

令和6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)  
と畜・食鳥処理場における HACCP の検証及び食肉・食鳥肉の衛生管理の向上に資するための研究  
分担研究報告書

分担研究項目:食鳥内臓肉における病原微生物の汚染実態把握と汚染低減に向けた研究

分担研究者 中馬猛久

所属 鹿児島大学共同獣医学部

### 研究要旨

加熱不十分の鶏レバーの喫食による食中毒が散見されるが、鶏レバーの汚染実態等についての情報は十分ではない。そこで、本研究では食鳥内臓肉における病原微生物の汚染実態を調査し、特にモニタリングすべき対象微生物に検討を加えた。本年度は、鶏レバーを汚染するカンピロバクター属菌の菌数を計測するとともに、サルモネラ属菌汚染実態を調べた。また、鶏レバー内部からはカンピロバクター属菌とサルモネラ属菌のみならず、それ以外の菌の分離同定も試みた。生レバー62検体中40検体でカンピロバクターが検出され、27検体は3-1,400 MPN/10gの値を示し、13検体は1,400 MPN/10gよりも高い値を示した。平板希釈法では、62検体中16検体でカンピロバクターが検出され、最高で $1.3 \times 10^3$  cfu/gの菌数を示した。表面焼烙後、カンピロバクター陽性率は低減しなかったが、菌数は表面加熱前に比べて有意に低い値を示し、18検体中13検体において表面焼烙後に菌数の低減を認めた。レバー断面からのカンピロバクターの陽性率は30.6%で、店舗間の陽性率に有意差を認めた。レバー断面から最も高頻度に分離されたのは、エロモナス属菌であり、食中毒菌として知られる *A. hydrophila* の分離を認めた。サルモネラの陽性率は69.6%であり、定量した24検体中6検体が3-9 MPN/10gに分布した。鶏レバーは表面、内部ともに高い頻度でカンピロバクターに汚染されていたが、内部の汚染菌数は表面に比べて低い値を示した。また、内部には食中毒菌として知られるエロモナスが高率で存在することが明らかとなった。さらに、高い頻度でサルモネラによる汚染を認めたが、その菌数は著しく低い値を示した。これらの病原体が鶏レバーの喫食に伴う食品安全上の重要なリスク要因であることが示唆された。

### A 研究目的

国内の食鳥処理場では令和3年より「HACCPに基づく衛生管理」が本格施行となり、食鳥と体を対象に、現場検査、微生物試験、並びに記録検査が自治体の食鳥検査員により行われる体制で運用されている。こうした検査体制の確立と維持は我が国における食肉、食鳥肉の安全性確保に不可欠な要素である。我が国には「鶏刺し」のような生食文化が存在し、生食用として供される鶏肉の生産加工にはより一層の衛生管理が必要とされることから、そのための基礎データが収集されてきた。しかしながら、鳥の内臓肉、特に肝臓(レバー)については十分な基礎デー

タが得られておらず、加熱不十分の鶏レバーの喫食による食中毒は制御できていないものと思われる。そこで、本研究では食鳥内臓肉における病原微生物の汚染実態を調査し、特にモニタリングすべき対象微生物に検討を加える。本年度は、市販鶏レバーにおけるカンピロバクターの定量的汚染状況を昨年度に引き続き調査し、生レバーだけでなく表面焼烙を施したレバーも対象としてカンピロバクターの内部汚染実態について検討した。併せてレバー断面における好気性細菌の分布状況およびサルモネラの定性・定量的汚染状況の調査も実施した。

## B 研究方法

### 1. 供試材料

2023年から2024年に鹿児島県内の小売店4店舗で加熱用食鳥肉原材料として販売されていた鶏レバー計62検体について調査した。なお、本研究では約200g入りの1パックを1検体とした。小売店4店舗をそれぞれA店、B店、C店、D店とし、A店およびB店からそれぞれ19検体、C店から17検体、D店から7検体を得た。

### 2. Most Probable Number (MPN)法による生レバーのカンピロバクター数評価

検体25gにプレストン培地225mLを加え30秒間ストマッカー処理を行い、原液とした。これをプレストン培地で10倍および100倍に希釈し、3段階希釈系列を調製した。原液、10倍希釈液、100倍希釈液の10mLをそれぞれ3本ずつ計9本調製し、42°C、微好気条件下で48時間培養した。その後1白金耳量をバツラー寒天培地に画線塗抹し、上記と同様の条件下で培養した。発育したカンピロバクター様コロニーは同条件下で純培養し、PCR法により*C. jejuni*または*C. coli*の同定を行った。MPN法において検出可能菌数は3 MPN/10g以上1,400 MPN/10g未満であり、本研究では3 MPN/10g未満を示した検体を陰性とみなした。1,400 MPN/10g以上を示した検体は平板希釈法にて菌数が算定された。

### 3. 平板希釈法による生レバーのカンピロバクター数評価

検体10gにチオ硫酸ナトリウム添加緩衝ペプトン水(BPW-ST)90mLを加え、30秒間ストマッカー処理を行い、原液とした。これをBPW-STで10倍、100倍、1000倍に希釈し4段階希釈系列を調製した。1白金耳量の希釈液を各希釈段階につき2枚ずつのmCCDA Clear寒天培地(日本ベクトン・ディッキンソン株式会社)に接種し、42°C、微好気条件下で48時間培養した。発育したカンピロバクター様コロニー数を算定した後、上記と同様の条件下で純培養し、PCR法により*C. jejuni*または*C. coli*の同定を行った。平板希釈法では $1.0 \times 10^2$  cfu/g以上が検出され、本研究では $1.0 \times 10^2$  cfu/g未満を示した検体を陰性とみなした。

### 4. MPN法による表面焼烙レバーのカンピロバクター数評価

カンピロバクター菌数の評価を行った生レバー検体の

一部24検体で、表面焼烙後にレバー内部のカンピロバクター菌数を評価した。検体約40gを採取し、表面をエタノール綿で消毒した。ガスバーナーの火に約20秒間当てた金属ヘラを用いて検体の表面を約10秒間焼烙し、表面から約1mmの範囲にタンパク変性が認められる状態とした。写真1に断面の状態を示す。表面が全て加熱されるように場所を変えて金属ヘラで焼烙することを繰り返した。なお、表面加熱を行なった部分は無菌的に取り扱った。その後、表面から中心部までが含まれるように25gを秤量し、上述と同様の手順でMPN法を実施した。

### 5. レバー断面からの細菌分離同定

検体の表面をエタノール綿で消毒した後、滅菌済み剪刀で切断した。断面をバツラー寒天培地と血液寒天培地にスタンプした。バツラー寒天培地を42°C、微好気条件下で48時間培養し、血液寒天培地を37°C、好気条件下で48時間培養した。バツラー寒天培地に発育したカンピロバクター様コロニーは純培養され、上述したPCR法により同定された。血液寒天培地に発育したコロニーから形態が異なるものを各検体最大3種類釣菌し、純培養した。その後、分離された全ての菌株においてMALDI-TOF MS (Brucker Daltonics)を用いて同定を試みた。MALDI-TOF MSのマニュアルに従い、スコアが1.7以上の場合を菌属まで同定可能とし、2.0以上の場合を菌種まで同定可能とした。スコアが1.7未満であった菌株は16SrRNAシーケンスを実施し、この解析結果をもとにNucleotide BLAST (National Center for Biotechnology Information)を用いて細菌種を同定した。

### 6. サルモネラ属菌の検出と菌数推定

1. 検体25gに225mLのラパポート・バシリアディス(RV)培地(栄研科学株式会社)を加えて30秒間ストマッカー処理を行い、42°C、好気条件下で24時間増菌培養した。その後、1白金耳量をランバック寒天培地に画線塗抹し、37°C、好気条件下で24時間培養した。発育したサルモネラ様コロニーを釣菌し、37°C、好気条件下で24時間純培養した。TSI半斜面培地、LIM高層培地、GIT斜面培地を用いた性状検査およびO群多価血清を用いたスライド凝集試験によりサルモネラと同定した。陽性であったものはO抗原型別試験およびH抗原型別試験を行い、血清型を調

査した。サルモネラ菌数の推定には MPN 法を用いた。

検体 25g に緩衝ペプトン水 (BPW: OXOID) 225ml を加えて 30 秒間ストマッカー処理を行い、原液とした。これを BPW で 10 倍および 100 倍に希釈し、3 段階希釈系列を調製した。各希釈段階につき 10ml をそれぞれ 3 本ずつ計 9 本調製し、37°C、好気条件下で 24 時間培養した。各試験管の培養液 1ml を RV 培地 9ml に接種後、42°C、好気条件下で 24 時間増菌培養し、それぞれ 1 白金耳量を XLD 培地 (OXOID) に塗抹し 37°C、好気条件下で 24 時間培養した。発育したサルモネラ様コロニーを上述の方法で同定した。

### C. 研究結果

#### 1. 生レバーのカンピロバクター汚染状況

MPN 法により評価した生レバーのカンピロバクター汚染の分布を表 2-1 に示した。MPN 法では、62 検体中 40 検体でカンピロバクターが検出され、35 検体から *C. jejuni*、5 検体から *C. coli* が分離同定された。陽性を示した検体のうち 13 検体は 1,400 MPN/10g 以上を示し、27 検体は 3 MPN/10g から 1,400 MPN/10g の範囲に分布した。

平板希釈法により評価した生レバーのカンピロバクター汚染の分布を表 2-2 に示した。平板希釈法では 62 検体中 16 検体からカンピロバクターが検出され、13 検体から *C. jejuni*、3 検体から *C. coli* が分離同定された。陽性を示した検体のうち 2 検体が  $1.0 \times 10^3$  cfu/g から  $1.0 \times 10^4$  cfu/g の範囲に分布し、14 検体は  $1.0 \times 10^2$  cfu/g から  $1.0 \times 10^3$  cfu/g の範囲に分布した。最大で  $1.3 \times 10^3$  cfu/g のカンピロバクターが検出された。

MPN 法と平板希釈法の両方で陽性を示した検体の汚染分布の比較を表 2-3 に示した。MPN 法で 1,400 MPN/10g 以上を示した検体のうち 8 検体は平板希釈法により菌数が算定された。1 検体は  $1.2 \times 10^3$  cfu/g を示し、7 検体は  $1.0 \times 10^2$  cfu/g から  $1.0 \times 10^3$  cfu/g の範囲に分布した。MPN 法で 1,100 MPN/10g を示した検体のうち 1 検体は平板希釈法で算定された中で最大の菌数である  $1.3 \times 10^3$  cfu/g を示した。MPN 法と平板希釈法の両方で陽性を示した 16 検体のうちの 15 検体からは MPN 法と平板希釈法の両方で同じカンピロバクター種が分離同定され

たが、1 検体からは MPN 法と平板希釈法で異なるカンピロバクター種が分離同定された。

#### 2. 生レバーと表面焼烙レバーのカンピロバクター汚染状況の比較

カンピロバクター菌数の評価を行った生レバー検体の一部 24 検体で、表面焼烙後のカンピロバクター菌数も同様に評価し、その結果を表 2-4 に示した。表面焼烙レバー 24 検体のうち 18 検体からカンピロバクターが検出され、2 検体は 1,400 MPN/10g 以上を示し、16 検体は 3 MPN/10g から 1,100 MPN/10g の範囲に分布した。生レバーと表面焼烙レバーの汚染分布を比較すると、カンピロバクターが検出された生レバー 18 検体のうち表面焼烙後に菌数が減少したものが 13 検体、菌数が変化しなかったものが 4 検体、菌数が増加したものが 1 検体認められた。特に、生の状態で 1,400 MPN/10g 以上を示していた 7 検体のうちの 5 検体は表面焼烙後に 11 MPN/10g から 240 MPN/10g の菌数を示した。なお、カンピロバクターが検出された生レバー検体で表面焼烙後にカンピロバクター陰性を示したものは認められず、表面焼烙前後の陽性率は変化しなかった。また、12 検体からは生レバーと表面焼烙レバーの両方で *C. jejuni* が同定され、4 検体からは生レバーと表面焼烙レバーの両方で *C. coli* が同定された。その一方で生レバーと表面焼烙レバーから *C. jejuni* と *C. coli* の両方がそれぞれ分離同定されたものを 2 検体認めた。さらに、ウィルコクソンの符号付順位和検定により生レバーと表面焼烙レバーのカンピロバクター菌数の中央値を比較すると、両群間に有意差を認めた。(P 値<0.01)

#### 3. レバー割面からの細菌分離同定

バツラー寒天培地を用いたレバー割面のスタンプ法で分離されたカンピロバクターの菌種と店舗ごとの検体数を表 2-5 に示した。62 検体中 19 検体からカンピロバクターが分離され、その分離率は 30.6%であった。カンピロバクターが分離された 19 検体のうち 15 検体は *C. jejuni*、4 検体は *C. coli* と同定された。店舗ごとの分離率はそれぞれ A 店が 31.6%、B 店が 10.5%、C 店が 29.4%、D 店が 85.7%であった。D 店と A 店、B 店、C 店の分離率をそれぞれ比較すると有意差を認めた。(P 値<0.01)

血液寒天培地を用いたレバー割面のスタンプ法で分離

同定された細菌の属名と株数を表 2-6 に示した。全部で 89 株の菌株が分離され、まず 24 株が MALDI-TOF MS により同定され、残りの 65 株が 16SrRNA シークエンスにより同定された。 *Aeromonas* 属が 25 株と最も多く分離同定され、その次に、 *Chryseobacterium* 属 6 株、 *Proteus* 属 6 株、 *Escherichia coli* 5 株と続いた。 MALDI-TOF MS でスコア 2.0 以上を示した株および 16SrRNA シークエンスで種まで明らかになった *Aeromonas* 属の株数を表 2-7 に示す。全部で 6 種 18 株が種まで同定された。 *A. hydrophila* が 6 株と最も多く分離され、 *A. allosaccharophila* 4 株、 *A. salmonicida* 3 株、 *A. rivipollensis* および *A. veronii* 2 株、 *A. encheleia* 1 株と続いた。

#### 4. 生レバーのサルモネラ汚染状況

サルモネラ定性で検出された血清型ごとの検体数を表 2-8 に示した。 46 検体中 32 検体からサルモネラが検出され、その陽性率は 69.6%であった。サルモネラ陽性を示した 32 検体のうち 28 検体は *S. Schwarzengrund*、4 検体は *S. Manhattan* と同定された。

MPN 法で推定されたサルモネラ菌数を表 2-9 に表した。 24 検体のうち 6 検体からサルモネラが検出され、全て 3 MPN/10g から 9 MPN/10g の範囲に分布していた。

#### D. 考察

食品安全委員会によると日本の食鳥処理場や小売店での鶏レバーの汚染率は 14.3~62.5%とされている。本研究において MPN 法で評価された生レバーのカンピロバクター陽性率が 64.2%であったことを鑑みると、鹿児島県産の鶏レバーはカンピロバクターにやや高率に汚染されていることが示された。また、本研究では平板希釈法にて最大  $1.3 \times 10^3$  cfu/g の汚染を認めた。 Whyte らは最大でレバー 1 個体あたり  $7.2 \times 10^4$  MPN 以上の汚染を認めたことを報告しており、小野らは最大  $2.0 \times 10^5$  cfu/g の汚染を認めている。それらの報告と比較すると、鹿児島県の鶏レバーにおいて高い菌数のカンピロバクター汚染は認められなかったと考えられる。

鶏肉では表面焼烙によってカンピロバクター汚染を制御できることが以前の報告で示されており、鶏レバーでも表面湯煎によりカンピロバクターの陽性率が低下したこと

が報告されている。しかし、本研究では鶏レバーにおいて表面焼烙前後でカンピロバクターの陽性率が低減しなかったため、表面だけでなく内部も高率にカンピロバクターに汚染されていることが示された。一方で、表面焼烙前後の菌数を比較すると、表面焼烙後の菌数は表面焼烙前よりも有意に低いことが示された。実際に、18 検体中 13 検体で表面焼烙後に菌数が減少し、一部の検体では大幅な減少を認めた。しかし、表面焼烙後に菌数が低減しない検体も少数認められたことから内部においてもカンピロバクターのリスクは依然として存在することが示唆された。

バツラー寒天培地を用いたスタンプ法では 30.6%のカンピロバクター陽性率が示され、店舗ごとの陽性率を比較すると有意差を認めた。レバー内部は、処理工程での交差汚染ではなく農場での保菌を反映することから、カンピロバクター保有状況は鶏群によって異なると考えられた。なお、表面焼烙レバーの結果の店舗間比較は、調査した検体数が十分でないため今回は実施しなかった。

血液寒天培地を用いたスタンプ法では、レバー断面から 89 株の菌株が分離され、MALDI-TOF MS と 16SrRNA シークエンスを用いて全ての株が同定された。MALDI-TOF MS で同定できたのは 24 株に留まった。残りの 65 株は全て 16SrRNA シークエンスにより同定できた。同定の結果、 *Proteus* 属、 *E. coli*、 *Chryseobacterium* 属、 *Gallibacterium* 属などの多様な細菌が鶏レバー内に存在することが示された。本研究で最も多く分離同定されたのは *Aeromonas* 属だった。 *Aeromonas* 属菌は淡水や汽水域に広く分布する通性嫌気性のグラム陰性桿菌であり、一般的に魚類の重要な病原菌として知られている。鶏肉において *Aeromonas* 属菌による二次汚染を認めたことは報告されているが、本研究ではレバー内部に高い頻度で存在することが明らかとなった。鶏の体内に侵入した経路としては、汚染された魚粉を含む飼料や飲料水が考えられる。

本研究においてサルモネラの陽性率は 69.6%と評価され、カンピロバクターと同様に高い陽性率を示した。また、近年、鶏の盲腸内容物においては *S. Schwarzengrund* が最も優勢な血清型であると報告されており、鶏レバーでも同様の傾向が認められた。定量で評価されたサルモネラ菌数は、カンピロバクターの値よりも著しく低かった。汚染

菌数が低いとはいえ、サルモネラは室温での保存により菌数が大幅に増大する恐れがあるため、適切な温度での保管が依然として重要である。また、スタンプ法でレバー一断面からサルモネラが分離されなかったことから、サルモネラは内部よりも表面の汚染が一般的と考えられた。しかし、一部の報告ではサルモネラもレバー内部に存在していることが示唆されているため、今後さらなる調査が求められる。

## E. 結論

本研究により、鹿児島県産の鶏レバーは表面、内部ともにカンピロバクターに高率で汚染されていたが、内部の菌数は低いことが示された。さらに、レバー内部に食中毒菌として知られる *Aeromonas* 属菌が存在していることも明らかとなった。加えてサルモネラによる汚染も高率に認められたが、菌数は著しく低い値を示した。これらの病原体が食品安全上の重要なリスク要因であることが示唆された。

## F. 研究発表

### 1. 論文発表

なし

### 2. 学会発表

第167回日本獣医学会学術集会 2024年9月10日  
帯広畜産大学「鶏レバーおよびその内部におけるカンピロバクターとその他食中毒菌の調査」

○平元沙輝, サンガジョージ, 宮島里佳, 森田幸雄, 中馬猛久

第17回日本カンピロバクター研究会総会 2024年11月19日  
つくば市文部科学省研究交流センター「加熱不十分な鶏レバーにおけるカンピロバクターとその他食中毒菌のリスク評価」

○平元沙輝, George Sanga, 宮島里佳, 森田幸雄, 中馬猛久

The 22nd International Workshop on Campylobacter, Helicobacter & Related Organisms. 7–9 October 2024.  
Perth Convention and Exhibition Centre. Perth, Australia.  
「Investigation of *Campylobacter jejuni* and other foodborne

bacteria in raw chicken livers and their insides.」

○Saki Hiramoto, George Sanga, Rika Miyajima, Yukio Morita, Takehisa Chuma.

## G. 知的財産権の出願・登録状況(予定を含む)

### 1. 特許取得

なし

### 2. 実用新案登録

なし

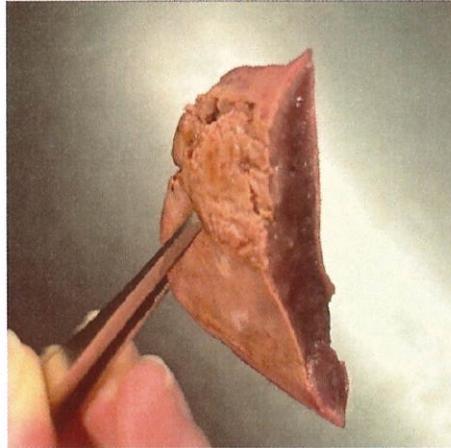


写真 2-1 表面焼烙レバーの断面

表 2-1 MPN 法により評価した生レバーのカンピロバクター汚染の分布

汚染菌数 (MPN/10g)	検体数	<i>C. jejuni</i> 陽性	<i>C. coli</i> 陽性
1,400<	13	11	2
1,100	7	7	0
460	4	4	0
240	3	2	1
93	2	1	1
43	1	1	0
36	2	2	0
29	2	1	1
23	1	1	0
22	1	1	0
20	1	1	0
15	1	1	0
7	1	1	0
3	1	1	0
—	22	—	—

「—」は陰性を示す。

表 2-2 平板希釈法により評価した生レバーのカンピロバクター汚染の分布

汚染菌数 (cfu/g)	検体数	<i>C. jejuni</i> 陽性	<i>C. coli</i> 陽性
1.3×10 <sup>3</sup>	1	1	0
1.2×10 <sup>3</sup>	1	0	1
6.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0
4.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0
3.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0
2.0×10 <sup>2</sup>	4	3	1
1.0×10 <sup>2</sup>	7	6	1
—	46	—	—
計	62	13	3

「—」は陰性を示す。

表 2-3 MPN 法と平板希釈法により評価した生レバーのカンピロバクター汚染分布の比較

汚染菌数		検体数	<i>C. jejuni</i> 陽性	<i>C. coli</i> 陽性	両方陽性
MPN 法 (MPN/10g)	平板希釈法 (cfu/g)				
1,400<	1.2×10 <sup>3</sup>	1	0	1	0
	6.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
	4.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
	3.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
	2.0×10 <sup>2</sup>	1	0	0	1 <sup>M</sup>
	1.0×10 <sup>2</sup>	3	3	0	0
1,100	1.3×10 <sup>3</sup>	1	1	0	0
	2.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
	1.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
460	1.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
240	2.0×10 <sup>2</sup>	2	1	1	0
36	1.0×10 <sup>2</sup>	1	1	0	0
29	1.0×10 <sup>2</sup>	1	0	1	0
計		16	12	3	1 <sup>M</sup>

MPN 法と平板希釈法の両方で陽性を示した検体のみを示す。

検体数右肩の上付き文字は以下のことを表す。

<sup>M</sup>: MPN 法で *C. coli* が検出され、平板希釈法で *C. jejuni* が検出された。

表 2-4 生レバーと表面焼烙レバーにおけるカンピロバクター汚染分布の比較

汚染菌数 (MPN/10g)		検体数	<i>C. jejuni</i> 陽性	<i>C. coli</i> 陽性	両方陽性
生	表面焼烙				
	1,400<	2	1	0	1 <sup>b</sup>
	240	2	2	0	0
1,400<	93	1	0	1	0
	29	1	1	0	0
	11	1	1	0	0
1,100	240	3	2	0	1 <sup>a</sup>
	13	1	1	0	0
460	7	2	2	0	0
240	240	2	1	1	0
93	15	1	0	1	0
29	93	1	0	1	0
	9	1	1	0	0
-	-	6	-	-	-
計		24	12	4	2

「-」は陰性を示す。

検体数右肩の上付き文字は以下のことを表す。

a：生レバーで *C. jejuni* が検出され、表面焼烙レバーで *C. coli* が検出された。

b：生レバーで *C. coli* が検出され、表面焼烙レバーで *C. jejuni* が検出された。

表 2-5 バツラー寒天培地を用いたレバー断面のスタンプ法で分離されたカンピロ  
 バクターの菌種と店舗ごとの検体数

カンピロバクター 分離	店				合計
	A <sup>#</sup>	B <sup>#</sup>	C <sup>#</sup>	D <sup>b</sup>	
陽性	6	2	5	6	19
<i>C. jejuni</i>	5	1	3	6	15
<i>C. coli</i>	1	1	2	0	4
陰性	13	17	12	1	43
計	19	19	17	7	62

#, b: 異なるシンボル間では有意差を認めた。

表 2-6 血液寒天培地を用いたレバー割面のスタンプ法で分離同定された細菌の属名と株数

属名または種名	株数		
	TOFMS (n=24)	16SrRNA シークエンス (n=65)	合計 (n=89)
<i>Aeromonas</i> spp.	12	13	25
<i>Chryseobacterium</i> spp.	0	6	6
<i>Proteus</i> spp.	2	4	6
<i>Escherichia coli</i>	5	0	5
<i>Gallibacterium</i> spp.	0	4	4
<i>Cupriavidus</i> spp.	1	2	3
<i>Kocuria</i> spp.	0	3	3
<i>Macrococcus</i> spp.	0	3	3
<i>Microbacterium</i> spp.	0	3	3
<i>Buttiauxella</i> spp.	0	2	2
<i>Carnobacterium</i> spp.	0	2	2
<i>Citrobacter</i> spp.	1	1	2
<i>Corynebacterium</i> spp.	0	2	2
<i>Dermacoccus</i> spp.	0	2	2
<i>Elizabethkingia</i> spp.	0	2	2
<i>Staphylococcus</i> spp.	0	2	2
Uncultured bacterium	0	2	2
<i>Ainetobacter</i> spp.	1	0	1
<i>Atlantibacter</i> spp.	0	1	1
Bacterium PJ-25	0	1	1
<i>Enterococcus</i> spp.	0	1	1
<i>Glutamicibacter</i> spp.	0	1	1
<i>Hafnia</i> spp.	0	1	1
<i>Lactobacillus</i> spp.	0	1	1
<i>Lelliottia</i> spp.	1	0	1
<i>Mammaliococcus</i> spp.	0	1	1
<i>Micrococcus</i> spp.	0	1	1
<i>Mobilicoccus</i> spp.	0	1	1
<i>Pseudomonas</i> spp.	1	0	1
<i>Rothia</i> spp.	0	1	1
<i>Stenotrophomonas</i> spp.	0	1	1
<i>Streptococcus</i> spp.	0	1	1

表 2-7 レバー剖面から分離同定されたエロモナス属の種名と株数

種名	株数		
	TOFMS (n=5)	16SrRNA シーケンス (n=13)	合計 (n=18)
<i>A. hydrophila</i>	3	3	6
<i>A. allosaccharophila</i>	0	4	4
<i>A. salmonicida</i>	0	3	3
<i>A. rivipollensis</i>	0	2	2
<i>A. veronii</i>	2	0	2
<i>A. encheleia</i>	0	1	1

表 2-8 サルモネラ定性で検出された血清型ごとの  
検体数 (n=46)

サルモネラ分離	検体数
陽性	32
Schwarzengrund	28
Manhattan	4
陰性	14

表 2-9 サルモネラ菌数の分布 (MPN/10g)

	汚染菌数				
	<3	3	4	7	9
検体数 (n=24)	18	1	2	2	1