

令和 7 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)
(分担) 研究報告書

野生獣が保有する病原微生物の汚染状況に関する研究

研究分担者 前田 健 (国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所)
研究協力者 ミラグロス ビルヘス メンドーサ
(国立健康危機管理研究機構・国立感染症研究所)

研究要旨：

E 型肝炎ウイルス (HEV, Hepatitis E virus; ヘペウイルス科) は、ヒトに急性肝炎を引き起こすウイルスである。日本では感染した肉の摂取により HEV の人獣共通感染症報告が増えている、2003 年 4 月に兵庫県でシカ肉を食べたことによる E 型肝炎の集団発生が起これ、患者から検出されたウイルスとシカ肉から検出されたウイルスが同一であったことから、E 型肝炎は食品由来の感染症でもあることが認識され、国内でも感染症法の 4 類感染症に指定された。更に、最初の食品由来感染の報告がシカ肉由来であったことから、シカ肉が感染源として注目されていたが、現在では、シカ以外のブタやイノシシが主たる感染源であるといわれている。

本研究では、HEV のレゼルポアと考えられるイノシシおよびシカを対象に、抗 HEV 抗体および HEV 遺伝子の検出を行い、野生動物における HEV 感染状況を調査した。さらに、イノシシおよびシカの糞便検体からの HEV 遺伝子検出も試みた。イノシシにおける抗 HEV 抗体の陽性率は 11.5% であり、小型個体 (30kg 未満、5.7%) と比較して大型個体 (50kg 以上、18.4%) で高い陽性率が認められた。一方、シカにおける抗体陽性率 (0.03%、1/3240) および HEV RNA 検出率 (0.05%、1/2033) はいずれも極めて低値であった。これまでに、血清検体からはイノシシ由来 30 株およびシカ由来 1 株の計 31 株の HEV が同定されており、さらにイノシシ糞便検体からのみ 15 株が検出されている。これらのうち、遺伝子型 3 および 4 が主要な遺伝子型として確認された。

また、ELISA と RT-PCR による野生動物の HEV の検出は、シカの HEV 感染が非常にまれな出来事であることを示唆しました、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

さらに、HEV 遺伝子型 3 とエンテロウイルスである Sapelovirus A との共感染が確認されたイノシシ個体を検出した。当該 Sapelovirus A 株の全長ゲノムは、日本国内で循環している豚由来株と高い相同性を示した。これらの結果は、イノシシ集団において複数のウイルスが同時に循環していることを示しており、継続的な疫学調査の重要性を強調するものである。

A. 研究目的

本研究では、野生動物の人獣共通感染症である HEV の感染リスクを評価するために、全国調査を実施した。とともに、日本における HEV 株の遺伝子型の特徴を明らかにしました。

B. 研究方法

HEV カプシドタンパクの発現：

下関で HEV 患者から得られた遺伝子 (JTF-Yamaguchi 株) の ORF2 蛋白発現プラスミドを 293T 細胞にポリエチレンイミンを用いてトランスフェクションした。発現の確認は抗 His-Tag 抗体で行った。トランスフェクシ

ン細胞は RIPA buffer によって 4℃1 時間処理した後、15000 回転 4℃30 分間遠心して上清を回収して、ELISA 抗原として用いた (Yonemitsu K et al., 2016)

HEV 抗体の検出：トランスフェクション細胞の抽出抗原を 5 μ g/ml に希釈した後、100 μ l を各ウェルに接種して ELISA を行った。ブロッキング液および抗原希釈液にはブロックエースを用いた。血清は 1:100 に希釈し、二次抗体にはペルオキシダーゼ標識 Protein A/G を 1:20000 希釈して用いた。発色には SeraCare Life Science のペルオキシダーゼ基質キットを用いた (Yonemitsu K et al., 2016) .

HEV 遺伝子検出：血清と糞便の懸濁液から QIAamp Viral RNA Mini Kit か MagMAX ウィルス Kit を用いて RNA を抽出し、HEV-F1 プライマーと HEV-R2 プライマーを用いて RT-PCR を実施、更に RT-PCR 産物を、HEV-F2 プライマーと HEV-R1 プライマーを用いて Nested PCR を行い、遺伝子の検出を試みた (Yonemitsu K et al., 2016) (Li TC., 2005)。

(倫理面への配慮)
なし

C. 研究結果

1. 野生動物の血清からの HEV 疫学調査
E 型肝炎ウイルスに対する抗体保有状況および E 型肝炎ウイルス感染状況の調査をイノシシおよびシカにおいて実施した。

2025 年度、4 県のイノシシ 177 検体について抗 HEV 抗体の有無を調べた結果、陽性率は 3.4% (6/177) であった。シカの 18 検体はすべて ELISA で陰性であった。(図 1)

これまでに 17 県のイノシシ 4105 頭と 15 道県のシカ 3240 頭を調査した。その結果、イノシシにおいては 474 頭 (11.5%) が抗体陽性であった。一方、シカにおいては 1 頭 (0.03%) が陽性であった。遺伝子検出に関しては、イノシシ 2794 頭中 30 頭 (1.1%)、シカ 2033 頭中 1 頭 (0.05%) が陽性であった。(図 2)

イノシシにおける抗体陽性率に関しては、性別における違いは認められなかったが、体重が 30 kg 以下の個体は有意に陽性率が低かった。一方、遺伝子検出率は 30 kg 以下の個体が有意に高かった。このことは、30 kg 以下の個体が E 型肝炎ウイルスに感染していること、すなわち、子豚が HEV を保有しているリスクが高いことが示された。(図 3)

2. 野生動物の糞便試料からの HEV ゲノム検出

イノシシとシカの糞便サンプルから HEV ゲノム検出を行った。今年、遺伝子検出調査に 22 県が加わった。

今年度は、イノシシ由来の糞便検体 85 検体を評価した。その結果、HEV ゲノム陽性は 3 検体 (3.5%) にとどまった。内訳は、大分県で 1 例、千葉県で 2 例であった。これらの陽性検体はいずれも遺伝子型 3 のサブクラス 3b に分類された。ま (図 4)

これまでに 16 県のイノシシ 391 頭を調査した。その結果、イノシシ 15 頭 (3.8%) が陽性であった。HEV ゲノムは九州の 3 県 (大分、福岡、宮崎) および本州 (千葉、青森) で検出された。(図 5) イノシシの性別 (オス・メス) 間において有意な差は認められなかった。(図 5)

今年度は、2022 年から 2023 年にかけて収集されたシカ由来の糞便検体 233 検体を評価し、すべて HEV ゲノム陰性であった。また、これまでに 22 県のシカ 521 頭を調査し、いずれも陰性であった。(図 5)

3. 野生動物糞便由来の他のエンテロウィルスの分離

2024 年、青森県において HEV ゲノムを初めて検出した。HEV ORF2 領域の系統解析の結果、本株は遺伝子型 3a とは異なるクラスターに属していた。

ヒト肝癌細胞を用いて HEV の分離を試みたところ、細胞変性効果 (CPE) が認められたが、分離されたウイルスは HEV ではなく、別のエンテロウイルスであるサペロウイルス A (*Sapelovirus A*) であった。

本結果は、青森県由来のイノシシにおいて HEV 遺伝子型 3 とサペロウイルス A の共感染

が生じていることを示唆するものである。また、サペロウイルス A の全長ゲノムは、日本国内で流行している豚由来株と高い相同性を示した。

現在、青森県由来の HEV 陽性イノシシ個体（遺伝子型 3a に近縁）および大分県で採取された糞便検体由来株（遺伝子型 3b）について、国内のイノシシ集団における循環株の特徴を明らかにすることを目的として、全長ゲノム解析を進めている。（図 6）

D. 考察

HEV の疫学調査の結果、シカにおける感染はまれであることが示唆された。一方で、イノシシ、特に幼獣は HEV 感染リスクが高く、他の野生動物における感染リスクは比較的低いことが示された。

ゲノム検出解析の結果、HEV はイノシシの血清中に存在するとともに、糞便中にも排泄されることが明らかとなった。これまでに、イノシシ集団において遺伝子型 3b、3a、3k、4a、4g の複数の HEV 株が確認されており、特に 3b が最も優勢であった。遺伝子型 3b は明確な地理的クラスターを形成しており、一方で遺伝子型 4g は山口県において 12 年以上にわたり持続的に検出されている（図 5）。

さらに、2023 年には日本最北端である青森県のイノシシにおいて HEV 抗体が検出され、2024 年には同地域において HEV ゲノムが検出された。これらの結果は、国内における HEV の地理的拡散を示唆するものである。

また、イノシシにおいてエンテロウイルスであるサペロウイルス A (*Sapelovirus A*) との共感染が確認され、イノシシ集団内で複数のウイルスが同時に循環していることが示された。これらの知見は、イノシシが多様なウイルスのリザーバーとして機能する可能性を示すとともに、ジビエの摂取に伴う人獣共通感染症リスクの評価のため、継続的な疫学調査の重要性を強調するものである。

E. 結論

本研究により、イノシシが野生動物における HEV の主要な保菌宿主であり、特に若齢個体で感染頻度が高いことが示された。一方、

シカにおける感染は稀であるが、リスクはゼロではない。

さらに、複数の HEV 遺伝子型の分布や青森県への拡散、ならびにサペロウイルス A との共感染の確認から、イノシシ集団内で複数のウイルスが広く循環していることが示された。これらの結果は、ジビエ由来の人獣共通感染症リスク評価のため、継続的な疫学調査の重要性を示すものである。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

1. Virhuez-Mendoza M, Ishijima K, Tatemoto K, Kuroda Y, Inoue Y, Nishino A, Yamamoto T, Uda A, Hotta A, Kabeya H, Shimoda H, Suzuki K, Komiya T, Seto J, Iwashina Y, Hirano D, Sawada M, Yamaguchi S, Hosaka F, Maeda K. "Recent Hepatitis E Virus Infection in Wild Boars and Other Ungulates in Japan." *Viruses* 17, no. 4 (2025): 524.
2. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群 (SFTS)、E 型肝炎の浸潤状況」令和 5 年度～令和 7 年度野生獣衛生対策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の防止に向けて」2026. 令和 8 年 3 月家畜衛生対策推進協議会 p20-p26

2. 学会発表

1. Ken Maeda 「Lessons from Epidemiology among Animals」中華民国獣医学会 113 年度秋季學術研討會 2025/05/17 國立中興大學獸醫學院

3. 講演会

1. 前田 健「動物由来の感染症について」第 2 回衛生研究所セミナー 令和 8 年 2 月 26 日 Web 開催
2. 前田 健「動物由来感染症」サーベイランスオフィサープログラム集中研修 戸山庁舎共用第一会議室 2026/1/27
3. 前田 健「ジビエハンター育成研修 法

律制度変、異常の確認編、衛生管理及び疾病編」令和7年度大崎市ジビエハンター育成研修令和7年12月7日宮城県大崎市真山公民館

4. 前田 健「動物由来感染症を考える」岡山理科大学大学院講義 2025 年 12 月 4 日岡山理科大学
5. 前田 健「人獣共通感染症への備え:動物と楽しく安心して暮らすための基礎知識」野生動物からの感染症研修会(長野県) 2025 年 11 月 4 日ホテル信濃路
6. 前田 健「動物由来感染症」国立保健科学院ウイルス研修(3 週間)村山庁舎 2025 年 10 月 22 日
7. 前田 健「動物由来感染症」令和7年度

埼玉県動物取扱責任者研修 2025 年 8 月 29 日オンデマンド動画配信方式

8. 前田 健「One Health の実践」2025 年度短期研修食肉衛生検査研修国立保健医療科学院 2025 年 6 月 25 日

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

図 1

2025全国イノシシHEV抗体検出、遺伝子検出

	抗体検出(ELISA)			遺伝子検出(RT-PCR)		
	検査頭数	陽性頭数	陽性率(%)	検査頭数	陽性頭数	陽性率(%)
青森	13	0	0	13	0	0
富山	30	2	6.7	30	0	0
和歌山	120	2	1.7	120	0	0
香川	14	2	14.3	14	0	0
計	177	6	3.4	177	0	0

図 2

全国イノシシHEV抗体検出、遺伝子検出

	抗体検出(ELISA)			遺伝子検出(RT-PCR)		
	検査頭数	陽性頭数	陽性率(%)	検査頭数	陽性頭数	陽性率(%)
東北A	46	1	2.2	46	1	2.2
関東A	91	45	49.5	91	5	5.5
関東B	48	20	41.7	48	1	2.1
関東C	220	12	5.5	0	0	0
中部A	144	8	5.6	140	0	0
中部B	270	24	8.9	270	0	0
中部C	173	5	2.9	0	0	0
近畿A	111	23	20.7	77	2	2.6
近畿B	1204	63	5.2	1012	0	0
中国A	863	185	21.4	750	18	2.4
四国A	311	27	8.7	115	0	0
四国B	177	29	16.4	177	1	0.6
九州A	92	17	18.5	68	2	2.9
九州B	5	1	20.0	0	0	0
九州C	182	6	3.3	0	0	0
九州D	71	8	11.3	0	0	0
沖縄	97	0	0	0	0	0
計	4105	474	11.5	2794	30	1.1

図 3

全国イノシシHEV抗体検出、遺伝子検出

抗体検出(ELISA)

	♂	♀	記録なし	≤30	30-50	≥50	記録なし	計
検査頭数	1997	1827	281	947	1448	957	753	4105
陽性頭数	216	238	20	54	173	176	71	474
陽性率(%)	10.8	13.0	7.1	5.7	11.9	18.4	9.4	11.5

遺伝子検出(RT-PCR)

	♂	♀	記録なし	≤30	30-50	≥50	記録なし	計
検査頭数	1405	1296	93	571	1175	815	233	2794
陽性頭数	19	10	1	15	8	2	5	30
陽性率(%)	1.4	0.8	1.1	2.6	0.7	0.2	2.1	1.1

図 4

Phylogenetic analysis (ORF2 338 bp)

Previously detected strains

2025 fecal samples ●
2025 serum samples 無し

neighbor-joining method
1000 bootstrap

253 strains

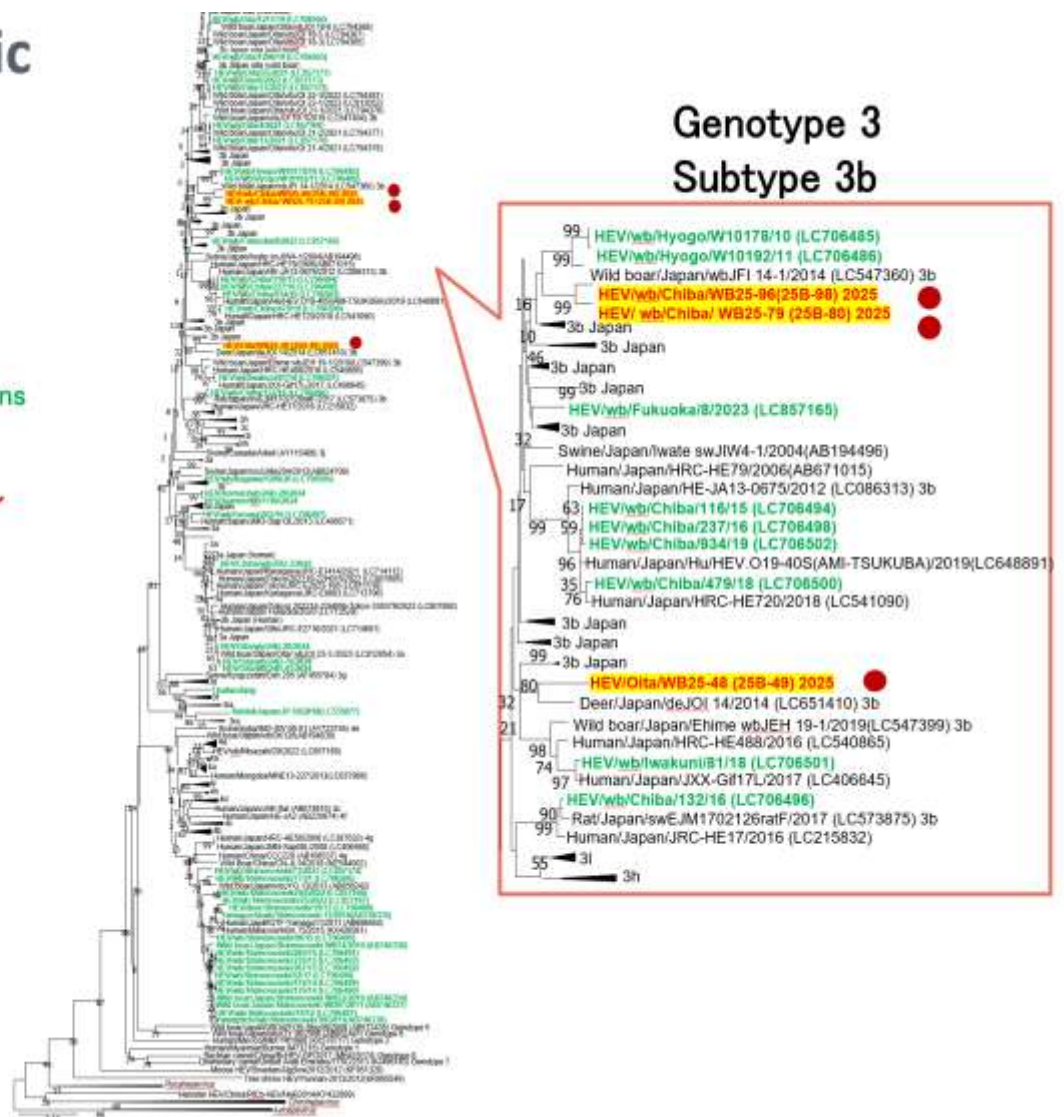


図 5

全国イノシシ遺伝子検出			
遺伝子検出(RT-PCR)			
	検査頭数	陽性頭数	陽性率(%)
青森	37	1	2.7
山形	38	0	0
静岡	1	0	0
千葉	23	3	13.0
富山	2	0	0
奈良	4	0	0
大阪	3	0	0
広島	4	0	0
岡山	3	0	0
鳥取	1	0	0
大分	174	9	5.2
福岡	13	1	7.7
宮崎	59	1	1.7
熊本	7	0	0
鹿児島	17	0	0
山口	2	0	0
N/A	3	0	0
計	391	15	3.8



イノシシ				
	♂	♀	N/A	計
検査頭数	203	175	13	391
陽性頭数	9	6	0	15
陽性率(%)	4.4	3.4	0	3.8

HEV genome was detected
in wild boar feces from
2021-2026

全国シカ遺伝子検出

	遺伝子検出(RT-PCR)		
	検査頭数	陽性頭数	陽性率(%)
北海道	9	0	0
青森	18	0	0
京都	6	0	0
千葉	2	0	0
富山	2	0	0
鳥取	26	0	0
静岡	80	0	0
大分	48	0	0
群馬	7	0	0
奈良	91	0	0
大阪	34	0	0
宮崎	115	0	0
兵庫	15	0	0
神奈川	8	0	0
愛知	7	0	0
山梨	13	0	0
山形	1	0	0
岐阜	10	0	0
岩手	6	0	0
福岡	3	0	0
山口	6	0	0
鹿児島	5	0	0
N/A	9	0	0
計	521	0	0



	シカ			計
	♂	♀	N/A	
検査頭数	310	195	16	521
陽性頭数	0	0	0	0
陽性率(%)	0	0	0	0

Until now, all deer
samples have been
negative

