口：一般細菌数 (cfu/cm²) が 2.1x10¹~3.6x10³ と高度に検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/cm²) についてもわずか (0~8.5x10⁰) に検出された。黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

糞便汚染箇所：一般細菌数 (cfu/cm²) が 1.3x10⁰~2.4x10¹ 検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/cm²) についてもわずか (0~2.2x10⁰) に検出された。黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

床：一般細菌数 (cfu/cm²) が 1.7x10²~3.6x10² 検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/cm²) についてもわずか (5.0x10⁻²~2.1x10⁰) に検出された。黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

枝肉洗浄ブラシ：一般細菌数が 6.3x10²cfu/cm² 検出されたがその他の指標細菌は検出されなかった。

枝肉洗浄水 (湧き水)：使用前においても、一般細菌数が 3.2x10²cfu/ml 検出されたが、その他の指標細菌は検出されなかった。使用後では、一般細菌数が 7.2x10⁴cfu/ml と高度に検出された。大腸菌群・大腸菌については、使用前には検出されなかったが、使用後、大腸菌が 2.5x10⁰ cfu/ml、大腸菌群が 5.4x10² と高度に検出された。黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

施設 Y (猪)

と体・枝肉：と体洗浄前で一般細菌数 (cfu/cm²) が 2.6x10²~1.8x10⁴ と高度に検出された。剥皮以降も、3.7x10⁰~8.0x10² と比較的高度に検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/cm²) もわずか (0~2.4x10¹) に検出された。黄色ブドウ球菌 (cfu/cm²) も、わずか (0~1.6x10²) に検出された。

作業員手指：一般細菌数 (cfu/片手) が 1.9x10³~2.0x10⁵ と高度に検出された。大腸菌群・大腸菌は 0~2.0x10⁴ cfu/片手検出され、特に解体後にお

いて高度に検出された。黄色ブドウ球菌は $5.0 \times 10^4 \sim 9.3 \times 10^4$ cfu/片手検出された。

後蹄：一般細菌数が 4.4×10^5 cfu/蹄と高度に検出された。大腸菌群は 4.7×10^2 cfu/蹄、大腸菌は 3.9×10^2 cfu/蹄)、黄色ブドウ球菌は 1.8×10^5 cfu/蹄検出された。

銃創：洗浄前では、一般細菌数が 1.1×10^3 cfu/cm² $\sim 3.6 \times 10^3$ 、大腸菌群・大腸菌についてもわずか(それぞれ 2.0×10^1 、 8.5×10^{-1} cfu/cm²) に検出された。黄色ブドウ球菌は 7.4×10^1 cfu/cm² 検出された。剥皮後は、いずれも大きく低減したが、一般細菌数が 1.0×10^1 cfu/cm² $\sim 3.6 \times 10^3$ 、大腸菌群・大腸菌はいずれも 3.5×10^{-1} cfu/cm² に検出された。黄色ブドウ球菌は 4.0×10^{-1} cfu/cm² 検出された。

床・作業台：一般細菌数 (cfu/cm²) が $3.3 \times 10^0 \sim 58.7 \times 10^1$ 検出された。大腸菌群・大腸菌 (cfu/cm²) についてもわずか ($0 \sim 2.5 \times 10^{-1}$) に検出された。黄色ブドウ球菌は検出されなかった。

枝肉洗浄水：使用前においても、一般細菌数が 6.5×10^1 cfu/ml 検出されたが、その他の指標細菌は検出されなかった。使用後では、一般細菌数が 3.6×10^6 cfu/ml と高度に検出された。大腸菌群・大腸菌については、大腸菌が 1.6×10^3 cfu/ml、大腸菌群が 2.2×10^3 と高度に検出された。黄色ブドウ球菌も 1.3×10^2 cfu/ml 検出された。

3) 野生鳥獣熟成肉の衛生評価

3)-1 わが国の野生鳥獣処理施設で生産された鹿熟成肉及び鹿非熟成肉における衛生指標細菌数の計測と食中毒起因細菌の分離状況

各施設で処理された枝肉の熟成前後における一般細菌数の中央値(以下全て「熟成前」、「熟成後」の順で示す。単位は cfu/g) それぞれ、施設 a で 3.3×10^2 、 1.7×10^3 、施設 b で 6.7×10^1 、 7.4×10^1 、施設 C で 3.8×10^3 、 8.3×10^6 であった。施設 C の熟成後の値は、施設 a、b の同値に比べ有意 ($p < 0.05$) に高値であった。

大腸菌群の中央値は(以下全て熟成前、熟成後の順で示す。単位は cfu/g) は、施設 a で 1.0×10^0 、 3.0×10^{-1} 、施設 b でいずれも 0、施設 c で 1.8×10^1 、 1.8×10^0 であった。

大腸菌の中央値(以下全て熟成前、熟成後で示す。単位は cfu/g) は、施設 a で 8.0×10^{-1} 、0、施設 B ではいずれも 0、施設 c で 1.5×10^0 、0 であった。施設 a、c の熟成後の値は、施設 b に比べ有意 ($p < 0.05$) に減少していた。

黄色ブドウ球菌はいずれの検体からも検出されなかった。

施設 a で処理された熟成前 1 検体 (9.1%) から *Listeria* spp. が 3 株分離された。3 株の分離株はいずれも、*L. welshimeri* (65.7%) もしくは

L. innocua (34.1%) と同定された。その他いずれの検体からも、検討した食中毒起因細菌は分離されなかった。

3)-2 わが国で市販されていた鹿熟成肉及び鹿非熟成肉における衛生指標細菌数の計測と食中毒起因細菌の分離状況

一般細菌数(単位は cfu/g) は、鹿熟成肉では $0 \sim 2.5 \times 10^5$ 、鹿非熟成肉では、 $0 \sim 7.4 \times 10^5$ であり、鹿熟成肉と鹿非熟成肉の一般細菌数に有意差は認められなかった。鹿熟成肉では施設 A の検体 ($5.2 \times 10^3 \sim 2.5 \times 10^5$) が施設 B、C の検体 ($0 \sim 2.8 \times 10^2$) に比べ有意 ($p < 0.05$) に高値を示した。鹿非熟成肉では施設 F の検体 ($7.4 \times 10^1 \sim 7.4 \times 10^5$) が施設 D、E、G、H、I、J の検体 ($0 \sim 4.6 \times 10^3$) と比べ有意 ($p < 0.05$) に高値を示した。

大腸菌群数(単位は cfu/g) は鹿熟成肉では $0 \sim 3.5 \times 10^2$ 、鹿非熟成肉では、 $0 \sim 6.1 \times 10^4$ であり、鹿熟成肉と鹿非熟成肉の大腸菌群数に有意差は認められなかった。鹿熟成肉では施設 A の検体 ($0 \sim 3.5 \times 10^2$) が施設 B、C の検体 (施設 C の 1 検体からのみ 2.0×10^0 CFU/g) と比べ有意 ($p < 0.05$) に高値を示し、鹿非熟成肉では施設 F の検体 ($0 \sim 6.1 \times 10^4$) が施設 D、E、G、H、I、J の検体 ($0 \sim 3.4 \times 10^2$) と比べ有意 ($p < 0.05$) に高値を示した。

大腸菌数(単位は cfu/g) は鹿熟成肉では $0 \sim 1.5 \times 10^2$ 、鹿非熟成肉では、 $0 \sim 2.1 \times 10^4$ であり、鹿熟成肉と鹿非熟成肉の大腸菌数に有意差は認められなかった。鹿熟成肉では施設 A の検体 ($0 \sim 1.5 \times 10^2$) のみから検出され、施設 B、C の検体 (すべて 0) と比べ有意 ($p < 0.05$) に高値を示した。鹿非熟成肉では大腸菌は施設 F、G、J から $0 \sim 2.1 \times 10^4$ 検出され、施設 D、E、H、I からは検出されなかった。施設 F の検体 ($0 \sim 2.1 \times 10^4$) が施設 D、E、G、H、I、J の検体 ($0 \sim 6.0 \times 10^0$) と比べ有意 ($p < 0.05$) に高値を示した。

黄色ブドウ球菌はいずれの検体からも検出されなかった。

全ての熟鹿成肉検体において、検討したいずれの食中毒起因細菌も分離されなかった。

一方、鹿非熟成肉の 3 検体から non-0157 STEC が 3 株分離された。これらの菌株について *stx* 遺伝子 (*stx1*、*stx2*) を標的とした PCR を実施したところ、1 株から *stx1*、*stx2* 両遺伝子が検出されたのに対し、2 株からは *stx2* 遺伝子のみが検出された。

13 検体から *Listeria* 属菌 が 36 株 分離され、このうち 4 検体から分離された 12 株は *Listeria* spp.、9 検体から分離された 24 株は *L. monocytogenes* と同定された。

0157 STEC、*S. aureus*、*Salmonella* 属菌は全ての検体において陰性だった。

⑥ 食品製造や調理段階における食品リスクの軽減に関する研究

1 施設由来のアナグマ食肉製品からサルモネラが検出されたほか、高い腸内細菌科菌群数が検出されたアナグマ食肉製品では phylogroup B2 に属する非定型腸管病原性大腸菌 (aEPEC) の汚染を受けている実態を把握した。また、ジビエ生ハム製造に関する調査を開始し、塩蔵工程では温度及び塩分濃度の管理等が微生物制御に重要であることを示す知見を得た。このほか、カモ盲腸便からカンピロバクター及び aEPEC が検出され、同食肉製品における当該病原細菌探索を開始した。

D. 考察

① 野生鳥獣が保有する病原体 (ウイルス) の汚染状況に関する研究

1) 野外調査：

イノシシの血清中から数%の確率でウイルス遺伝子が検出されている。血液にウイルスが存在しており、血液により全身の筋肉にウイルスが存在していることを意味している。狩猟者および取扱者は血液および筋肉の取り扱いの際に注意することが必要である。

糞便中からも E 型肝炎ウイルスが 5%程度検出されていることから、解体時における腸内容物の汚染も注意すべきことが明らかとなってきた。

2) SFTSV に関しては、対馬と千葉県で感染率が上がっていることを明らかにすることができた。これらの地域では SFTS のリスクが高まっていると考えている。抗体保有率に比べて、これまでイノシシ・シカ 1000 頭近くの血清からウイルス遺伝子の解析を行ったが、イノシシ・シカともに非常に遺伝子保有率が低いことが明らかとなった。イノシシ・シカの血液を関した感染および食肉を介した感染のリスクは低い可能性が示されている。しかし、糞便からのウイルスの汚染には注意する必要がある。

3) 今回の結果では日本国内での野生動物で SARS-CoV-2 の感染は 2021 年採取シカ 1 頭

(0.26%) のみで感染が広がってはいなかった。しかし調査地域が限定的であったこと、またヒトとの接触率がわからないことからヒトとの接触がある地域について調査が必要であると考えられる。

② 野生鳥獣が保有する食中毒細菌の汚染状況と薬剤耐性に関する研究

1) 黄色ブドウ球菌によるリスクについて

黄色ブドウ球菌の分離率がイノシシ糞便よりシカ糞便から高率であることは昨年度と同様の傾向であった。この結果は、イノシシよりシカの方が、黄色ブドウ球菌の保菌率が高いことを強く示唆している。昨年度の分離菌株の遺伝子型の傾向から、他の家畜同様、野生獣には独自の黄色ブドウ球菌クローンが存在する可能性が考えられた。本年度の分離菌株を加えた 53 株の ST 型に基づく最小スパニングツリー法による系統解析の結果、53 株中 39 株 (73.6%) が CC121 から分岐した新たな集団に含まれることが明らかとなった。すなわち、本研究により、この集団に属する黄色ブドウ球菌がシカやイノシシなどの野生鳥獣における優占クローンであることが明らかとなった。また、この優占クローン属する ST1250、ST6238、ST8074、ST8077、ST8078、ST8080 の黄色ブドウ球菌株はシカ糞便及び食肉検体の両者から分離された。このことから、処理工程における流通食肉への糞便汚染が疑われた。表 1 に示す通り、処理施設ごとに黄色ブドウ球菌の分離率が異なり、特に施設 E では特に高い分離率であった。これらの施設で処理された食肉における一般細菌数及び大腸菌群数は高値であり、また大腸菌も検出されており、高い分離率との相関性も糞便汚染を強く支持していると考えられる。

食中毒の原因毒素であるエンテロトキシン遺伝子を保有する株は 17 株分離された。その内の 16 株は *egc* 関連の新型エンテロトキシンに分類される SE 遺伝子のみ (*sei*, *sem*, *sen*, *seo*, *selu*) を保有していた。これら *egc* 関連の SE は一般的に菌からの産生量が少なく、また嘔吐活性も弱いとされており、食中毒事例の原因毒素となることが古典的エンテロトキシンと比較して少ないことが知られている。すなわち、これらの分離菌株を原因とするに食中毒発生のリスクは低いと推測される。しかし、1 株のみ (SA22D108 株) *egc* 関連 SE 遺伝子に加えて古典的 SE である SEC 及び SEH 遺伝子を保有していた (*sec*, *seh*, *sei*, *sel*, *sem*, *sen*, *seo*, *selu*)。本菌株の培養上清中における SEC 及び SEH 産生量は、過去に報告された食中毒事例由来株の産生量と同程度であり (Suzuki et al., J appl Microbiol. 118:1507-1520, 2015.; Sato' o et al. Appl Environ Microbiol. 81:7782-7790, 2015.)、この菌株による食中毒リスクは存在すると思われる。

薬剤耐性遺伝子は、SA22D108 株並びに ST4278 に属する全 9 株において、*blaZ* 単独もしくは *blaZ* と *aph(3')*-*1a* を検出した。ST4278 に属する 9 株は、同一の施設 (施設 E) で処理された食肉検体由来であったことから、施設内汚染の可能性が考えられるため、薬剤耐性黄色ブドウ球菌が野生鳥獣の環境に拡散しているとは言い難い。また、昨年度

から継続して MRSA は一株も分離されなかったことから、ヒトの臨床現場で大きな問題になっている等の薬剤耐性黄色ブドウ球菌が野生鳥獣の環境にはまだ拡散していないことを示唆している。

2) 薬剤耐性菌によるリスクについて

昨年度から継続して CRE の分離を試みたが、本年度も CRE は分離されなかった。ヒトの臨床現場で大きな問題になっている CRE が野生鳥獣の環境にはまだ拡散していないことを示唆している。

5 株の CTX 耐性の腸内細菌目細菌がシカ糞便から分離された。昨年度はシカ糞便よりイノシシ糞便から高率に分離されたが、本年度はイノシシ糞便全 43 検体から分離されなかった。本年度分離を試みたイノシシ糞便は大分・宮崎の 2 県のみから採取したものであり、地域性に偏りが生じたため分離されなかった可能性があると考えられる。

分離菌株の内 4 株は *Escherichia coli*、1 株は *Enterobacter cloacae* であった。いずれの菌株も少なくとも 1 種類の β ラクタマーゼ遺伝子を保有し、*Escherichia coli* では昨年度の分離菌株でも多く検出された *bla*_{CTX-M-15}、*bla*_{CTX-M-55} は本年度の分離菌株も保有していた。これら 2 つの遺伝子は、世界各地の様々な野生鳥獣からの分離例が報告されており、世界中に広く拡散しているタイプの耐性遺伝子であることが考えられる。一方、*Enterobacter cloacae* であった CL22D99 株は AmpC 型 β ラクタマーゼである *bla*_{ACT-16} を保有していた。AmpC 過剰産生菌はカルバペネムの MIC を上昇することが知られており、薬剤感受性試験においてイミペネムに中間を示した結果と一致すると考えられる。また、本年度も genotype と薬剤耐性遺伝子の保有、あるいは分離地域間に明確な関連性は見出されなかった。

3) 野生動物のコクシエラ科、リケッチア科、アナプラズマ科細菌の保有状況に関する研究

本研究の対象細菌は、培養が困難であるために分離試験がほとんど行われていない細菌である。リケッチア症の診断には抗体検査が行われるが、コクシエラは感染の有無にかかわらず抗体保有者がいること、アナプラズマは菌種や株により抗原性に大きな差があることから普及していない。PCR 検査が一般に普及したため、現在では急性期の材料からの遺伝子検出が診断にも用いられている。野生動物やマダニにおけるこれら細菌遺伝子の検出状況だけに注目すると、これらの動物を扱う人々は大きな危険を伴って作業しているように考えられる。しかし、実際には病原性細菌の他に、病原性の低いあるいは無い近縁種が多く存在

し、これらが同時に検出されることを理解する必要があることが示された。

ヤクシカが高率にアナプラズマを保有していることが明らかになった。これは他の地域のシカと比較しても高い結果である。過去に本研究室で同じ方法で調査した九州・四国地域のシカでは陽性率は 27.9% (12/43 頭) であり、他の報告と大きな差はなかった。また、ヤクシカが保有するアナプラズマは同一の遺伝子配列が多く、1 菌種または 1 株がヤクシカ (屋久島) において伝播していることが推測される。病理組織学的には共通する所見はなかったため、ヤクシカに対する病原性は低く、不顕性に感染が維持されているのかもしれない。しかし、この *Anaplasma capra* の病原性については明確に示されていないため、今後、人と動物の両方への影響を明らかにする必要がある。海外では家畜や野生動物だけでなく人からも検出されているが、病因となっているか不明瞭である。屋久島は世界遺産登録されており、ヤクシカは保護区域と人居住地を行き来していることから、環境保全と人への健康危害対策の両方から重要な課題である。

ニホンザルからは、対象細菌はほとんど検出されなかった。ニホンザルを採材した地域は、日本紅斑熱とつつが虫病の患者報告が多い地域であることから、興味深い結果である。

血液からマダニ共生菌と 100% 一致する配列が検出されたアナグマは、脾臓からは細菌遺伝子は検出されなかった。これらのアナグマ個体に吸着していたマダニを得られなかったため確認できなかったが、吸血中のマダニから注入されたマダニ共生菌が一時的に血液中に存在したと考えた。人においても診断目的の PCR で非病原性リケッチアが検出され、検査精度が問題視されたり、新興感染症と捉えられたりすることがある。人でマダニ刺咬と身体状態が悪いことが重なった場合に日和見感染のようにマダニ共生菌が一時的に体内に存在する状態になる可能性を示唆する結果である。コクシエラ科細菌は病原性のある *C. burnetii* は検出されなかったが、技術的な問題ではないと考えている。今回用いた PCR は、*C. burnetii* の *com1* と 16S rRNA 遺伝子の両方が増幅できることを複数の株を用いて確認している。*com1* は検出されず 16S rRNA 遺伝子のみ検出されるという海外の野外調査もあることから、おそらく本研究と同様にマダニ共生 *Coxiella* spp. の存在が Q 熱の分布疫学を難しくしていると考えている。

③野生鳥獣が保有する病原体 (寄生虫) の汚染状況に関する研究

1) 「野生鳥獣肉の衛生管理に関する指針 (ガイド

ライン) について」(食安発 1114 第 1 号・2014 年 11 月 14 日) において指示された「中心部の温度を 75℃以上で 1 分間以上加熱する」という条件で、旋毛虫による食中毒を予防できるかを、昨年度に実験して証明した。ただし 75℃で 1 分間の加熱を施すと、豚肉ブロックの中心部分が、65℃(以上)の温度で 20 分間、加熱されることが分かった。このため、65℃で 15 分間の加熱は、75℃で 1 分間の加熱と同等に、旋毛虫の殺滅に有効と規定されているが、実際に 65℃で 15 分間だけの加熱で、旋毛虫の幼虫が完全に殺滅されるのかは、改めて検証する必要があるとの考えに至った。これが今回の検討を行った理由である。

そこで調理の現場を想定した実験系を用いて、肉の中心温度を 65℃で 15 分間加熱した。その結果、筋肉内の旋毛虫 T9 の幼虫は殺滅され、この条件での加熱により、感染予防できると確認された。

本検討の結果、「野生鳥獣肉の衛生管理に関する指針(ガイドライン)について」(食安発 1114 第 1 号・2014 年 11 月 14 日) で指導する「中心部の温度を 75℃以上で 1 分間以上加熱する」という条件だけでなく、同等の加熱条件でも、旋毛虫による食中毒の予防は確実にすることが示された。

2) 今回の検討の結果、北海道のヒグマにおける旋毛虫の寄生率は決して高くなかった(236 頭のうち 6 頭が感染、寄生率は 2.5%)。しかも 2000 年～2006 年に北海道のヒグマが調査された時の寄生率である 3.2%(126 頭のうち 4 頭が感染、Kanai ら、2007) より低かった。北海道での旋毛虫の生活環境維持には、共食い(死体腐肉の摂食) 習慣があるエゾアカギツネが、最も貢献すると想定されるが、その寄生率は 13.8%で(319 匹のうち 44 匹が陽性、Kanai ら、2007)、今回はこの値より相当低い値に留まった。この結果から、最近 4 年間にヒグマの肉喫食が原因と確定、あるいは推定された 3 件の集団感染事例が発生した理由として、ヒグマにおける旋毛虫寄生率が上昇からと言えないと考えられた。むしろクマ肉喫食の機会が増加していることが集団事例発生の主因と推定された。

今回の調査では、北海道だけでなく、岩手県のツキノワグマからも旋毛虫の幼虫が検出された。従って行政としては、クマ肉喫食による旋毛虫感染の危険性を、より積極的に啓発する必要があると思われた。

なお集団感染事例は、いずれも食中毒として行政が把握し、その内容が食中毒統計に収載されていた。潜在的な感染事例(食中毒として届出がない感染事例)の有無をレセプト解析により検索した。しかしレセプト解析で検出された事例は、何れも食中毒統計に収載されていた。旋毛虫食中毒は集団感染となることから、食中毒として確実に

届出されるものと思われた。

クマに加えて、秋田県ではイノシシ 10 頭の舌も検索対象として提供された。同様の方法で旋毛虫感染の有無を検索したが、イノシシはいずれも陰性であった(秋田県はツキノワグマも総て陰性)。

④異常個体の病理学的検索とカラーアトラスの充実

複数の野生鳥獣関連機関に提供を依頼したが、提供される疾患・病変の種類は限られており、公衆衛生上、特に注意すべき危険な疾患検体は入手できなかった。しかしながら、遭遇する頻度は低いものの、取り扱いに十分注意すべき、公衆衛生上リスクの高い疾患はカラーアトラスに掲載されるべきで、識別・摘発できるようにしておく必要がある。そこで、今回、牛や豚の病変(写真)を代用した。

安心・安全で高品質の野生鳥獣由来食肉の生産には、的確に危害因子を排除する知識と技術が必要で、そのポイントを確実に習得できるようにと、カラーアトラスを作成した。今後は、使用者からの意見を聴取しながら、改良して、より使いやすく、理解しやすいアトラス作成を目指す。

⑤処理施設における解体処理工程での微生物汚染防止に関する研究

1) わが国の野生鳥獣肉処理施設で処理された枝肉の衛生評価

本研究で対象とした施設で実施されている処理方法のうち、「剥皮」と「内臓摘出」の作業順、剥皮時の設備(のせ台、あるいは懸吊)、ならびに剥皮方法(ウィンチ、手剥ぎ、猪では湯漬け)の違いに着目し、鹿、および猪枝肉の汚染指標細菌数を比較することにより、各工程の作業順や方法が枝肉の衛生状況に与える影響について検討した。これに加え、本年度は特に、屋外で処理することについて、その枝肉の衛生状態に与える影響を検討するため、一連の作業工程を屋外で実施した検体、ならびに大日本猟友会から協力を頂き、同会会員が解体処理した枝肉から拭き取り検査を行い、各種汚染指標細菌数を比較した。

作業順別：

剥皮と内臓摘出の作業順では、ガイドラインで指示されている「剥皮」→「内臓摘出」の順番と、「内臓摘出」→「剥皮」の順番でそれぞれ処理された枝肉について、細菌汚染状況を比較した。

鹿：「剥皮」→「内臓摘出」の順で処理された枝肉からは、「内臓摘出」→「剥皮」の順で処理された枝肉に比べ、有意に高い一般細菌数の値を示した。さらに屋外で内臓摘出した検体は、屋内

で内臓摘出した検体（胸部）に比べ有意に高値を示した。

猪：「剥皮」→「内臓摘出」の順で処理された枝肉からは、「内臓摘出」→「剥皮」の順で処理された枝肉に比べ、有意に高い一般細菌数の値を示した。

以上のことから、剥皮を先に行うことで、作業者が剥皮後の枝肉に、汚染した手指で直接、あるいは間接的に接触する機会が多くなったためであると考えられた。また、屋外での内臓摘出は汚染する作業工程において機会が多いものと考えられた。剥皮後に枝肉と接触することにより細菌に汚染する可能性について、改めて作業者に啓蒙する必要がある。

剥皮施設別：

鹿：「猟友会」、「のせ台」、「懸吊」の順に中央値が高い値を示した。

猪：「のせ台」、「猟友会」、「懸吊」の順に中央値が高い値を示した。

以上のことから、「のせ台」を使用して剥皮する場合には、「懸吊」して剥皮を行う場合に比べ、より高頻度に作業中に汚染した手指や表皮などを介して枝肉に細菌が汚染する可能性が考えられた。懸吊装置の導入を推進する必要がある。あるいは、「のせ台」で剥皮をする際には、より一層細菌汚染を回避するように意識して作業するよう、指導する必要があると考えられた。

剥皮方法別：

鹿：「猟友会」が高値を示し、「ウィンチ」「手剥ぎ」間に有意差は認められなかった。

猪：いずれも有意差は認められなかった。

特に鹿では、「ウィンチ」を用いた場合には、剥皮の際に、表皮に汚染した土壌や細菌が舞い散る可能性が考えられ、表皮や土壌由来の細菌に汚染した可能性が考えられる。また、「屋外」で「手剥ぎ」で処理された検体は、施設内で「ウィンチ」や「手剥ぎ」で処理された検体より、より多くの一般細菌に汚染されていたことから、剥皮は屋内で実施すべきであることが確認された。

2) 屋外で実施された解体処理工程で採取した拭き取り検体の衛生指標細菌数

施設 X、鹿：

表皮のついたと体を洗淨することにより、一般細菌が減少することが確認されたが、一般細菌数の減少は特に肛門周囲部において限定的であることが確認された。また、枝肉、ブロック肉における各種衛生指標細菌数は、およそ家畜（牛、

豚）の全国中央値とほぼ同様の値となり、特別問題のある作業ではないものと考えられた。

細菌汚染源となる可能性のあるものとして、作業者手指、ナイフ、蹄について検討した。いずれもと体洗淨、剥皮、内臓摘出、枝肉洗淨等の作業により、一般細菌数のみならず、大腸菌・大腸菌群・大腸菌の汚染も確認され、各作業工程間の洗淨、消毒の重要性が確認された。

銃創、止め刺し口についても、特に一般細菌が検出され、開放創からの細菌汚染に注意を払う必要がある。

今回の作業において、腸内容物による枝肉の汚染が確認されたことから、当該箇所の拭き取りを実施したところ、一般細菌数、大腸菌群・大腸菌がわずかながら検出された。腸内容物の漏出を防ぐため、結紮、ビニル袋をかぶせる、等対策する必要がある。

当該施設では、湧き水を使って枝肉を洗淨していた。当該水からは、一般細菌数が検出された。当該水は解体後のブロック肉を冷却するために使用されたが、その使用後では多くの一般細菌数、大腸菌群数、大腸菌数が検出され、交差汚染の可能性が考えられる。ブロック肉の扱いにおいて、交差汚染を避けるため、一つの桶等にブロック肉を保管することは避けるべきであると考えられた。

施設 Y、猪：

施設 X の鹿と同様に、表皮のついたと体は高度に細菌に汚染されているものの、その洗淨により一般細菌は減少するものの、依然として多くの一般細菌が検出された。一方、最終的な枝肉は家畜（牛、豚）の全国中央値とほぼ同様の値となった。しかしながら、大腸菌群・大腸菌が低値ながら検出されたことから、特に糞便汚染が生じたものと考えられた。

細菌汚染源となる可能性があるものとして作業者手指が特に問題であった。内臓摘出後において、一般細菌数、大腸菌、大腸菌群、黄色ブドウ球菌が高度に検出された。また、同施設では懸吊せず、のせ台を使って剥皮をしていたことから、作業中に、作業者手指から肉を汚染している可能性が考えられた。一方、本件対では、銃創は湯剥ぎ後において、各種衛生指標細菌の減少は顕著であった。

3) 野生鳥獣熟成肉の衛生評価

3)-1 わが国の野生鳥獣処理施設で生産された鹿熟成肉及び鹿非熟成肉における衛生指標細菌数の計測と食中毒起因細菌の分離状況

本研究で検討した鹿検体は、熟成により一般細菌は増加する傾向を示した。特に、施設 c では熟

成後、一般細菌数が有意 ($p < 0.05$) に増加し、中央値はそれぞれ熟成前で 3.8×10^3 CFU/g、熟成後で 8.3×10^6 CFU/g と 10^3 倍以上増加した。本施設では、発酵菌 (*Thamnidium*) をあらかじめ枝肉に付着させた後、ドライエイジング法で熟成させていた。本法により、熟成に用いるカビを安定的に増殖させ、熟成期間やトリミングの手間を抑え、腐敗菌によるコンタミネーションのリスク防止や品質の変動の改善を目的としている。しかし、本研究は、特に施設 c で処理された枝肉は、熟成により一般細菌数が有意に増加したことから、不適切なエイジングシートの使用や保管管理によって、枝肉を細菌によって汚染するリスクがあると考えられた。また、施設 a、b においても熟成後、一般細菌数が増加する傾向が認められた。本研究で対象とした施設では、いずれにおいても低温 ($1 \sim 3^\circ\text{C}$) で熟成処理をしていたことから、一般細菌数のうち、低温細菌が増殖していた可能性が考えられた。

本研究では、熟成により、大腸菌・大腸菌群数が低下する傾向が認められた。施設 b においては熟成前後共に全く検出されず、施設 a、c では大腸菌数が有意 ($p < 0.05$) に減少した。さらに、熟成後の検体からは、検討した全ての病原細菌は分離されなかった。特に施設 a では、熟成前の検体から *L. welshimeri* もしくは *L. innocua* が分離されたものの、熟成後の同一検体では検出されなかった。Ryu らも同様に、12 日、30 日、70 日、160 日間それぞれドライエイジング法により熟成した牛肉から、いずれも *Bacillus cereus*、*S. aureus*、*L. monocytogenes*、*E. coli* などの食中毒起因細菌は検出されなかったことを報告している。他にも、ドライエイジングビーフを対象とした研究では、熟成は枝肉中の STEC 0157 および一般的な *E. coli* を低下させることが報告されている。一般的に、屠殺後の嫌気的条件下では解糖により乳酸を生成し、肉の pH は $5.5 \sim 5.0$ にまで低下するが、その後熟成により pH は上昇し始める。*Salmonella*、STEC 0157、および *L. monocytogenes* の病原性株の混合物を牛肉の表面に接種し、42 日間熟成させた研究では、*Salmonella* および STEC 0157 株の数は、大幅に減少 (それぞれ $-0.07 \sim -0.14 \log_{10}$ cfu/日 および $-0.09 \sim -0.14 \log_{10}$ cfu/日) したものの、*L. monocytogenes* は、*Salmonella* や STEC 0157 に比べてより遅く減少し、長期間生存することが報告されている。この報告では、熟成前は、8 検体中 7 検体においては pH $5.34 \sim 5.68$ であったものが、熟成 42 日後では pH $5.60 \sim 5.99$ と上昇しており、*Salmonella* および STEC 0157 の減少と関与していると考えられている。本研究で対象としたいずれの施設においても、低温 ($1 \sim 3^\circ\text{C}$) でドライエイジングを実施していることから、熟成

により pH の上昇、水分活性の低下、さらには乳酸菌の増殖による抗菌活性が産生されたことにより、混入した可能性のある病原性細菌、および大腸菌群や大腸菌の増殖や生存を抑制したと考えられた。

熟成後の検体からは、検討した全ての病原細菌は分離されなかった。東京都健康安全研究センターが行った、「いわゆるドライエイジングビーフの衛生学的実態調査」では、都内の 5 施設で自家製造された熟成後のトリミング部位及びトリミング後表面の牛肉から *L. monocytogenes* や *S. aureus* 等の食中毒起因細菌が検出されている。今後、わが国において製造された熟成肉の衛生評価を継続して行う必要がある。

本研究では、検討した食中毒起因細菌のうち、施設 A の熟成前の検体から、*L. welshimeri* もしくは *L. innocua* が分離された。いずれの菌種も、食中毒起因細菌である *L. monocytogenes* と比べ肉類や乳製品だけでなく、野菜や果物などから幅広く分離されており、ヒトへの病原性はないものと考えられている。同菌は熟成前の検体から分離されたことから、熟成によって増殖したものではなく、食肉処理工程において、当該枝肉を汚染したものと考えられた。

3)-2 わが国で市販されていた鹿熟成肉及び鹿非熟成肉における衛生指標細菌数の計測と食中毒起因細菌の分離状況

本研究で検討した鹿熟成肉と鹿非熟成肉の衛生指標細菌数を比較した結果、一般細菌数は両者に有意差は認められなかった。しかしながら本研究では、鹿熟成肉を製造する施設 B、C において $0 \sim 2.8 \times 10^2$ CFU/g と一般細菌数が極めて低値を示したことから、熟成により必ずしも一般細菌数が増殖するわけではなく、熟成の条件や肉の取り扱いによって、検出される一般細菌数が左右される可能性が示唆された。

一方、大腸菌・大腸菌群数においてもまた、鹿熟成肉と鹿非熟成肉に有意差は認められなかったことから、今回対象とした施設において実施されている熟成方法は、特に糞便由来細菌を減少させる効果は限定的である可能性がある。2021 年の韓国のドライエイジングビーフを対象とした研究では、真菌が熟成に重要な役割を果たし、熟成により大腸菌群の増殖を抑制すると報告されている。本研究では特に、施設 B、C で製造された鹿熟成肉は大腸菌数・大腸菌群数ともにほとんど検出されなかったことから、当該施設で実施されている熟成法により大腸菌数・大腸菌群が減少した可能性が考えられる。

熟成を行なっている施設では、施設 A で、熟成を行なっていない施設では、施設 F でそれぞれ販

売された検体は、一般細菌数、ならびに大腸菌・大腸菌群数において、いずれもそれぞれ他の鹿熟成肉、および鹿非熟成肉を販売する施設に比べて、有意に高値を示したことから、特に施設 A および F においては、他の施設に比べ、高度に細菌汚染していることが示唆された。施設 A では熟成前に枝肉に種菌（菌種、菌量等は非公表）を塗布してから 1~3 ヶ月と長期間に亘って熟成を行っていることから、熟成期間中に種菌が増殖したことにより、一般細菌数が高値を示した可能性が考えられた。さらに、同施設で製造された鹿熟成肉は、大腸菌群・大腸菌数も高値を示したことから、当該施設における動物の捕獲、と殺、解体処理、食肉加工処理、もしくは枝肉の保存時において、枝肉への糞便汚染が発生したものと考えられた。さらに、これらの糞便汚染指標細菌は、熟成後の検体から検出されたことから、当該施設で実施している上記熟成方法では、腸内細菌の抑制効果は限定的である可能性が考えられた。腸内細菌には、大腸菌や *Salmonella* など、多くの食中毒起因細菌が含まれる可能性がある。今後、当該施設におけると殺、解体処理、食肉加工処理方法を検証し、衛生的な取扱いが実施されているかどうか、改めて検証する必要がある。一方、施設 F においては、熟成を行っていない施設であることから、当該施設における動物の捕獲、と殺、解体処理、食肉加工処理、もしくは、枝肉の保存などの一連の製造過程のいずれかにおいて、糞便や土壌などから細菌に汚染した可能性がある。

本研究では、食中毒起因細菌として、non-0157 STEC ならびに *L. monocytogenes* がいずれも鹿非熟成肉から分離された。non-0157 STEC は、2020 年にわが国で捕獲された鹿の糞便の 16.7% と、特に高率に分離されたことを報告している。本研究で non-0157 STEC が分離された鹿非熟成肉の生産段階において、枝肉が non-0157 STEC を含む糞便に汚染された可能性がある。

本研究では、*L. monocytogenes* が 9 検体から最も多く分離された。特に、本菌は施設 G で販売された鹿非熟成肉の 60% から分離された。本菌は低温細菌であるため、本菌に汚染したのちに、冷蔵庫内で保存されている間に増殖した可能性が考えられた。今後、当該施設 G において、枝肉を保存している冷蔵庫内における本菌の汚染状況について検討する必要がある。また、*L. monocytogenes* は平成 29 年度の「いわゆるドライエイジングビーフの衛生学的実態調査」においてもドライエイジングビーフのトリミング部位及びトリミング後表面から検出したと報告されている。特に牛肉のドライエイジングにおいては、一定の条件下において *Salmonella* 属菌と大腸菌を

減少させる一方、*L. monocytogenes* は増殖したと報告されている。また、フィンランドでは銃により狩猟されたオジロジカの 5% とヘラジカの 5% の枝肉表面から *L. monocytogenes* が検出されたと報告されている。以上のことから、鹿非熟成肉や、鹿熟成肉については、特に *L. monocytogenes* により汚染される可能性があること、さらに低温条件下で熟成する場合には、熟成中に低温細菌である同菌が増殖する可能性があることを、生産者や消費者に対して啓蒙する必要がある。また、本研究で分離した *L. monocytogenes* 株の病原性を評価し、潜在的なヒトへの感染源となる可能性を検討する必要がある。

一方、本研究で検討した鹿熟成肉からは、いずれの食中毒起因細菌も分離されなかった。熟成肉においては、*Lactobacillus* 属菌や *Enterococcus* 属菌の働きによって肉の pH が低下したことによって病原性細菌の増殖を抑制する効果があると報告されている。このことから、本研究で対象とした熟成肉においても、熟成期間中に混入した乳酸菌が増殖することによって肉の pH が低下し、食中毒起因細菌の増殖が抑制されている可能性がある。しかしながら前述の通り、施設 A のように、熟成をおこなっているにもかかわらず大腸菌群数・大腸菌が多く検出された施設が認められたため、熟成の条件によっては、その病原細菌に対する抑制効果は限定的となると考えられた。

⑥食品製造や調理段階における食品リスクの軽減に関する研究

アナグマ食肉の危害要因として aEPEC 及びサルモネラ属菌が新たに見出されたことは、腸内細菌科菌群検査が当該食肉の加工調理段階等での微生物リスク管理に有用な検証手法であることを提起するものであり、衛生管理のための手引書等へ活用することにより、事業者への普及啓発に資すると考えられる。また、ジビエ生ハム製造工程における微生物挙動に関する知見は、加工工程において留意すべき管理要件の例示へと繋がることが期待される。

E. 結論

①野生鳥獣が保有する病原体（ウイルス）の汚染状況に関する研究

1) HEV 疫学調査は、シカの HEV 感染が非常にまれな出来事であることが再確認された。イノシシ、特に子豚は HEV 感染のリスクが高いが、他の野生動物は HEV 感染のリスクが低いことが示唆された。

2) 野生獣の解体の際に、血液からの感染のリスクはかなり低いと考えられた。しかし、SFTSVは静岡県や千葉県といった新たな流行地域が報告され、流行地域の拡大が問題視されている。日本国内における SFTSV の正確な分布域を把握には今後も継続的な全国規模の疫学調査が必要である。

3) 国外で野生動物でのヒトから SARS-CoV-2 の感染が報告されたが、日本国内の 2020 年 2021 年に採取された野生動物の血清学調査では SARS-CoV-2 の抗体陽性はほぼ 0% であった。しかし多くの動物で SARS-CoV-2 の感染報告があり、国内でもヒトと近い地域に生息する野生動物のいることから引き続き調査を行いたい。

② 野生鳥獣が保有する食中毒細菌の汚染状況と薬剤耐性に関する研究

1) 昨年度同様、黄色ブドウ球菌の分離率がイノシシ糞便よりシカ糞便から高率であることから、イノシシよりシカの方が、黄色ブドウ球菌の保菌率が高いことを強く示唆している。

2) 本研究により、CC121 から分岐した新たなクローン集団に属する黄色ブドウ球菌がシカやイノシシなどの野生鳥獣における優占クローンであることが明らかとなった。

3) 上記の野生動物優占クローンに属する黄色ブドウ球菌株は糞便及び食肉検体の両者から分離されたことから、処理工程における流通食肉への糞便汚染が疑われた。

4) 食肉検体由来の分離菌株について、処理施設ごとに分離率が異なり、特に施設 E では特に高い分離率であった。これらの施設で処理された食肉における一般細菌数及び大腸菌群数は高値であり、また大腸菌も検出されており、高い分離率との相関性も糞便汚染を強く支持していると考えられる。

5) 分離菌株のエンテロトキシン遺伝子保有状況に着目すると現時点での分離菌株の多くは、egc 関連の新型エンテロトキシンのみ保有しており、このような菌株による食中毒発生のリスクは低いと推測される。しかし本年度は、過去に報告された食中毒事例由来株と同程度の SEC を産生する株も分離されたため、継続的なモニタリングが必要である。

6) 本年度も CRE は分離されなかったことから、野生鳥獣の環境にはまだ拡散していないことが示唆された。また、セフェム系薬剤耐性腸内細菌目細菌の β ラクタマーゼ遺伝子の保有状況に着目すると、昨年度同様、主に環境中に広く分布している bla が検出された。現時点では、野生獣が保有する株を原因とする薬剤耐性菌感染症の発生リスクは低いと予測されるが、カルバペネムの効きづらい

AmpC 過剰産生菌が 1 株分離されるなど、野生鳥獣環境でも徐々に耐性化の進行や広域スペクトルの耐性遺伝子の広がり懸念される結果と考えられるため、今後も継続的なモニタリングが必要である。

③ 野生鳥獣が保有する病原体（寄生虫）の汚染状況に関する研究

わが国で発生したクマ肉喫食による旋毛虫食中毒の病因物質 *Trichinella* T9 を、調理の現場を想定した実験系を用いて 65°C で 15 分間加熱したところ、マウスへの感染性が完全に消失することが検証された。

令和 2 年度から、北海道および北東北の 3 県（青森県、秋田県及び岩手県）で捕獲されたクマの舌検体を検査し、旋毛虫幼虫の寄生状況を 4 年間、継続して調査した。その結果、北海道で捕獲された 236 頭のクマ（ヒグマ）のうち 6 頭から、また北東北で捕獲された 117 頭のクマ（ツキノワグマ）のうち 1 頭（岩手県）から、旋毛虫の幼虫が検出された。いずれも遺伝子検査の結果から、日本固有種の *Trichinella* T9 と同定された。秋田県で捕獲されたイノシシ 10 頭は、いずれも旋毛虫陰性であった。

なお遺伝子検査は、冷凍保存した検体を用いて概ね一括して実施したことから、令和 4 年度の成績だけでなく、4 年間の成績を総括して、ここに報告した。

④ 異常個体の病理学的検索とカラーアトラスの充実

安心・安全なジビエ肉の流通を目指してカラーアトラスを作成した。

⑤ 処理施設における解体処理工程での微生物汚染防止に関する研究

1) 屋外で剥皮、内臓摘出を行った枝肉では、比較的高度に一般細菌数が検出された。

2) 「剥皮」→「内臓摘出」の順で処理された枝肉からは、「内臓摘出」→「剥皮」の順で処理された枝肉に比べ、有意に高い一般細菌数の値を示した。

3) 「のせ台」は、「懸吊」より高度に一般細菌数が検出された。

4) 「ウィンチ」「手剥ぎ」間に有意差は認められなかった。

5) 作業工程中のナイフ、作業者手指は枝肉への汚染源となる可能性が確認された。

6) 熟成肉では、一般細菌数が増加するものの、大腸菌群・大腸菌は低下する傾向がある。

7) わが国でインターネットにて市販されている野生鹿肉は、概ね細菌汚染は低値であったが、一部の施設で販売されていたものにおいて、極めて高度に細菌汚染をしているものも確認された。

⑥食品製造や調理段階における食品リスクの軽減に関する研究

- 1) アナグマ食肉製品では phylogroup B2 に属する非定型腸管病原性大腸菌 (aEPEC) の汚染を受けている実態を把握した。
- 2) ジビエ生ハム製造の塩蔵工程では温度及び塩分濃度の管理等が微生物制御に重要であることを示す知見を得た。
- 3) カモ盲腸便からカンピロバクター及び aEPEC された。

F. 健康危機情報 なし

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Ohnishi T, Banzai A, Hara-Kudo Y, Sugiyama H. Prevalence and abundance of Anisakis larvae in ready-to-eat mackerel products in Japan. *Int J Food Microbiol.* 2023 Jun 16;395:110181. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110181. Epub 2023 Mar 23. PMID: 37001481.
2. Makino T, Sugiyama H, Oshima M, Mizawa M, Shimizu T. Cutaneous gnathostomiasis caused by *Gnathostoma spinigerum*. *Br J Dermatol.* 2022 May;186(5):e198-e199. doi: 10.1111/bjd.21007. Epub 2022 Apr 15. PMID: 35428971.
3. Fredes F, Mercado R, Salas IP, Sugiyama H, Kobayashi H, Yamasaki H. Morphological observation and molecular phylogeny of *Spirometra decipiens* complex 1 (Cestoda: Diphyllbothriidae) found in cat from Chile. *Parasitol Int.* 2022 Apr;87:102493. doi: 10.1016/j.parint.2021.102493. Epub 2021 Nov 1. PMID: 34737073.
4. Calvopiña M, Bastidas-Caldes C, Romero F, Villacrés-Granda I, Pointier JP, Takagi H, Sugiyama H. Molecular Identification of the Human Pathogen *Amphimerus* sp. in the Freshwater Snail *Aroapyrgus* sp. in Ecuador. *Am J Trop Med Hyg.* 2021 Oct 25;106(1):222-228. doi: 10.4269/ajtmh.21-0697. PMID: 34695797; PMCID: PMC8733541.
5. Sugiyama H, Shiroyama M, Yamamoto I, Ishikawa T, Morishima Y. Anisakiasis Annual Incidence and Causative Species, Japan, 2018–2019. *Emerg Infect Dis.* 2022 Oct;28(10):2105–2108. doi: 10.3201/eid2810.220627. PMID: 36148963; PMCID: PMC9514333.
6. Asai T, Usui M, Sugiyama M, Andoh M. A survey of antimicrobial-resistant *Escherichia coli* prevalence in wild mammals in Japan using antimicrobial-containing media. *J Vet Med Sci.* 84(12):1645–1652, 2022
7. Takai S. Guidelines on the hygienic management of wild meat in Japan. *Meat Sci.* 2022. 191:108864.
8. Matsuu A, Doi K, Ishijima K, Tatemoto K, Koshida Y, Yoshida A, Kiname K, Iwashita A, Hayama S-i, Maeda K. Increased Risk of Infection with Severe Fever with Thrombocytopenia Virus among Animal Populations on Tsushima Island, Japan, Including an Endangered Species, Tsushima Leopard Cats. *Viruses.* 2022; 14(12):2631. <https://doi.org/10.3390/v14122631>
9. Takeishi M, Kuwata R, Ono T, Sasaki A, Ogata M, Iwata E, Taji S, Koike M, Nemoto M, Bannai H, Isawa H, Maeda K, Morikawa S, Kitagawa H, Yoshikawa Y. Seroconversion of anti-Getah virus antibody among Japanese native Noma horses around 2012. *J Vet Med Sci.* 2022 Nov 18;84(12):1605–1609. doi: 10.1292/jvms.22-0306. Epub 2022 Oct 28. PMID: 36310045.
10. Mendoza MV, Yonemitsu K, Ishijima K, Kuroda Y, Tatemoto K, Inoue Y, Shimoda H, Kuwata R, Takano A, Suzuki K, Maeda K. Nationwide survey of hepatitis E virus infection among wildlife in Japan. *J Vet Med Sci.* 2022 Jul 10;84(7):992–1000. doi: 10.1292/jvms.22-0237. Epub 2022 Jun 7. PMID: 35675975; PMCID: PMC9353082.
11. Tatemoto K, Ishijima K, Kuroda Y, Mendoza MV, Inoue Y, Park E, Shimoda H, Sato Y, Suzuki T, Suzuki K, Morikawa S, Maeda K. Roles of raccoons in the transmission cycle of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus. *J Vet Med Sci.* 2022 Jul 10;84(7):982–991. doi:

10. 1292/jvms.22-0236. Epub 2022 May 31. PMID: 35650167; PMCID: PMC9353098.
12. Rattanatumhi K, Prasertsincharoen N, Naimon N, Kuwata R, Shimoda H, Ishijima K, Yonemitsu K, Minami S, Supriyono, Tran NTB, Kuroda Y, Tatemoto K, Virhuez Mendoza M, Hondo E, Rerkamnuaychoke W, Maeda K, Phichitraslip T. A serological survey and characterization of Getah virus in domestic pigs in Thailand, 2017–2018. *Transbound Emerg Dis.* 2022 Mar;69(2):913–918. doi: 10.1111/tbed.14042. Epub 2021 Apr 27. PMID: 33617130.
13. Morita S, Sato S, Maruyama S, Miyagawa A, Nakamura K, Nakamura M, Asakura H, Sugiyama H, Takai S, Maeda K, Kabeya H. Prevalence and whole-genome sequence analysis of *Campylobacter* spp. strains isolated from wild deer and boar in Japan. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 2022 Feb 12;82:101766. doi: 10.1016/j.cimid.2022.101766. Epub ahead of print. PMID: 35176619.
14. Nabeshima K, Sato S, Brinkerhoff RJ, Amano M, Kabeya H, Itou T, Maruyama S., Prevalence and Genetic Diversity of *Bartonella* Spp. in Northern Bats (*Eptesicus nilssonii*) and Their Blood-Sucking Ectoparasites in Hokkaido, Japan, *Microb Ecol.* 2022 doi: 10.1007/s00248-021-01935-0
15. 杉山 広, 野生鳥獣が保有する病原寄生虫の汚染に関する研究, *食品衛生研究*, 2022, 72(9), 21–28.
16. 山本詩織, 秋元真一郎, 迫井千晶, 山田 研, 壁谷英則, 杉山 広, 高井伸二, 前田 健, 朝倉宏. 低温調理による野生鹿肉及び猪肉での中心温度挙動と細菌不活化効果に関する検討. *日本食品微生物学会雑誌. Jpn. J. Food Microbiol.* 2022. 39(2): 77–82
17. 前田 健「野生獣におけるE型肝炎、重症熱性血小板減少症候群(SFTS)等の浸潤状況」令和4年度野生獣衛生推進体制促進事業に係る普及啓発資料「野生獣と家畜の伝染病伝播防止に向けて」2023年5月 p66–p71
18. 前田 健「E型肝炎ウイルス」『生食のはなし』川本伸一、朝倉宏、稲津康弘、畑江敬子、山崎浩司編集(朝倉書店)2023年4月 p74–75
19. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群(SFTS)」日本の感染症：明らかにされたこと 残されたこと(菅又昌美編集)(南山堂)2022. 10. P237–246
20. 前田 健「新型コロナウイルスはヒト以外の動物にも感染するのでしょうか。」インフルエンザ[その他の呼吸器感染症](メディカルレビュー社)2022. 23(3)38
21. 前田 健「過去最悪! マダニに注意」NHK出版「今日の健康」2022. 10 p64–67
22. 前田 健「野生鳥獣における病原ウイルスの保有状況に関する研究」*食品衛生研究* 2022. 9. 72 (9) 11–20
23. 倉井華子、田向健一、前田 健「動物と人のSFTS」第3回動物から学ぶ人の医療 J-IDEO 2022. 6(4):571–575
24. 前田 健「SARS-CoV-2の起源について考える」*クリーンテクノロジー* 2022. 32(10):21–25
25. 前田 健「One Health: 動物の感染症から考える」特集—ワンヘルスの実践と今後の可能性 ~動物・人・自然環境(I) 一日獣会誌 75 242~245 (2022)
2. 学会発表
1. 後藤真優, 浅井隆之, 安藤匡子. 鹿児島県の野生動物におけるアナプラズマ症, リケッチア症, Q熱起因菌細菌の遺伝子保有状況. 第165回日本獣医学会学術集会. Web開催. 2022年9月6日
2. 浅井隆之, Kwon MyoungHyun, 明石尚美, 後藤真優, 安藤匡子. 鹿児島県の野生ニホンザルにおける薬剤耐性大腸菌の保有状況. 第165回日本獣医学会学術集会. Web開催. 2022年9月7日.
3. 浅井鉄夫, 臼井優, 杉山美千代, 安藤匡子. 抗菌剤含有培地を用いた野生哺乳動物における薬剤耐性大腸菌の分布. 第24回腸管出血性大腸菌感染症研究会. 神奈川県川崎市. 2022年10月14日
4. 後藤真優, 安藤匡子. 屋久島のマダニとそのコクシエラ, リケッチア, アナプラズマ保有状況. 第74回日本寄生虫学会南日本支部大会第71回日本衛生動物学会南日本支部大会合同大会. 福岡県北九州市. 2022年10月30日.
5. Shinji Takai ” Guidelines on the Hygienic Management of Wild Meat in Japan” 68th International Congress of Meat Science and Technology, August 25, 2022, Kobe, Japan
6. 鈴木 康規、高井 伸二、久保田 寛顕、長谷川 乃映瑠、小林 甲斐、壁谷 英則、入江 隆夫、佐々木 由香子、角田 勤 「野生鳥獣糞便か

- らの黄色ブドウ球菌及びβラクタム系抗菌薬耐性腸内細菌目細菌の分離とゲノム解析」第43回日本食品微生物学会学術総会、2022年9月29-30日、タワーホール船堀（東京）
7. 村上正樹, 杉山 広, 森嶋康之, 常盤俊大, 北海道および東北地方北部のクマ類およびイノシシにおける旋毛虫 (*Trichinella*) の感染状況調査, 第28回日本野生動物医学会 (2022年9月22-24日, つくば)
 8. 石井 香菜, 鈴木 綾乃, 田中 裕梨, 佐藤 真伍, 丸山 総一, *壁谷 英則, 野生鳥獣食肉処理工程における拭き取り検体を対象とした細菌叢解析, 第165回日本獣医学会学術集会, 令和4年9月6~8日, 麻布大学 (Web形式)
 9. 佐藤真伍, 西岡絵夢, 壁谷英則, 丸山総一, 人およびサルから分離した塹壕熱原因菌 *Bartonella quintana* の完全長ゲノムの比較解析, 第40回日本獣医師会獣医学術学会年次大会, 令和4年11月11日~13日, ヒルトン福岡シーホーク
 10. 立本完吾, 石嶋慧多, 朴ウンシル, 平良雅克, 黒田雄大, Milagros Virhuez Mendoza, 原田倫子, 井上雄介, Ngo Thuy Bao Tran, 西野綾乃, 下田 宙, 鈴木和男, 森川 茂, 前田 健「国内の野生動物における SFTSV の疫学研究 2021」第74回日本衛生動物学会大会, 2022年4月8-10 (Web)
 11. 平良雅克, 立本完吾, 石嶋慧多, 朴ウンシル, 前田 健「千葉県内の野生動物における重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) 血清疫学調査」第74回日本衛生動物学会大会, 2022年4月8-10 (Web)
 12. 井上雄介, 小林大介, 鈴木亮介, 松田麻未, 加来義浩, 石嶋慧多, 黒田雄大, 立本完吾, Milagros Virhuez Mendoza, 原田倫子, 西野綾乃, 下田 宙, 伊澤晴彦, 前田 健「SRIPを用いた新規フラビウウイルスの血清学的調査」第56回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 神奈川県足柄下郡湯河原町, 2022年6月10日~11日
 13. 武石真音, 尾形萌音, 佐々木旭美, 井上有希, 木村俊也, 楯田龍星, 下田 宙, 伊澤晴彦, 前田 健, 吉川泰弘「春採血の肥育ブタ血清から検出された日本脳炎ウイルスおよびゲタウイルス抗体」第56回日本脳炎ウイルス生態学研究会, 神奈川県足柄下郡湯河原町, 2022年6月10日~11日
 14. 朝倉 宏, 山本詩織, 壁谷英則, 杉山 広, 高井伸二, 前田 健「アナグマ食肉における衛生実態の探索」第165回日本獣医学会学術集会, 神奈川県相模原市・麻布大学, 2022年9月6日~8日
 15. 平良雅克, 石嶋慧太, 立本完吾, 朴ウンシル, 西嶋陽奈, 太田茉里, 佐藤重紀, 高松由基, 吉河智城, 黒須 剛, 下島 昌幸, 西條政幸, 前田健「千葉県の不明熱患者における重症熱性血小板減少症候群遡及調査とシカでの血清疫学調査」第165回日本獣医学会学術集会, 神奈川県相模原市・麻布大学, 2022年9月6日~8日
 16. 立本完吾, 石嶋慧多, 朴ウンシル, 平良雅克, 黒田雄大, ビルヘスメンドーサ ミラグロス, 井上雄介, 原田倫子, 西野綾乃, 山本つかさ, 鈴木和男, 森川 茂, 前田 健「野生動物種における重症熱性血小板減少症候群ウイルスの感染状況の比較」第165回日本獣医学会学術集会, 神奈川県相模原市・麻布大学, 2022年9月6日~8日
 17. 松鶴 彩, 越田雄史, 石嶋慧多, 平良雅克, 立本完吾, 前田 健「対馬における動物の重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) ウイルス特異的抗体保有状況の調査」第165回日本獣医学会学術集会, 神奈川県相模原市・麻布大学, 2022年9月6日~8日
 18. 井上雄介, 小林大介, 松田麻未, 加来義浩, 石嶋慧多, 黒田雄大, 立本完吾, Milagros Virhuez Mendoza, 原田倫子, 西野綾乃, 下田宙, 伊澤晴彦, 鈴木亮介, 前田 健「新規フラビウウイルスの遺伝子検出及び血清学的調査」第165回日本獣医学会学術集会, 神奈川県相模原市・麻布大学, 2022年9月6日~8日
 19. 平良雅克, 石嶋慧多, 立本完吾, 朴ウンシル, 西嶋陽奈, 太田茉里, 佐藤重紀, 高松由基, 吉河智城, 黒須 剛, 下島昌幸, 西條政幸, 前田健「千葉県の不明熱患者における重症熱性血小板減少症候群遡及調査とシカでの血清疫学調査」第4回 SFTS 研究会, 山口大学及び Web, 2022年9月10日
 20. 立本完吾, 石嶋慧多, 朴ウンシル, 平良雅克, 黒田雄大, ミラグロスビルベスメンドーサ, 井上雄介, 原田倫子, 西野綾乃, 山本つかさ, 鈴木和男, 前田 健「野生動物における重症熱性血小板減少症候群ウイルスの感染状況の動物種間比較」第4回 SFTS 研究会, 山口大学及び Web, 2022年9月10日
 21. 松鶴 彩, 土井寛大, 越田雄史, 石嶋慧多, 立本完吾, 吉田彩子, 羽山伸一, 前田 健「対馬の動物における重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) ウイルス特異的抗体保有状況調査」
 22. 井上雄介, 小林大介, 松田麻未, 加来義浩, 石嶋慧多, 黒田雄大, 立本完吾, Milagros

Virhuez Mendoza、原田倫子、西野綾乃、下田宙、伊澤晴彦、鈴木亮介、前田 健「単回感染性粒子を用いた新規フラビウスの血清学的調査への試み」第 22 回 人と動物の共通感染症研究会学術集会、オンライン、2022 年 10 月 29 日

3. 講演会

1. 高井 伸二「野生鳥獣肉の衛生管理：食中毒を予防するには」野生鳥獣処理活用技術者研修会（広島県会場）2022 年 9 月 13 日、向原生涯学習センターみらい（広島）
2. 高井 伸二「野生鳥獣由来食肉の安全性の確保とリスク管理」野生鳥獣処理活用技術者研修会（北海道会場）2022 年 10 月 17 日、新冠町レ・コード館シアタールーム（北海道）
3. 高井 伸二「野生鳥獣の感染症：狩猟者・処理者・消費者の感染防止」野生鳥獣処理活用技術者研修会（宮崎県会場）2022 年 11 月 7 日、上米良公民館（宮崎）
4. 高井 伸二「野生鳥獣由来食肉の安全性の確保とリスク管理」野生鳥獣処理活用技術者研修会（長野県会場）2022 年 12 月 8 日、長野市生涯学習センター（長野）
5. 高井 伸二「衛生管理及び疾病」令和 4 年度ジビエハンター研修会（試行）2022 年 10 月 3 日、10 月 8 日、11 月 19 日、2023 年 2 月 18 日（計 4 回）オンライン開催
6. 高井 伸二「安全安心にお肉を堪能するために 一畜産物とジビエの違い」特別セミナー 伯方島 2023 2023 年 2 月 19 日、オンライン開催 壁谷英則、野生獣肉利用における衛生管理の留意点、令和 4 年 11 月 17 日（木）、奈良県橿原市・大和平野土地改良区、約 50 名、奈良県畜産協会
7. 壁谷英則、「ジビエにおける食品衛生上の問題点ー寄生虫汚染を中心にー」野生鳥獣における病原細菌保有状況、令和 5 年 2 月 4 日（土）、東京大学・弥生講堂、日本獣医学会・市民公開講座
8. Ken Maeda “Coronavirus infection in animals” The 3rd Joint Meeting of Veterinary Science in East Asia, May 2nd, 2023 13:45-14:15 in National Pingtung University of Science and Technology, Pingtung, Taiwan
9. Ken Maeda” Recent Occurrence of Zoonosis in Japan” Joint symposium: Infectious Disease Control and One Health Approach. The 16th China-Japan-Korea Forum for Communicable Disease Control and Prevention (WEB) December 8, 2022 9:20-18:00
10. 前田 健「マダニが媒介する重症熱性血小板減少症候群(SFTS)」日本医師会・日本獣医師会・厚生労働省による連携シンポジウム「COVID-19 時代をペットとともに乗り切るーCOVID-19 だけじゃない人と動物の感染症ー」令和 4 年 11 月 13 日 13:00-15:30
11. 前田 健「Emerging Tick-Borne Viral Infectious Diseases In Asia」Special symposium Part II “One Health Approach from Asia <Zoonosis and One Health>” November 11, 2022
12. 前田 健「動物由来感染症をもっと知ってください」第 21 回分子予防環境医学研究会大会特別シンポジウム「人獣共通感染症」2022 年 2 月 8 日（金）13:00~17:00（オンライン開催）
13. 前田 健「コロナウイルスの起源を考える」第 5 回鹿児島大学感染症制御のためのシンポジウム 令和 4 年 1 月 28 日（金）16:00~18:00（Zoom 開催）
14. 前田 健「新型コロナウイルスの reverse zoonosis と伴侶動物のコロナウイルス」令和 3 年度日本獣医師会獣医学術学会年次大会シンポジウム「人と動物のコロナウイルス感染症」[企画：公益社団法人日本獣医学会 微生物分科会]
15. 前田 健「動物由来感染症を考える：One Health アプローチの重要性」東京理科大学-国立感染症研究所第 4 回感染症勉強会 2023 年 3 月 8 日 18:00- Zoom
16. 前田 健「動物由来感染症の蔓延：One Health アプローチの重要性」第 6 回獣医微生物学フォーラム特別講演 2023 年 3 月 4 日東京大学中島薫一郎記念ホール
17. 前田 健「マダニ媒介感染症：東北でも注意！」山形県公衆衛生学会特別講演 令和 5 年 3 月 1 日（金）13:10-14:30 山形県立保健医療大学
18. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群(SFTS)の現状について」滋賀県獣医師会令和 4 年度人獣共通感染症研修会令和 5 年 2 月 1 日（水）14:10-15:00 ポストプラザ草津 6 階
19. 前田 健「マダニ媒介感染症 SFTS の感染拡大」神戸大学大学院医学研究科メディカルトランスフォーメーション研究センター令和 5 年 2 月 10 日（金）10:25-11:55 淡路夢舞台国際会議場
20. 前田 健「動物と楽しく暮らすために知っておきたい動物由来感染症」感染症市民公開講

座 知らなかった感染症の「へー、そうなんだ！」2023/1/10 (火) 18:30~20:00 Zoom Webinarによるオンライン

21. 前田 健「新型コロナウイルスの変異と病原性」日本バイオセーフティ学会 第 21 回総会・学術集会特別講演 1 我が国における新型コロナウイルス感染症対策 I 戸山サンライズ (東京都新宿区) 令和 4 年 12 月 6 日 15:15~16:00
22. 前田 健「感染症対策における One Health アプローチの重要性」第 69 回日本ウイルス学会学術集会教育セミナー2 (共催:アドテック株式会社) 令和 4 年 11 月 14 日 12:40-13:40
23. 前田 健「動物由来感染症の情報と気を付けるべき対応」ペストコントロールフォーラム 東京都ペストコントロール協会と武蔵野市の共同開催 2022 年 9 月 WEB 開催
24. 前田 健「新興感染症の現状とその発生要因: One Health approach の重要性」日本バイオセーフティ学会 設立 20 周年記念講演 令和 4 年 9 月 9 日 (金) 11 時から 14 時ホテル プリンセスガーデン
25. 前田 健「人と動物の共通感染症」ワンヘルス サマーセミナー飯田高原ボスコ: 2022 年 8 月 27 日 (土) 15~16 時
26. Ken Maeda “One Health Approach” The 4th international summer course on sustainability of tropical animal production. 8th July, 2022 11:00-12:00(JP) (WEB)
27. 前田 健「SFTS の発生から 10 年と今後の課題」衛生微生物技術協議会第 42 回研究会 令和 4 年 6 月 30 日 (木) 15:10-16:10 (質疑応答含む)
28. 前田 健「日本・アジアにおける動物由来感

染症の広がり (経緯や現状の概観) とワンヘルスの観点からの対策・研究にあたっての課題や留意点」第 3 回 IDE ワンヘルス研究会 2022 年 6 月 17 日 (金) 15~18 時アジア経済研究所 C21 会議室+Zoom オンライン

29. 前田 健「One Health の時代:基礎研究の蓄積と多分野連携へ」第 9 回筑波大学・東京理科大学合同リトリート2022 年5月29日(日) 13:00~18:00 東京理科大学 生命医科学研究所 2 階大講義室ハイブリッド開催 (オンライン開催)
30. Ken Maeda “Back to its roots: JEV in people and animals in Japan” Japanese Encephalitis Virus - International One Health perspectives - 21 April, 3:00-4:30 pm AEDT, 2022
31. 前田 健 「人獣共通感染症」FETP Introductory Course 2022 2022/04/26 会場 感染研(飯田橋オフィス)
32. 前田 健「SFTS から One Health について考える」令和 3 年度高知県公衆衛生獣医師協議会研修会、総合あんしんセンター2 回保健所大会議室、令和 4 年 4 月 16 日 (土) 14:00~16:30 (質疑応答含む)

H. 知的財産権の出願・登録状況

1. 特許取得
なし

2. 実用新案登録
なし

3. その他
なし