

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)
(総括) 研究報告書

野生鳥獣の食肉利用に関わるリスク分析に資する研究

研究代表者	前田 健	(国立健康危機管理研究機構国立感染症研究所・獣医科学部)
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	鈴木 康規	(東京農工大学・大学院農学研究院)
研究分担者	入江 隆夫	(宮崎大学・農学部)
研究分担者	渡辺 麻衣子	(国立医薬品食品衛生研究所)

研究要旨：

野生鳥獣肉の利用に関する様々なヒトへのリスクを更に総合的に評価する必要がある。本研究班では、1) 野生鳥獣由来食肉の保有する病原体に関する知見の収集（ウイルス、細菌、寄生虫）、2) 食中毒や健康被害の発生防止対策のための科学的な根拠の提供、3) 現場の実態に対応した HACCP に沿った衛生管理手法の確立、4) 消費者や関係事業者に対する分かりやすい形での情報提供手法の提案、の 4 項目に関して研究を実施した。令和 6 年度から継続して研究成果が蓄積されている。大きな成果の一つとして、カラーアトラスが完成し、今後、シカとイノシシの処理の際における異常の発見に貢献するために普及を行う予定である。

A. 研究目的

近年の野生動物の分布域の拡大・生息数の増加が問題となっており、結果として農業被害等の様々な経済損失が生じている。そのため、野生鳥獣の有害動物としての適正管理が実施され、多くの野生鳥獣が捕獲されている。一方、世界的な人口増加による食資源不足、家畜飼料の価格高騰、高病原性家畜伝染病の流行などにより、国内外の畜産物の安定供給に関しても様々な問題が生じている。そのため、国内で捕獲される野生鳥獣を食肉（有効）利用することは、これら問題解決のための方策の一つとして重要である。しかし、野生動物は生産動物における飼養管理基準のような適正な管理方法が存在せず、自然環境下で生息していることから、動物の育成過程における管理は困難である。そのため、捕獲以降での運搬、処理、加工、調理、販売、消費で

の衛生管理の徹底が重要である。本研究班は、これまで研究成果の蓄積により、国内の野生動物が保有する病原体、その分布などを明らかにし、そのリスク分析を行ってきた。それらの成果は平成 26 年に策定され、その後改定を続けている「野生鳥獣肉の衛生管理に関する指針（ガイドライン）」としてまとめるに至っている。そのガイドラインに基づいて、平成 30 年食肉処理施設の国産ジビエ認証制度、令和 5 年ジビエハンター育成研修制度が農林水産省より制定され、更には令和元年日本ジビエ振興協会より「小規模なジビエ処理施設向け HACCP の考え方を取り入れた衛生管理のための手引書」が出版された。ガイドライン制定から 10 年が経過するにあたりガイドラインにおける問題点・改善点を再確認する必要がある。更に、野生鳥獣肉の利用範囲は多角化しており、ペットフードや展示動物への

“屠体給餌”に利用されている。しかし、高病原性鳥インフルエンザの韓国における猫用ペットフードを介したネコの感染、アジアにおけるトラの感染などが報告されている。餌として与えられた動物が感染することによる飼い主や飼育者への感染も危惧されている。野生鳥獣肉の利用に関する様々なヒトへのリスクを更に総合的に評価する必要がある。

狩猟者は野生動物における異常の発見の最前線に立っている。食肉と直接関連はしていないがイノシシにおける2018年の豚熱の発生、野鳥における高病原性鳥インフルエンザの発生などは、捕獲に関わる狩猟者が一番発見する可能性が高い。動物由来感染症を迅速にかつ正確に把握するために狩猟者に野生動物の異常に関する情報を提供し、情報収集するシステムの必要性がある。また、狩猟者は、野生動物から動物由来感染症に感染するリスクが高く、令和4年度はマダニ感染症で少なくとも3名が死亡している。狩猟者を守るための情報提供も重要である。また、消費者に対して野生鳥獣肉由来の感染症の存在を周知し、加熱や調理順序等の重要性を伝え、消費者自身による対応の重要性を情報提供する必要がある。

本研究班は、上記の目的を遂行するために4項目に関して研究を遂行する。

- 1) 野生鳥獣由来食肉の保有する病原体に関する知見の収集（ウイルス、細菌、寄生虫）
- 2) 食中毒や健康被害の発生防止対策のための科学的な根拠の提供
- 3) 現場の実態に対応したHACCPに沿った衛生管理手法の確立
- 4) 消費者や関係事業者に対する分かりやすい形での情報提供手法の提案

B. 研究方法

1) 野生鳥獣由来食肉の保有する病原体に関する知見の収集（ウイルス）

1-1) ウイルス感染症

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-Yamagu11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。トランスフェクション細胞は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5μg/mlに希釈した後、100μl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）。

マダニ媒介感染症の調査：全国畜産協会、地方衛生研究所や研究者と連携して、食肉に関わる野生鳥獣の血清を集めて、SFTSVとOzウィルスの抗体検査と遺伝子検査を実施した。また、イノシシ検体については日本脳炎ウイルス及びオーエスキー病ウィルスの抗体検出を試みた。

1-2) 細菌感染症

糞便試料：

2025年1月から12月にかけて、日本各地で狩猟および有害鳥獣として捕獲されたシカおよびイノシシから糞便を採取し、4℃で保存した状態で当研究室へ搬入した。

糞便試料からの黄色ブドウ球菌の分離：

一般的な食中毒検査におけるヒト糞便・ふき取り検体からの黄色ブドウ球菌の分離法に準拠した方法に従って行った（鈴木，臨床検査，2022，66：64-72.）。

糞便試料からの薬剤耐性菌の分離：

我々が以前報告した下水からの薬剤耐性菌の分離法に準拠した方法に従って行った（Suzuki et al., mSphere. 2019. 4:e00391-19.）。

糞便試料からの非結核性抗酸菌の分離：

以前報告された非結核性抗酸菌の分離法を一部改変して実施した（Odoi et al., J Wildl Dis. 2020. 56:851-862）。なお、前年度の検討結果より、糞便乳剤を NALC-NaOH 試薬で一晩前処理した後、小川培地に直接塗抹し、発育したコロニーを 7H11-C 寒天培地に画線培養する方法が最も効率的な分離法であることが示された。そのため、本研究では MGIT 法は用いず、当該方法のみを採用した。

分離菌株の全ゲノム解析：

分離菌株を BHI 液体培地で一晩培養し、DNeasy Blood & Tissue Kits (QIAGEN) を用いてゲノム DNA (gDNA) を抽出した。それぞれの gDNA について、Nextera XT DNA Library Prep Kit (Illumina) を用いてシーケンス用ライブラリを作製した。MiSeq (Illumina) シーケンスシステムを用いて、ショートリードの全ゲノムデータを取得した。

in silico 解析：

得られたペアエンドのリードデータを Type (Strain) Genome Server (<https://tygs.dsmz.de/>)、ANI Calculator (<https://www.ezbiocloud.net/tools/ani>)、CLC Genomics Workbench (QIAGEN)、PubMLST (<https://pubmlst.org/>) 並びに Center for Genomic Epidemiology (<https://cge.cbs.dtu.dk/services>) にインポートし、各菌株の菌種同定、ANI value、Mutilocus sequence typing (MLST) 法に沿

った ST 型の決定、毒素遺伝子、薬剤耐性遺伝子の探索を行った。

1-3) 寄生虫感染症

寄生虫の探索を目的に、昨年度とあわせイノシシの心臓を宮崎県で 41 検体、福岡県で 50 検体、愛媛県で 20 検体、和歌山県で 57 検体、千葉県で 56 検体、新潟県で 31 検体、山形県で 8 検体収集した。またアナグマについて、福岡県で全身検体として 10 頭を入手した。

有鉤囊虫の検査としてイノシシ心臓の外貌を肉眼的に検査したのち、細切しながら内部を検査した。有鉤囊虫、旋毛虫およびトキソプラズマの検査として HE 染色した病理組織学的標本を作製した。また旋毛虫検査として人工胃液による消化法による検査も実施した。アナグマの住肉胞子虫の検査として、同様に筋肉を HE 染色した病理組織学的標本を作製し、寄生の有無と数を評価した。

シカに寄生する住肉胞子虫の母子感染について検討するため、エゾシカの胎児および胎盤 13 検体、ニホンジカ 4 検体、エゾシカの乳房組織 24 検体を得て、各組織から DNA を抽出し、住肉胞子虫の分子学的検出を試みた。

国内の有鉤囊虫について、2023 年に甲信越地方で検出されたイノシシの事例 2 件について、核 DNA マーカー (*rpb2*, *pepck*, *polD*, *Ag2*) およびミトコンドリア DNA 全長配列の解析を行った。甲信越地方において、家畜保健所を通じジビエ関係者に対して、囊虫症を疑う病変探知時に報告、検体送付を呼びかけるチラシを作成、配布した。

国内に分布する肝蛭の集団遺伝学的特徴を評価するため、昨年度入手した動物由来肝蛭に加え、大阪の人患者由来肝蛭および和歌山県のシカ由来肝蛭を入手し、ミトコンドリアゲノムを解析した。近畿地域のニホンジカの肝臓血管に寄生する大型の線虫を同定するため、三重県の 4 頭、奈良県の 2 頭、京都府および岐阜県の各 1 頭から合計 26 隻の線虫を得た。形態学的に観察を行ったのち、7 つの遺伝子領域

(18S、28S、hsp70、myohc、rbp1、cox1、12S) を解読、分子系統解析を行った。

2) 食中毒や健康被害の発生防止対策のための科学的な根拠の提供

2-1) 野生カモおよび環境におけるカンピロバクターの分布実態の把握

供試検体：

2025 年 8 月から 2026 年 1 月にかけて、国内 4 地域 24 地点（北海道 14 地点：A～N、長野県 2 地点：O・P、岐阜県 3 地点：Q～S、福岡県 5：T～X）で捕獲・採取された野生カモ 85 検体および環境水 37 検体を供試した（表 2-1a）。野生カモの種同定は形態学的特徴に基づき実施し、7 種ならびに未同定のカモ類を対象とした（表 2-1b）。内訳は、マガモ (*Anas platyrhynchos*) 40 検体、コガモ (*Anas crecca*) 10 検体、カルガモ (*Anas zonorhyncha*) 15 検体、オナガガモ (*Anas acuta*) 4 検体、キンクロハジロ (*Aythya fuligula*) 4 検体、ヨシガモ (*Mareca falcata*) 1 検体、ハシビロガモ (*Spatula clypeata*) 2 検体、未同定 9 検体であった。捕獲方法は、北海道では銃猟、岐阜および福岡では投網での捕獲で、長野は確認できなかった。供試試料としては、(i)羽抜きをしていない丸と体、(ii)加工工程において食肉部位のみが採取された開腹未処理の丸と体、(iii)研究協力者により解剖され、直腸から盲腸にかけて部分的に採取された腸管、のいずれかの状態で提供された検体を用いた。生息環境の把握のために、個体ごとに記録された捕獲日時、捕獲場所および捕獲地周辺状況に関する情報を収集した。捕獲後、各個体は個別に包装し、採取後 48 時間以内に冷蔵条件下で国立医薬品食品衛生研究所へ送付した。到着後、速やかに検査を開始した。環境水はカモ捕獲地点と同一地点において原則として捕獲当日に採取した。採水には 500 mL 滅菌ポリボトル（サンプラテック）を用い、1 地点あたり合計 1.5 L 採取した。各種情報は野生カモと同様に収集し、採取後は 48 時間以内に冷蔵条件下で輸送して試験を実施した。

野生カモ盲腸内容物からのカンピロバクター検出・定量：

無菌環境下において、全ての野生カモ検体から左右一対の盲腸を摘出し、滅菌シャーレ上に回収した。その際、全ての作業はあらかじめ滅菌された器具を用いて行なった。摘出した盲腸は表面を 70%エタノールで洗浄し、滅菌シャーレ上で中央部を横方向に切開した。切開後、滅菌ミニスパーテルを用いて盲腸内容物を無菌的に全量回収し、重量を測定した。回収した盲腸内容物試料を、15 mL 遠心チューブに入れた 9 mL の PBS に懸濁した。ボルテックスミキサーでよく混合し、これを試験原液として、 10^{-2} までの希釈系列を作製した。

カンピロバクターの検出および定量に用いる試薬、培地ならびに実施手順は標準試験法 (NIHSJ-02:2019) を参考にした。定量試験では、段階希釈液を CCDA 培地 2 枚に 100 μ L ずつ塗抹し、42°C で 48 時間、微好気条件下で培養した。培養後、コロニー形態を観察し、カンピロバクター様コロニーの数を計測して、盲腸内容物 1 g あたりの菌数 (CFU/g) を算出した。

定性試験では、検体中の少量存在するカンピロバクターの増殖および損傷菌の回復を目的として、プレストン培地による増菌培養を行った。定性試験で調整した試験原液 1 mL を、プレストン培地 10 mL を分注した 15 mL 遠心チューブに加え、十分に懸濁した後、42°C で 24 時間の微好気条件下で前培養した。前培養液を CCDA 培地に 100 μ L または 200 μ L ずつ塗抹し、42°C で 48 時間微好気培養した。形成されたコロニーは定量試験と同様に形態学的に確認し、カンピロバクター様コロニーを選択して菌株同定に供した。

環境水試料からのカンピロバクター検出・定量：

環境水試料 1.5 L に含まれる不純物を取り除くために孔径 2.7 μ m のメンブレンフィルター (Whatman) を用いて 1 次ろ過した。その後、孔径 0.22 μ m メンブレンフィルター付きのボトルトップフィルター (CORING) を用いて 2 次ろ過を行い、ろ液に含まれるカンピロバクターを捕捉した。ろ過により得られた孔径 2.7 μ m ならびに孔径 0.22 μ m のメンブレンフィルターを、50 mL 遠心チューブ

に入れた 10 mL の PBS+0.1%Tween80 に加え、1 分間ボルテックスして懸濁液を作製し、これを試験原液とした。

定量試験では、200 μ L の各試験原液を CCDA 培地 2 枚に 100 μ L ずつ塗抹し、42°C で 48 時間、微好気条件下で培養した。培養後、コロニー形態を観察し、カンピロバクター様コロニーの数を計測して、環境水 1 mL あたりの菌数 (CFU/mL) を算出した。

定性試験では、各試験原液 5 mL とフィルターを 45 mL のプレストン培地を分注したストマック袋 (関東科学、東京) に加え、42°C、48 時間微好気下で前培養した。前培養液を CCDA 培地に 100 μ L または 200 μ L ずつ塗抹し、42°C で 48 時間微好気培養した。形成されたコロニーは定量試験と同様に形態学的に確認し、カンピロバクター様コロニーを選択して菌株同定に供した。

カンピロバクターの種同定：

CCDA 培地上で生育した菌株を 10 μ L エーゼで釣菌して、アルカリ熱抽出法で DNA 抽出を行った。抽出した DNA を鋳型として、*C. jejuni*、*C. coli* および *C. fetus* に特異的な Multiplex PCR を実施し、カンピロバクターの種の同定を行った。

2-2) キジにおけるカンピロバクターの分布実態の調査

供試検体：

2025 年 12 月から 2026 年 2 月にかけて、国内 2 地域 (長野および広島) で捕獲されたキジ 6 検体を供試した。供試試料としては、研究協力者により解剖され、直腸から盲腸にかけて部分的に採取された腸管を検体として用いた。採取後 48 時間以内に冷蔵条件下で国立医薬品食品衛生研究所へ送付した。到着後、速やかに検査を開始した。

野生キジ盲腸内容物からのカンピロバクター検出・定量：

上述の 1 の 2) と同様の方法でカンピロバクターの検出と定量を実施した。

解体場環境におけるカンピロバクターの汚染調査：

拭き取り検体：

今年度は、環境拭き取り検体の採取および評価手法について、改善および標準化を目的として調査を実施した。本研究で供試したカモを解体し食肉部位を採取した解体場 1 施設にて、解体に使用したナイフ・まな板・シンク・解体者の使用したゴム手袋の付着物を採取し、そこでのカンピロバクターの定性的試験を行った。解体場環境の拭き取りは、市販のふき取りキット (ドライスポンジスティック ; 3M) を用いて 100 cm² 程度の面積を付属のスポンジで拭い、回収袋に入れたプレストン液体培地 10 mL 中にスポンジごと回収した。ゴム手袋は解体作業直後のものをチャック付きビニール袋に入れた。これらの環境サンプルを 4°C で実験室に運搬した。この工程を 3 羽分繰り返し実施した。

拭き取り検体からのカンピロバクター検出：

拭き取りサンプルは、拭き取られた環境表面付着物を指でプレストン液体培地中によく揉みこみ懸濁し、これを試験液とした。ゴム手袋両手分をストマッカー袋に入れ、プレストン液体培地 250 mL を加え、1 分間ストマッカー処理し、これを試験液とした。培養と検出は 1 の 2) と同様の方法で実施した。

3) 現場の実態に対応した HACCP に沿った衛生管理手法の確立

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 (継続調査)：

2018 年 10 月～2026 年 3 月の間に、わが国の野生鳥獣肉処理施設鹿 37 施設 (本年度 14 施設)、猪 28 施設 (本年度 7 施設) でそれぞれ処理された洗浄前の鹿枝肉 360 検体 (本年度 72 検体)、および猪枝肉計 170 検体 (本年度 26 検体) について、枝肉洗浄前において、それぞれ胸部、および肛門周囲部から拭き取りを実施した (表 3-1)。

各検体について、「枝肉の微生物検査実施要領 (平成 26 年度)」(厚生労働省) に従い、各衛生指標細菌数を計測した。すなわち、各拭き取り材料から 10 倍階段希釈液を調整した。各検体の 1ml 量を、各条件につき 2 枚のペトリフィルム (AC プレート：一般細菌数用, EC プレート：大腸菌・大腸菌

群数用)にそれぞれ接種した。ACプレートは35℃で48時間、ECプレートは35℃で24時間、培養し、それぞれ形成されたコロニー数を計測した。

各衛生指標細菌数の比較には、Anderson-Darling 検定による正規性の検定を行った後、Mann-Whitney U 検定により行った。

特徴的な解体処理方法の衛生評価(外皮付き熟成の衛生評価のための基礎的研究)：

2026年2月に、わが国の野生鳥獣肉処理施設Aに搬入された鹿4頭、猪1頭を対象とした。

施設Aでは、外皮洗浄(水道水による予備洗浄、高圧洗浄、次亜塩素酸消毒)後、内臓摘出を行い、剥皮をせずに外皮を付けたまま-0.5~0.9℃、湿度85.8%~86.9%の条件下で7日間熟成させた。熟成前後において、熟成庫内環境(壁、床、空気)ならびに外皮、体腔内側、ならびに剥皮後のそれぞれ胸部、並びに肛門周囲部から拭き取りを行い、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

(継続調査)と同様の方法で各種衛生指標細菌数を計測した。

なお、熟成庫内空気については、エアースンプラーにより1000L収集し、標準寒天培地を用いて一般細菌数のみを検討した。

細菌叢解析を応用した屋外解体処理時の枝肉の細菌汚染源の推定：

2024年2月に、わが国の野生鳥獣肉処理施設Aに搬入された鹿2頭について、熟成前、中間日(熟成後3日)、および熟成後(7日)において、外皮洗浄前、外皮洗浄後、剥皮後、内臓摘出後、枝肉洗浄前、枝肉洗浄後、において、周辺環境、作業者手指、ナイフ、と体蹄、表皮正中、肛門周囲部、からの拭き取り(100cm²)、ならびに直腸便を採取した。

各検体における細菌叢解析は、16S Metagenomic Sequencing Library Preparation (イルミナ社)に従って行った。すなわち、各検体から、市販のDNA抽出キット(DNeasy PowerFood Microbial Kit; QIAGEN 社)を用いてDNAを抽出し、

Tks Gflex DNA Polymerase (TAKARA 社)を用いて、細菌の16SrRNA (V3-V4)領域を標的としたPCRを行った。PCR産物を精製した後、Nextera XT Index Kitを用いてPCRを行った。さらにPCR産物を精製した後、MiSeq Reagent Nano Kit v2 (500 Cycles) (イルミナ社)を用いて、MiSeqにより解析を行った。得られたfastqデータについて、Qiime2を用いてデータを解析した。対象としたデータベースには、Greengenes Databaseを用いて解析した。

4) 消費者や関係事業者に対する分かりやすい形での情報提供手法の提案

研究期間中一貫して、検体の収集および病変の病理検査を実施して、オリジナリティーのある、質の高い、かつ確定診断された画像を準備する。重要疾患に関しては家畜の疾患写真を用いる。情報提供の媒体としてはカラーアトラスを用いる。カラーアトラスの内容としては、疾病に関する知識が少ない一般人(狩猟者、解体・加工者)でも理解できるように平易な表現にして、危険な疾病を認識して的確に排除できるようにする。また、従事者自身が有効な感染症防御対策が取れるようにする。

セミナーや講習会を開催して、アトラスの使い方を説明するとともに、アンケート調査を行い、その結果を解析して、改訂内容に反映させるようにする。有識者(研究班班員など)の学術的検証を受けて改訂版に反映させる。

(倫理面への配慮)

セミナーおよび講習会で実施するアンケート調査に際して、個人情報の取り扱いには特段の配慮をする。

C. 研究結果

1) 野生鳥獣由来食肉の保有する病原体に関する知見の収集(ウイルス)

1-1) ウイルス感染症

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 1-1-1)

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 1-1-2)

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 1-1-3)

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。(図 1-1-4)

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 1-1-5) 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 1-1-5)

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 1-1-5)

野生動物糞便由来の他のエンテロウイルスの分離：

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 1-1-6)

SFTS を含む節足動物媒介感染症の疫学調査：

シカにおける SFTSV の抗体陽性率は 25.7% (4859 検体中 1249 検体)、遺伝子陽性率は 0.1% (1601 検体中 1 検体) となった (表 1-1-1)。イノシシにおける SFTSV の抗体陽性率は 39.3% (3587 検体中 1409 検体)、遺伝子陽性率は 0.2% (1697 検体中 3 検体) となった (表 1-1-2)。中部地方のイノシシにおいて、日本脳炎ウイルスの抗体陽性率は 33.3% (123 検体中 41 検体)、オーエスキー病ウイルスの抗体陽性率は 0% (102 検体中 0 検体) となった。茨城県との共同研究で、2019 年度から 2023 年度に採取されたイノシシ血清 857 検体について SFTSV 中和試験を実施したところ、2021 年度に抗体陽性率が上昇し 25.1% に達し、それ以降ほぼ横ばいであること、また、県南地域において高い陽性率が維持されていることが明らかになった (図 1-1-7)。千葉県との共同研究で、2024 年度に採取されたシカ及びイノシシ検体 (それぞれ 53 検体) について検査を実施したところ、イノシシで 47%、シカで 36% の個体が中和抗体を有していることが明らかになった (図 1-1-8)。

Oz ウイルスは人に致死的な病原性を有す

るマダニ媒介性ウイルスである。イノシシ、ニホンジカ、ツキノワグマ、ニホンザルの動物血清を用いて全国規模の血清疫学調査を実施した。その結果、野生動物では高い中和抗体陽性率が認められ、イノシシ 33/119 頭 (27.5%)、ニホンジカ 97/173 頭 (56.1%)、ツキノワグマ 182/232 頭 (78.4%)、ニホンザル 60/306 頭 (19.6%) であった。Oz ウイルス RNA はすべての動物で検出されなかった (表 1-1-3)。

1-2) 細菌感染症

野生獣糞便からの黄色ブドウ球菌の分離率 (表 1-2-1)

2025 年 1 月から 12 月に日本全国で採取したシカ糞便 177 検体中 10 検体から黄色ブドウ球菌が分離され、陽性率は 5.6% であった。また、同時期に採取したイノシシ糞便 95 検体中 3 検体から黄色ブドウ球菌が分離され、陽性率は 3.1% であった。本年度も前年度までと同様、黄色ブドウ球菌はイノシシ糞便よりシカ糞便から高率に分離された。

野生獣糞便からの β ラクタム系抗生物質耐性腸内細菌目細菌の分離率 (表 1-2-2) :

上記と同一の糞便検体を用いて、 β ラクタム系抗菌薬耐性腸内細菌科細菌の分離を実施した。前課題の結果と同様に、2025 年 1 月から 12 月までに搬入された全 272 検体から CRE は分離されなかった。一方、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 β -lactamase: ESBL) 産生菌が疑われる株は、イノシシ糞便 95 検体中 11 検体

(11.6%) から分離されたが、シカ糞便からは検出されなかった。本年度の結果も過去 4 年間の調査と同様に、イノシシ由来検体において分離率が高い傾向を示した。

分離した黄色ブドウ球菌の遺伝学的特性 (図 1-2-1) :

本年度分離された黄色ブドウ球菌 10 菌株 (シカ糞便由来 7 株、イノシシ糞便由来 3 株) は、8 株が前課題時に新たに見出した

「野生鳥獣特有クローン : CC121」に属し、それぞれ ST6238 (*sei, sem, sen, seo, selu* 保有株) がシカ由来 2 株、イノシシ由来 1 株、ST8077 (エンテロトキシン遺伝子非保有株) がシカ由来 1 株、イノシシ由来 2 株、ST8084 (エンテロトキシン遺伝子非保有株) がシカ由来 1 株、ST1250 (エンテロトキシン遺伝子非保有株) がシカ由来 1 株であった。一方、残り 2 株はウシ関連クローン CC97 に属する ST352 であり、いずれも宮崎県で採取されたシカ糞便由来株であった。

分離した薬剤耐性腸内細菌目細菌の特性 (表 1-2-3) :

2025 年に分離された CTX 耐性菌 9 株を解析した結果、全ての菌株で少なくとも一つの *bla* 遺伝子を保有する多剤耐性菌であり、過去 4 年間の調査と同様、多くが *bla*_{CTX-M-15} (3 株 : 33.3%) か *bla*_{CTX-M-55} (6 株 : 66.7%) を保有していた。また、解析対象となった 9 株はいずれも *Escherichia coli* であった。

非結核性抗酸菌の分離結果と菌種同定 (図 1-2-2) :

7H11-C 寒天培地上に発育したコロニーについて、*rpoB* および *hsp65* を標的としたコロニー PCR を実施した。その結果、シカ糞便 177 検体中 2 検体から両遺伝子のバンドが検出され、陽性率は 1.1% であった。一方、同時期に採取したイノシシ糞便 95 検体中 4 検体で両遺伝子のバンドが検出され、陽性率は 4.2% であった。

さらに、ゲノムシーケンス解析に向けて DNA 抽出を行ったところ、定法であるカラム精製の前にリゾチーム処理を 3 時間以上実施することで、約 100 ng のゲノム DNA を取得することが可能であった。このうち MY25B31 株、MY25B46 株および MY25D127 株について MiSeq によるリードデータを取得し、Type (Strain) Genome Server による菌種同定を行った結果、いずれの株も迅速発育菌群に属する非結核性抗酸菌であり、*Mycobacterium fortuitum* と同定された。

1-3) 寄生虫感染症

7 県由来のイノシシ心臓 263 件について、解剖検査（有鉤囊虫）、病理組織学的検査（有鉤囊虫、旋毛虫、トキソプラズマ）、人工消化法（旋毛虫）のすべてで全例が対象寄生虫陰性であった（表 1-3-1）。また同検体のうち、合計で 48 件（18.3%）が住肉胞子虫陽性であった。

アナグマの住肉胞子虫は、10 検体のうち 7 件が陽性であった。さらに、部位ごとの寄生状況（寄生密度）を評価したところ、主たる可食部位として利用される肩や大腿において他の部位に比べてやや高い傾向がみられた（表 1-3-2）。一方で陽性検体であっても心筋には寄生を認めなかった。

シカの母体および胎児の組織の分子学的検査により、胎盤および、胎仔の骨格筋、血液、糞便、腎臓から *Sarcocystis japonica* および *S. cf. tarandi* の DNA を検出した。また乳房組織からは *S. japonica*、*S. cf. tarandi*、および Type 4 *Sarcocystis* の DNA が検出された。

甲信越地方で検出されたイノシシの有鉤囊虫について、核 DNA マーカーは既報の有鉤囊虫の配列と 99.8%以上の相同性を示した。一方で、ミトコンドリア DNA 配列はこれまで報告のあるアジア型、ブータン型、アフリカ型のいずれとも大きく異なる遺伝子型であった。また同地方において追加の検体入手を目的にジビエ関係者に対して探知時の報告、検体送付を呼びかたが、今年度の報告数は 0 件であった。

肝蛭の集団構造解析について、患者由来肝蛭は *Fasciola hepatica* を母系等とする集団に含まれる肝蛭であり、地域や動物種を超えて伝播している可能性が考えられた。また大分のイノシシ由来の肝蛭は、*F. hepatica* 系統ではあるものの、分子生物学的に国内の主集団（ヒトのほか、シカや牛からも検出）とは異なる系統であった。

ニホンジカの肝臓血管より得た大型の線虫についてオンコセルカ科の *Elaeophora elaphi* の同一系統と同定した。分子系統解析ではダニ類媒介性のオンコセルカ亜科との近縁性が示唆された。

2) 食中毒や健康被害の発生防止対策のための科学的な根拠の提供

2-1) 野生カモおよび環境におけるカンピロバクターの分布実態の把握

野生カモにおけるカンピロバクターの分布実態の把握：

野生カモ盲腸内容物からのカンピロバクターの検出の結果、全体では 85 検体中 30 検体（35.3%）が陽性であり、陽性地点は 24 地点中 10 地点であった（表 2-2）。地域別の陽性数と陽性地点数は、北海道（14 地点、 $n=26$ ）では 10/26 検体（陽性率 38.5%）が陽性であり、5 地点（C、I、J、L および M）で陽性個体が確認された。長野（2 地点、 $n=9$ ）では 3/9 検体（33.3%）が陽性で、両地点（O および P）で検出された。岐阜（3 地点、 $n=38$ ）では 16/38 検体（42.1%）が陽性で、2 地点（Q および S）で検出された。福岡（5 地点、 $n=12$ ）では 1/12 検体（8.3%）が陽性で、地点 W でのみ検出された（表 2-4, 図 2-1）。分離株の菌種は *C. jejuni* が 29 検体であり、*C. coli* は岐阜の地点 Q における 1 検体のみ検出された。また、カモ盲腸内容物におけるカンピロバクター菌数（CFU/g）を定量したところ、数値として定量可能であった 19 検体では、菌数は $7.7 \times 10^1 \sim 8.3 \times 10^6$ CFU/g の範囲に分布した（図 2-2）。菌数の中央値は 1.0×10^5 CFU/g であり、一部の検体では 10^6 CFU/g 以上の高濃度の菌数が認められた。

環境水におけるカンピロバクター汚染実態の把握：

環境水からのカンピロバクターの検出の結果、全体では 37 検体中 13 検体（35.1%）が陽性であり、陽性地点数は 24 地点中 10 地点であった（表 2-3）。地域別の陽性数と陽性地点数は、北海道（14 地点、 $n=15$ ）では 6/15（40%）が陽性で、6 地点（A、H、I、J、L および N）から 1 検体ずつ検出された。長野（2 地点、 $n=2$ ）ではいずれの検体からも検出されなかった。岐阜（3 地点、 $n=15$ ）では 5/15 検体（33.3%）が陽性で、地点 Q から 2 検体、地点 R から 3 検体それぞれ検出された。福岡（5 地点、 $n=5$ ）では 2/5 検体（40%）が陽性で、地点 U と X から 1 検体ずつ検出された（表 2-4, 図 2-1）。分離株の菌種は *C.*

je.juni が 12 検体であり、*C. coli* は福岡の地点 X の 1 検体からのみ検出された。また、環境水におけるカンピロバクターの菌数 (CFU/mL) を定量したところ、定量可能で 2 検体はいずれも 10^1 CFU/mL の範囲に収まる低濃度の菌数であった (岐阜 2025G-W12B; 7.5 CFU/mL、福岡 2025F-W5; 20 CFU/mL)。

カモと環境水における地点別のカンピロバクター汚染実態：

野生カモおよび環境水を同一地点から捕獲・採取した地点について、カンピロバクターの検出状況を比較した結果、カモおよび環境水の両方からカンピロバクターが検出された地点は、北海道の地点 I、J、L ならびに岐阜の地点 Q の計 4 地点であった (図 2-1)。北海道の地点 I では、カモ 5 検体中 3 検体 (60.0%) が陽性であり、環境水は 1 検体中 1 検体 (100%) が陽性であった。地点 J では、カモ 3 検体中 1 検体 (33.3%)、環境水 2 検体中 1 検体 (50.0%) が陽性であった。地点 L では、カモ 5 検体中 4 検体 (80.0%)、環境水 1 検体中 1 検体 (100%) が陽性であった。岐阜の地点 Q では、カモ 21 検体中 14 検体 (66.7%)、環境水 7 検体中 2 検体 (28.6%) が陽性であった。地点 R は環境水検体のみ陽性、地点 S はカモ検体のみ陽性であり、カモと環境水の同一地点における同時陽性は認められなかった。長野および福岡は調査したすべての地点において、同時陽性の組み合わせが無い結果となった。長野ではカモ検体で陽性が確認された一方 (3/9 検体)、環境水は全検体で不検出であった (0/2 検体) ため、同時陽性地点は成立しなかった。福岡では環境水では地点 U と X の 2 地点において 1 検体ずつ陽性が認められたものの、カモ検体の陽性は地点 W の 1 検体にとどまり、同一地点で双方陽性となる組み合わせが観察されなかった。

カモ捕獲地周辺の地理を調査したところ、捕獲地周辺は畜産関連施設 (観光牧場、養豚場、家畜流通センター、孵卵場など) または下水処理場が近接する環境が、24 地点中 7 地点含まれていた。例えば北海道の地点 I では牛を飼養している牧場内に採水ポイントがあり、地点 N では牧場が近接しており、家畜

由来カンピロバクターを含む排水の流入が関与している可能性がある (図 2-3)。岐阜の地点 Q でも双方で陽性が確認され、近隣には大規模な孵卵場の立地していた (図 2-4)。地点 R では環境水のみが陽性であり、採水地点上流部に畜産流通センターおよび下水処理施設が立地していた (図 2-4)。さらに、福岡 X 地点では *C. coli* が検出され、近隣に養豚場が立地していた (図 2-5)。*C. coli* は豚腸管に分布しており、養豚場の排水中からの検出例が報告されていることから、今回の *C. coli* 分離株が養豚場由来であった可能性が考えられた。一方、福岡の地点 V においては、養豚施設が近接していたものの環境水からは検出されなかった (図 2-5) が、今後、調査検体数を増やし、排水流入経路についての情報を収集する必要がある。

キジにおけるカンピロバクターの分布実態の調査：

国内 2 地域で捕獲されたキジ 6 羽の盲腸内容物からは、いずれもカンピロバクターは分離されなかった。

解体場環境におけるカンピロバクターの汚染調査：

供試した野生カモ 3 個体のうち、個体①および②の盲腸内容物からはカンピロバクターは検出されなかった (表 2-5)。一方、個体③の盲腸内容物からはカンピロバクターが検出され、菌数は 4.5×10^5 CFU/g であった。

解体場環境の拭き取り検査では、個体①および②について、包丁、まな板、シンクおよび解体作業時に使用した手袋のいずれからもカンピロバクターは検出されなかった (表 2-5)。個体③についても、盲腸内容物からカンピロバクターが検出された一方で、包丁、まな板、シンクおよび手袋の拭き取り検体からはカンピロバクターは検出されなかった。なお、個体③のまな板拭き取り検体では、CCDA 培地上にカンピロバクター以外のコロニーの発育が認められた。

以上の結果から、今年度の調査条件下では、盲腸にカンピロバクターを保有する個体を解体した場合であっても、今回の解体条件お

よび調査対象とした解体場環境表面からはカンピロバクターは検出されなかった。

3) 現場の実態に対応した HACCP に沿った衛生管理手法の確立

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（継続調査）：

屋内外施設別の比較では、鹿において屋外施設で処理された枝肉において有意に高度の一般細菌数が検出された。猪でも同様の傾向を示したが有意差は認められなかった（図 3-1A、B、表 3-2）。

以降、屋内施設で処理されたもののみを対象とした。

剥皮と内臓摘出の工程順別比較では、鹿では剥皮を先に行う施設で処理された枝肉の胸部において高度の一般細菌数が検出された（図 3-2A、表 3-2）。猪でもまた、有意差は認められなかったものの、同様の傾向を示した（図 3-2B）。

剥皮方法別比較では、鹿では有意差は認められなかった。猪の湯剥ぎは手剥ぎに比べ有意に高度の一般細菌数が検出された。（図 3-3A、B、表 3-2）。

剥皮施設別比較では、鹿では有意差は認められなかった。猪では懸吊に比べのせ台を使用する施設で生産された枝肉において高度の一般細菌数が検出された（図 3-4A、B、表 3-2）。

食道結紮の方法別比較では、鹿において、結紮のみが、結紮未実施に比べ、有意に一般細菌数が低値を示した（図 3-5A 表 3-2）。一方、猪では有意差が認められなかった。

肛門結紮の方法別では、鹿において、肛門ビニルが、結紮未実施に比べ、有意に胸部において一般細菌数が低値を示した（図 3-6A 表 3-2）。一方、猪では有意差が認められなかった。

特徴的な解体処理方法の衛生評価（外皮付き熟成の衛生評価のための基礎的研究）：

外皮の衛生指標細菌数の推移：

一般細菌数（胸部、肛門周囲部）において熟成前では、 $0.7 \sim 9.5$ 、 $0.4 \sim 3.3$ CFU/cm²であった（表 3-3）。7 日間の熟成後では、 $1.5 \sim 5317.5$ 、 $1.3 \sim 2295.0$ CFU/cm²であった。

なお、大腸菌群は 6.3 CFU/cm² 以下、大腸菌は 0.5 CFU/cm² 以下であった（表 3-3）。

作業者手指、器具（ナイフ）の衛生指標細菌数の推移：

手指：

一般細菌数（1 回目、2 回目）において外皮洗浄前で 270 、 1030 CFU/手指であったが、洗浄後、 1920 、 74 、 500 CFU/手指であった（表 3-4）。内臓摘出前で 4 、 340 、 55 、 500 CFU/手指であったが、内臓摘出後、 3 、 330 、 25 、 750 CFU/手指であった。熟成後剥皮前（5 頭）で $0 \sim 480$ CFU/手指であったが、剥皮後（5 頭）、 $0 \sim 126$ 、 330 CFU/手指であった（表 3-5）。

大腸菌群（1 回目、2 回目）は外皮洗浄前で 0 、 0 CFU/手指であったが、洗浄後、 0 、 110 CFU/手指であった（表 3-4）。内臓摘出前で 10 、 40 CFU/手指であったが、内臓摘出後、 550 、 160 CFU/手指であった。熟成後剥皮前（5 頭）で 0 CFU/手指であったが、剥皮後、 $0 \sim 1,000$ CFU/手指であった（表 3-5）。

大腸菌（1 回目、2 回目）は、外皮洗浄前、洗浄後ではいずれも検出されず、内臓摘出前で 0 、 10 CFU/手指であったが、内臓摘出後、 200 、 160 CFU/手指であった（表 3-4）。熟成後剥皮前（5 頭）で 0 CFU/手指であったが、剥皮後（5 頭）、 $0 \sim 10$ CFU/手指であった（表 3-5）。

ナイフ：

一般細菌数（1 回目、2 回目）において、内臓摘出前でそれぞれ 10 、 250 CFU/ナイフであったが、内臓摘出後には、 $6,030 \sim 6,880$ CFU/ナイフであった（表 3-6）。熟成後剥皮前（5 頭）で $0 \sim 3,200$ CFU/ナ

イフであったが、剥皮後(5頭)、0~28,520 CFU/ナイフであった(表3-7)。

大腸菌群は内臓摘出前ではいずれも0CFU/ナイフ、内臓摘出後では190,450CFU/ナイフであった。(表3-6)。熟成後剥皮前(5頭)は全て検出されなかったが、剥皮後(5頭)、0~150 CFU/ナイフであった(表3-7)。

大腸菌は内臓摘出前ではいずれも0CFU/ナイフ、内臓摘出後では40,450CFU/ナイフであった。(表3-6)。剥皮前後では全て検出されなかった。

枝肉の衛生指標細菌数の推移：

一般細菌数(胸部、肛門周囲部)は、熟成前の体腔内で0~335.0、0.2~24.5 CFU/cm²、熟成後の体腔内で2.5~144.0、0~1105.0CFU/cm²であった(表3-8)。熟成・剥皮後の体表で0~401.8、0~29.0 CFU/cm²であった。

大腸菌群(胸部、肛門周囲部)は熟成前の体腔内で鹿3のみから10.5、0.3 CFU/cm²、熟成後の体腔内で猪1で0.2、0CFU/cm²、鹿3で0、0.7CFU/cm²であった(表3-8)。熟成・剥皮後の体表では鹿2のみで0.1、0 CFU/cm²であった。

大腸菌(胸部、肛門周囲部)は、熟成前の体腔内で鹿3のみから10.0、0.2 CFU/cm²、熟成後の体腔内で猪1で0.1、0CFU/cm²、鹿3で0、0.7CFU/cm²であった(表3-8)。熟成後の体表からは、いずれも検出されなかった(表3-8)。

熟成期間中の周辺環境の衛生指標細菌数の推移：

熟成庫内の壁における一般細菌、大腸菌群、大腸菌は、熟成期間中を通して両施設で検出されなかった(表3-9)。

床の一般細菌数は、熟成前で9,850.0 CFU/cm²、熟成後で142.5CFU/cm²であった。大腸菌群、大腸菌は熟成期間中を通して、全ての検体で検出されなかった。

熟成庫内の浮遊一般細菌数を検討したところ、熟成前で11.0 CFU/1,000L、熟成後で1.0CFU/1,000Lであった。

細菌叢解析を応用した屋外解体処理時の枝肉の細菌汚染源の推定：

得られたリード数はトリミング後1検体あたり0~37880リードであった。本研究では20以上のリード数が得られた30検体で解析を行った。

鹿2頭の各工程のと体から検出された細菌の上位10目は

Pseudomonadales (0.5~97.3%)、
Oceanospirillales (0.6~49.4%)、
Rhizobiales (0.5~18.1%)、
Xanthomonadales (0.5~31.0%)、
Sphingobacteriales (0.3~28.9%)、
Sphingomonadales (0.3~12.8%)、
Burkholderiales (0~10.6%)、
Micrococcales (0~3.0%)、
Enterobacterales (0~6.5%)、
Flavobacteriales (0~4.1%)

であった。

最終的な剥皮後枝肉では *Pseudomonadales* が26.5~97.3%、*Oceanospirillales* が11.7~22.8%であった(図3-5a)。

各処理工程ごと、熟成前後ごとにと体、枝肉、及び熟成庫内環境の細菌叢解析では、2頭の鹿において、ほとんどの検体で *Pseudomonadales* が高率(0.5~97.3%)に検出された。鹿1頭目では、熟成前後で表皮肛門周囲部の *Pseudomonadales* が13.2%から88.5%に増加した(図3-5a)。

熟成庫内壁と床では大きな変化は認められなかった一方、熟成庫内空気では細菌叢が変化し、熟成前の検体では *Micrococcales* (46.6%)、*Paenibacillales* (42.6%)、熟成後では *Micrococcales* (23.7%)、*Staphylococcales* (54.4%)の占有率が高かった(図3-5b)。

最終的な枝肉でも占有率の上位3目は *Pseudomonadales* (26.7~97.3%)、*Oceanospirillales* (11.1~22.8%)、*Xanthomonadales* (9.2~24.9%)であった(図3-5a)。

食中毒起因細菌および腐敗細菌としては、鹿1頭目において *Pseudomonas* はすべての検体で占有率として12.8~97.3%検出された。*Bacillus*、*Escherichia* /

Shigella、*Staphylococcus*、*Yersinia*は一部と体で検出され、それぞれ、0.3%、0.03~0.7%、0.07%、0.03%の占有率であった。*Listeria*、*Salmonella*は検出されなかった（表3-10）。

鹿2頭目では、*Pseudomonas*はすべての検体で占有率として0.5~35.7%検出された。*Bacillus*、*Escherichia* / *Shigella*は一部と体からも検出され、それぞれ0.2~0.3%、0.5~5.9%の占有率であった。*Staphylococcus*、*Listeria*、*Salmonella*、*Yersinia*は検出されなかった（表3-11）。

熟成庫内壁、床では、*Pseudomonas*はそれぞれ23.5~35.8%、5.3~29.1%の占有率として検出され、*Bacillus*、*Escherichia* / *Shigella*、*Staphylococcus*、*Listeria*、*Salmonella*、*Yersinia*は検出されなかった。

空気では *Pseudomonas* が0~2.6%、*Staphylococcus* が3.1~54.4%の占有率で検出され、*Bacillus*、*Escherichia* / *Shigella*、*Listeria*、*Salmonella*、*Yersinia*は検出されなかった（表3-10、表3-11）。

4) 消費者や関係事業者に対する分かりやすい形での情報提供手法の提案

カラーアトラスの作成：

野生鳥獣の狩猟者および解体・加工施設の協力を得て、病変のある臓器・組織の提供を受けて、写真撮影と病理検査を実施した検体数は延べ120以上に達した。また、牛、豚の疾病写真に関しては全国食肉衛生検査所協議会編カラーアトラス掲載の写真転載の許可を得て用いて作成した。アンケート調査の結果や研究班班員からのコメントも参考に、改訂を実施して約80ページのカラーアトラス「ジビエのカラーアトラスあぶない異常・気をつける異常」を作成した。工夫した点としては、疾病・病変の重要度を信号機で表現し、識別するためのポイントを簡潔にした。また、関連する情報を、別項目として、病変の見方、野生動物によくみられる病変、引用文献を掲載した。ジビエ生産物の生食が後を絶たないこ

とから、「生食をしてはいけない理由」をFact Sheet形式で示した。

普及活動：

ジビエハンター研修会、セミナーなどでの講義の際に、試作版を配布、説明しアンケート調査を行った。その意見を改訂に反映した。

その他：

研究期間中に病変・疾病に関する問い合わせに対応した。具体的には送付画像へのコメント、送付組織の病理学的検査など

D. 考察

1) 野生鳥獣由来食肉の保有する病原体に関する知見の収集（ウイルス）

1-1) ウイルス感染症

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1-1-5）。

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。

1-2) 細菌感染症

野生鳥獣が保有する病原菌のリスクについて：

シカ由来の糞便からの黄色ブドウ球菌分離率は、イノシシ由来のものと比較して高い水準を示し、この傾向は前研究課題期間の過去4年間とも一致していた。これらの結果は、イノシシに比べてシカの方が本菌の保菌率が高い可能性を強く示唆しており、本年度のデータからも、この疫学的特徴が継続的かつ安定して存在していることが裏付けられた。さらに、前研究課題において実施した分離株のゲノム解析では、野生動物に特有のクローンとして、CC121から分岐した独自系統の黄色ブドウ球菌が定着していることが明らかとなっている。本年度の解析結果においても同様の傾向が確認され、解析対象10株のうち8株が地域的な偏在を示すことなく同一クローンに分類された。このことは、当該クローンが野生鳥獣に特異的に分布するという疫学的特性を強く支持するものである。

本年度の解析では新たな知見として、ウシ関連クローンであるCC97に属するST352型株が2株検出された。いずれも宮崎県で採取されたシカ糞便由来であり、採取地点とウシ農場との地理的關係は現時点で明らかではない。しかしながら、農場由来の黄色ブドウ球菌が水系・土壌・媒介生物などの環境経路を介して、シカへ間接的に伝播・定着した可能性が考えられる。これらの結果を踏まえ、家畜との接触や交差汚染の可能性については、他の家畜伝染病の拡散防止の観点からも、今後慎重に検討・監視していく必要がある。

前研究課題時から継続してCREの分離を試みたが、本年度もCREは検出されなかった。5年間の継続調査において1株も分離されていないことから、ヒトの臨床現場で問題となっているCREは、現時点では野生鳥獣の生息環境には広く拡散していない可能性が示唆される。ただし、今後の侵入・

定着リスクを考慮すると、継続的なモニタリングの重要性は高い。

本年度はCTX耐性の腸内細菌目細菌が11株分離され、いずれもイノシシ糞便由来であった。この結果は過去の傾向と一致しており、イノシシにおける分離率の高さは、生態および行動様式の違いに起因すると考えられる。すなわち、イノシシは雑食性であり、農地や家畜飼養環境、廃棄物周辺など人為環境に頻繁に出入りするため、抗菌薬に曝露された細菌や耐性菌と接触する機会が多い。一方、シカは主に森林環境に依存する草食動物であり、人為的汚染源との接触機会が比較的限定的である。このような曝露機会の差が、イノシシにおける薬剤耐性菌の保有率の高さに寄与していると考えられる。

本年度に分離されたCTX耐性菌のうち、9株は*Escherichia coli*であり、すべての株が少なくとも1つの*bla*遺伝子を保有する多剤耐性菌であった。これらの株はいずれも*bla*_{CTX-M-15}または*bla*_{CTX-M-55}を有しており、これらの耐性遺伝子は過去4年間の調査においても同程度に検出されている。また、これらの遺伝子は国内外で動物および環境由来株からの分離例が多数報告されていることから、環境中に広く分布していることが示唆される。したがって、野生鳥獣が保有する腸内細菌目細菌においても、これらの耐性遺伝子が普遍的に存在している可能性が高いと考えられる。特に、CTX-M系遺伝子は「高い可動性」「広い宿主域」「低い維持コスト」という特徴を持ち、特定宿主に依存せず環境中で広く維持・拡散し得ると考えられ、その結果として野生鳥獣においても普遍的に検出されることが示唆される。

野生獣糞便からの非結核性抗酸菌の分離方法の検討について：

7H11-C寒天培地上に発育したコロニーについて、*rpoB*および*hsp65*を標的としたコロニーPCRを実施した。その結果、シカ糞便177検体中2検体(1.1%)、イノシシ糞便95検体中4検体(4.2%)で両遺伝子のバンドが検出された。さらに、ゲノム解析用

DNA 抽出では、カラム精製前にリゾチーム処理を3時間以上行うことで約100 ngのゲノムDNA取得が可能であった。MY25B31株、MY25B46株およびMY25D127株についてMiSeq解析を実施し、菌種同定を行った結果、いずれも迅速発育菌群に属する非結核性抗酸菌であり、*Mycolicibacterium fortuitum*と同定された。本菌は自然環境（土壌・水系）に広く分布する環境常在菌であり、一般的にヒトに対する病原性は低いものの、創傷感染や術後感染などの日和見感染症の起因菌として知られている。さらに、免疫不全宿主においては肺感染症を含む慢性・難治性感染を引き起こすことも報告されている。本研究で本菌が検出されたことから、野生鳥獣の腸内への一過的な取り込み、あるいは水系・土壌を介した広域な環境分布の反映である可能性が考えられる。これらのことから、野生動物は非結核性抗酸菌の環境リザーバーまたは指標となり得るとともに、状況によっては人獣共通感染症としての潜在的リスク評価の対象となる可能性が示唆される。

1-3) 寄生虫感染症

イノシシの筋肉（つまり可食部）に寄生し、人の寄生虫症をおこし得る有鉤囊虫および旋毛虫、トキソプラズマの3種は、豚においては屠畜場法において全廃棄となる公衆衛生上極めて重要な寄生虫である。今回、日本の中部から西日本のイノシシを中心に調査を行ったが、少なくとも喫緊のリスクがある状況とは言えなかった。ただし、低感染率の病原体の正確な疫学調査としては検体数が依然として不足するため、特に他の動物で流行のみられる東北地方において、追加の調査が求められる。

住肉胞子虫はイノシシ263検体のうち18.3%が陽性であった。過去の報告ではイノシシの住肉胞子虫の陽性率は概ね50%ほどとされており、本調査の結果はやや低率であった。またアナグマにおいても、7割の検体が住肉胞子虫陽性であった。アナグマの住肉胞子虫については症例報告があるのみであったが、本調査により高率に流行している可能性が示唆された。これらの住肉

胞子虫について、食中毒原性に関する精査が必要であるものの、ウマやシカの住肉胞子虫の状況を加味し、これらの肉の喫食に際してはやはり加熱は重要であると考えられた。

シカの住肉胞子虫の伝播経路として、従来から知られる終宿主糞便中のスポロシストを介した水平感染の他に、*S. japonica* および *S. cf. tarandi* については感染した母体から血液を介した胎盤移行による母子感染の可能性が示唆された。また *S. japonica*、*S. cf. tarandi*、および Type 4 *Sarcocystis* については、乳房組織を経て乳汁に拡散し、経口的に若齢の仔ジカに感染する可能性が示唆された。このような伝播経路を有することで、シカにおける高率な住肉胞子虫の保有状況が維持されていると考えられた。

甲信越地方のイノシシから検出された有鉤囊虫の分子解析により、これらは最近になって日本に侵入してきたものではなく、長らく国内、特に甲信越地方で局所的に維持されていた土着の寄生虫である可能性が示唆された。引き続き、甲信越地方を中心に検体の収集を目指す。

ヒト患者由来の肝蛭が、地域や動物種を超えて国内に蔓延している集団に属することが示され、ヒトの感染防止のためには野生動物の肝蛭保有状況に注意が必要であると考えられた。

ニホンジカの肝臓血管より得た線虫が *E. elaphi* と同定され、過去には和歌山県から報告があるのみであったことから、近畿地方とその近県で分布拡大傾向がみられ、生活環の解明とさらなる流行状況の把握が求められた。また、ヨーロッパに分布する同属の線虫である *E. schneideri* はシカ類に血管炎や脳炎を起こすことから、本種の寄生が鹿肉に異常を生じさせないかなど病原性に関する知見の収集が重要である。

2) 食中毒や健康被害の発生防止対策のための科学的な根拠の提供

本研究では、野生カモ盲腸内容物85検体中30検体(35.3%)からカンピロバクターが検出され、調査したすべての地域で陽性個体

が認められたことから、国内にはカンピロバクターを保有する野生カモが広範に分布していることが示された。既報における諸外国の野生カモの保有率(9.2~52.2%)と比較しても、本研究により示された値は同範囲内に位置していた(表2-2)。したがって、国内の野生カモにおけるカンピロバクター保有率が突出して高いまたは低いとは示されず、野生カモが一定割合でカンピロバクターを保有し得ることを支持する結果であった。岐阜県においては、本研究での昨年度調査でのカモ捕獲地点と同一の3地点で今年度捕獲を実施したが、今年度のカンピロバクター陽性率は昨年度(38%)と同程度またはこれ以上であった。これらの3地点では経年的に3割以上の野生カモからカンピロバクターが検出され、これら地点でのカモでのカンピロバクター分布状況はある程度継続的なものであることが示された。また、野生カモにおいて分離された菌種は *C. jejuni* が大部分(29/30 検体)を占めた。ヒトのカンピロバクター感染症で主要な原因菌が *C. jejuni* と *C. coli* であることを踏まえると、野生カモ由来分離株の多くが *C. jejuni* であった点は、食品衛生上の観点から重要である。

野生キジ6検体の調査では、いずれの盲腸内容物からもカンピロバクターは分離されず、本調査条件下では、カモで認められたような高頻度の保菌は確認されなかった。このことは、鳥類ジビエの中でも、カモはキジと比較して、より重要なカンピロバクター保有宿主である可能性を示唆した。一方、ヨーロッパの複数国ではキジの陽性率が25.6~72%と報告されていることから、本調査結果の解釈には慎重を要し、国内における保有実態の把握には継続的な調査が必要である。

カモ盲腸内容物中のカンピロバクター定量結果では、盲腸内容物中の菌数は $10^1 \sim 10^7$ CFU/g レベルの範囲に分布し、中央値は 1.0×10^5 CFU/g であった(図2-2)。ブロイラーで報告される盲腸内容物中の菌数($10^6 \sim 10^8$ CFU/g)と比較しても、本研究で確認された最大菌数は同程度の値であり、衛生学的に無視できない菌数が野生カモ盲腸内に保有されていることを示した。さらに、本研究で示された陽性率(35.3%)は、処理される個

体の3羽に1羽が保菌していることを示している。ジビエは、食鳥検査法に基づく法的に規制された方法で処理されるブロイラーの食肉とは異なり、衛生管理指針等を参考に各施設で処理される。そのため、野生カモ解体工程の衛生管理水準は、各解体者や施設の判断や方針に左右され、可食部の衛生状態に大きく影響する。本研究で盲腸内容物からカンピロバクターが検出されたことは、解体・処理工程において腸内容物が可食部に付着した場合、二次汚染の起点となり得ることを示唆する。実際に、ブロイラーでは腸内容物のと体への付着が食肉汚染に関与し得ることが示されており、国産市販鶏肉の61%からカンピロバクターが検出されたとの報告もある^[11]。これらを踏まえると、野生カモにおける盲腸内からの高頻度のカンピロバクター検出は、ブロイラーと同様に、解体・処理工程を介して食肉が汚染され得るリスクが常在すると考えられ、野生カモ肉の加工処理の際にも、解体・加工作業者による衛生管理の徹底が重要であると考えられた。

環境水中のカンピロバクターについては、水域環境と野鳥の間でその検出状況が関連すること、ならびに周辺の家畜密度や水域特性(河川、池沼等)が検出に影響し得ることが報告されている。今回の調査では、環境水35検体を用いた周辺環境要因の探索では、水域特性別に河川(38.1%)および池・沼(50.0%)のいずれでも陽性が認められ、水域特性による明確な差は示されなかった。一方、本研究で調査対象とした複数の捕獲地周辺には、カンピロバクター汚染に関連し得る環境要因が存在した。その地点の中で今回、カモと環境水を同一地点で評価した結果、北海道の地点I、J、Lおよび岐阜の地点Qの計4地点で双方が陽性となり、環境水中の存在とカモの保菌が同時に成立するケースが観察された(図2-1)。ニュージーランドの環境水を対象とした研究では、レクリエーションで利用される水路から検出された *C. jejuni* の一部が野鳥由来株と遺伝学的に近縁であることが報告されている。したがって、環境水汚染と野生カモでの保菌との関連の可能性を考慮し、今後は、本研究で同一地点において野生カモおよび環境水の双方から

検出されたカンピロバクター分離株の関連性を、分子系統解析等により疫学的に検討する必要がある。

解体処理場における拭き取り調査では、供試した 3 個体のうち 1 個体の盲腸内容物から 4.5×10^5 CFU/g カンピロバクターが検出された一方で、包丁、まな板、シンクおよび手袋のいずれの拭き取り検体からもカンピロバクターは検出されなかった（表 2-5）。このことから、本調査条件下においては、保菌個体を処理した場合であっても、解体器具や作業環境表面への明確なカンピロバクターの付着は確認されず、少なくとも調査対象とした範囲では可食部位への汚染も認められなかった。本研究で実施した処理方法は、腹腔を開放せずに食肉部位のみを分離する手技であり、総排泄腔からの内容物漏出を除けば、腸管内容物が可食部に接触しにくい工程であった。このような処理方法は、腸内容物由来のカンピロバクターが可食部へ付着する機会を低減し得ることから、食中毒リスクの低減に有効である可能性がある。したがって、野鳥ジビエの解体処理においては、腸管内容物と可食部との接触を回避できる処理手順を採用することが、カンピロバクター汚染防止の観点から重要であると考えられる。

一方で、まな板の拭き取り検体では、CCDA 培地上にカンピロバクター以外のコロニー発育が認められた。解体作業の観察中に、カモ腸管内容物が総排泄口から漏出したことを目視で確認したが、今回また板表面から検出されたコロニーはカンピロバクターとは同定されず、本調査ではカンピロバクターは検出されなかった。しかし、解体条件や処理手順によっては、腸内容物由来の細菌が器具、作業環境あるいは可食部位に付着する可能性は否定できない。したがって、野鳥ジビエの解体処理においては、腸管損傷・漏出の防止、器具および作業環境の衛生管理、ならびに交差汚染防止措置を徹底することが重要である。

3) 現場の実態に対応した HACCP に沿った衛生管理手法の確立

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（継続調査）：

これまでの全国的な野生鳥獣肉処理施設を対象とした検討により、衛生状態（特に一般細菌数の汚染）に影響を及ぼす因子として、1) 屋外施設、2) 工程順：剥皮→内臓摘出の順、3) 剥皮方法：ウィンチ、4) 剥皮施設：のせ台、5) 食道結紮・肛門結紮：未実施、においてそれぞれ高度に一般細菌数の汚染が認められたことを報告してきた。これらの成績に対して、本年度の検討においてもほぼ同様の結論となった。

屋内外施設別では、やはり一連の作業を全て屋外で行うことで、最終的に枝肉への細菌汚染の機会も増えることが確認された。

工程順では、剥皮を先に行うことで、無意識のうちに作業者が剥皮後の枝肉に汚染した手指で直接接触したり、周辺の汚染環境と接触する機会が多くなった可能性が考えられた。さらに、屋外で内臓摘出することにより、内臓摘出により屋外で露出した体腔側への細菌汚染が広がる可能性が考えられた。

剥皮方法別では、鹿では有意差が認められなかったが、猪では、湯剥ぎの検体でより細菌汚染の程度が高まることが確認された。厳密には外皮上の細菌数となるのに対して、比較対象は剥皮後の枝肉表面であることから、両者を直接比較できないが、残存する外皮には毛穴等に細菌が生残する可能性が考えられた。

剥皮施設別では、懸吊に比べ、のせ台では、特に体重の重い猪で高度に細菌汚染することが改めて再確認された。のせ台を使用して剥皮する施設では、懸吊して剥皮を行う場合に比べ、と体を移動させる際などの作業中に、汚染した手指や外皮などと接触してすることで、高頻度に枝肉に細菌が汚染する可能性が考えられた。

食道結紮、肛門結紮については、特に鹿でその細菌汚染防止効果が改めて確認された。猪では有意差は認められなかったものの、特に肛門周囲部において、結紮未実施に比べ、結紮のみを行う施設では細菌汚染度が低くなる傾向が確認され、食道、肛門

結紮の有効性を支持する結果と考えられる。

特徴的な解体処理方法の衛生評価(外皮付き熟成の衛生評価のための基礎的研究)

外皮の指標細菌数の推移：

高压洗浄後、次亜塩素酸水で洗浄を行う施設 A では、次亜塩素酸水の洗浄により、一般細菌が $0.4 \sim 9.5$ CFU/cm² と極めて低値となることが確認された。しかしながら 7 日間の熟成後では、 $1.3 \sim 5317.5$ CFU/cm² と一部のと体では高値を示した。施設 A ではおよそ 0°C で熟成を行っていることから、これらのと体の表皮では低温細菌が増殖したものと考えられた。実際に、後述する細菌叢解析において、表皮から検出された細菌には *Pseudomonadales* といった土壌由来の低温細菌であったことから、熟成前にわずかでも *Pseudomonadales* などの土壌由来低温細菌が汚染されていると、熟成期間中に増殖を許してしまうことが示唆された。特に、*Pseudomonadales* には低温腐敗細菌として知られる *Pseudomonas fluorescens*、*Pseudomonas fragi*、*Pseudomonas lundensis* などの *Pseudomonas* 属菌が含まれることが知られている。熟成期間中にこれらの表皮由来の低温腐敗細菌が熟成期間中食肉を汚染する可能性が危惧されることが改めて確認された。

作業者手指、器具（ナイフ）の衛生指標細菌数の推移：

外皮洗浄、剥皮、内臓摘出、の各作業により、手指、ナイフに細菌汚染が認められることが改めて確認された。各作業後の手指、ナイフの洗浄、消毒の重要性が改めて示された。

枝肉の指標細菌数の推移：

本研究で対象とした施設 A で処理された剥皮後の枝肉の細菌汚染は、1 頭の鹿を除いて、 $0 \sim 29$ CFU/cm² といずれも極めて低値であったことから、おおよそ衛生的な処理が実施されたことが確認された。しかしながら、熟成後の表皮で一般細菌数（胸部： 5317.5 CFU/cm²、肛門周囲部：

521.5 CFU/cm²）、ならびに大腸菌群数（胸部： 6.3 CFU/cm²、肛門周囲部： 0.5 CFU/cm²）が検出された鹿 2 では、剥皮後にも体表への高度の一般細菌数の汚染（胸部： 401.8 CFU/cm²、肛門周囲部： 9.3 CFU/cm²）をもたらす結果となった。以上のことから、改めて体表の細菌数が増殖した状態では、剥皮後に細菌汚染のリスクが高まることが改めて確認された。

一方、表皮の存在する状態で熟成される期間中、暴露を受けることが予想される体腔内でも同様に、一部のと体を除いて、高度の細菌増殖は認められなかったが、鹿 4 において、熟成後に 1105.0 CFU/cm² と比較的高度に一般細菌数が増加した。以上のことから、熟成期間中における体腔内の細菌汚染の頻度は高くないものの、一部注意を要する者があることが確認された。

熟成期間中の周辺環境の指標細菌数の推移：

熟成庫内の周辺環境における細菌汚染状況では、昨年度の検討と同様に、壁はほとんどいずれの衛生指標細菌も検出されなかったことが確認された。浮遊細菌については、ごくわずかに検出され、熟成期間を通して大きくは変化していないことが確認された。一方、床については比較的高度に一般細菌が検出されることが確認された。これは枝肉のドリップにより床が汚染され、細菌増殖の温床となっているものと考えられた。熟成庫内の作業時に、特に枝肉と床との接触に注意することが改めて示唆された。

細菌叢解析を応用した屋外解体処理時の枝肉の細菌汚染源の推定：

熟成期間中の各処理工程で採取した各検体における細菌叢のタクソノミー解析により、枝肉の細菌叢では、土壌に海洋に由来する *Pseudomonadales*、*Oceanospirillales*、*Rhizobiales* の占有率が高いことが明らかとなった。*Pseudomonadales* は、土壌や水など環境中に広く存在し、日和見感染で重篤な感染症を引き起こす緑膿菌が含まれる。

*Oceanospirillales*は海洋環境に多く存在する。*Rhizobiales*は、植物や動物に感染し、根粒菌等が含まれる。比率は低いものの、一部には病原細菌も含まれるものもある。以上のことから、各処理工程では、特に土壌等自然環境由来の細菌に汚染されていることが示唆され、土壌による汚染について、改めて注意する必要がある。

施設 A で処理された鹿 2 頭共に、食中毒起因細菌が含まれる可能性のある *Escherichia/Shigella* が剥皮後枝肉から 0.7~1.1% の占有率で検出された。本洗浄後の表皮からも *Escherichia/Shigella* が検出されていることから、熟成前の表皮から汚染していた可能性が考えられる。また、本洗浄後に *Escherichia/Shigella* が生残していることから、十分な洗浄効果が得られていなかったことも考えられる。

Escherichia/Shigella には、感染すると激しい腹痛や血性下痢などを引き起こす腸管出血性大腸菌や赤痢菌が属するため、食中毒起因細菌として十分な注意を払う必要がある。また、*Staphylococcus*、*Yersinia* は剥皮後枝肉からは検出されなかったが、鹿一頭目で予備洗浄前表皮から低率 (0.07%) ながら検出された。*Staphylococcus* には悪心や嘔吐を引き起こす黄色ブドウ球菌が含まれ、*Yersinia* は発熱、下痢や腹痛を引き起こす低温増殖細菌である。以上のことから、これらの食中毒起因細菌が検出された検体により枝肉が汚染された場合、不適切な保存方法や加熱条件によっては食中毒を引き起こす可能性が考えられる。また、*Pseudomonas* が一連の作業工程で採取した各検体から、高頻度かつ高い割合で検出された。*Pseudomonas* は食肉において重要な腐敗細菌であることが報告され、さらには低温細菌でもあることから、一度食肉を汚染すると、冷蔵で保管されている間でも増殖し、食肉の腐敗を引き起こす可能性があるため、剥皮時等表皮からの枝肉の汚染に細心の注意を払う必要がある。剥皮後の枝肉には低温腐敗細菌のほか、表皮から残存した食中毒起因細菌が検出されたことから、今後、食中毒の発生リスクを高める要因として表皮付き熟成肉の衛生状況につい

て引き続き検討する必要があると考えられた。

4) 消費者や関係事業者に対する分かりやすい形での情報提供手法の提案

各種セミナー、講演会での説明、配布およびアンケート結果は、大変好評であった。今後の検討事項としては、カラーアトラスの普及方法があり、併せて可食部分「肉」の生食の危険性をわかりやすく伝えることが必要と考えた。

E. 結論

1-1) ウイルス感染症

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。

・東日本においても、すでに野生動物内で SFTSV が維持されている地域があることが明らかになった。東日本における狩猟者、食肉処理関係者は野生動物の取り扱い並びにマダニ対策を強化する必要があることが判明した。全国的に SFTSV の野生動物の調査を強化することが必要である。

1-2) 細菌感染症

- ・シカ糞便における黄色ブドウ球菌分離率はイノシシより高く、過去 4 年間と同様に CC121 由来の独自クローンが優占的に定着している可能性が示唆された
- ・ウシ関連クローン (CC97 : ST352) がシカから検出され、家畜由来菌の環境経由伝播の可能性が示された。
- ・CRE は 5 年間を通じて検出されず、現時点では野生鳥獣環境への拡散は限定的と考えられた。ただし CRE の侵入リスクを考慮すると継続的監視の必要性は高い。

- CTX 耐性腸内細菌目細菌はすべてイノシシ由来であり、宿主間で明確な差が認められた。イノシシにおける耐性菌保有は、人為環境への接触頻度の高さが主因と考えられた。
- *bla_{CTX-M-15}* および *bla_{CTX-M-55}* は広く環境中に分布し、野生鳥獣にも普遍的に存在する可能性が示唆された。
- 非結核性抗酸菌 (*Mycolicibacterium fortuitum*) は低頻度ながら検出され、環境由来菌の取り込みが示唆された。本菌は日和見感染菌であることが知られており、状況によっては人獣共通感染症としての潜在的リスク評価の対象となる可能性が示唆された。
- 野生鳥獣は病原菌・薬剤耐性菌・環境菌のいずれにおいても環境リザーバーまたは指標となり得る存在であると考えられる。

1-3) 寄生虫感染症

公衆衛生上重要であるイノシシの可食部の寄生虫について、有鉤囊虫、旋毛虫、トキソプラズマは現時点では国内に高度蔓延はしていないであろうことが示唆された。引き続き調査地、検体数を増やし、流行状況について精査していく。

住肉胞子虫については、既報の通りイノシシで保有が確認されたことに加え、高級ジビエであるアナグマにおいて高度な感染状況が明らかとなった。ウマやシカの住肉胞子虫のように食中毒原性を有するか評価が必要である。

野生動物の保有する寄生虫による人への危害として、獣肉の喫食に起因する感染症等だけでなく、寄生虫の生活環で人が活動することにより、野生動物によって維持される動物由来寄生虫に感染することも危惧される。動物間で流行が見られる肝蛭は、汚染された環境（直接の原因は野草）を介して人の感染リスクとなる。また現時点では人への感染有無や伝播経路が未解明であるがシカの *Elaeophora* 属糸状虫など、寄生虫の生活環が維持される環境に立ち入ることになる狩猟者や加工者などにリスクがあるかもしれない。このようなリスクを正し

く理解するためにも、今後も調査と情報提供が重要である。

2) 食中毒や健康被害の発生防止対策のための科学的な根拠の提供

国内の野生カモにはカンピロバクターを保有する個体が広く分布しており、その一部では盲腸内容物中に高濃度の菌数が認められた一方、キジでは全検体非検出となり、鳥類ジビエでは特にカモ類における衛生管理の重要性が示された。

環境水からもカンピロバクターが検出され、特定地点ではカモと環境水の双方で *C. jejuni* が検出されたことから、今後は、カモ周辺水環境がカモのカンピロバクター曝露要因の一つである可能性を考慮し、菌株間の疫学的関連性を検討する必要がある。

解体処理場の調査では、保菌個体を処理した場合であっても、器具や作業環境表面からカンピロバクターは検出されず、本調査条件下においては処理工程に伴う可食部への汚染は確認されなかったものの、カモの解体処理においては、腸管内容物を可食部に接触させない処理工程が重要であり、今後はその具体的なリスクポイントを明確化する必要があることを確認した。

以上のことから、野生カモはジビエとして利用する際にカンピロバクター食中毒のリスク要因となり得る一方で、そのリスク評価には、生息環境および解体工程の両面から継続的に実態を把握することが重要であると考えられた。

3) 現場の実態に対応した HACCP に沿った衛生管理手法の確立

- ①施設の屋内外別：屋外施設、②剥皮・内臓摘出の工程順：屋外での内臓摘出、剥皮→内臓摘出の順、③剥皮方法別：湯剥ぎ、④剥皮施設別：のせ台、⑤食道結紮・肛門結紮の実施：未実施、においてそれぞれ高度に一般細菌数の汚染が認められることが支持された。
- 一連の解体工程の拭き取り検体における細菌叢の比較解析から、枝肉への細菌汚染源としては土壌が重要である。

- ・一連の解体工程において、極めて高頻度、高率に低温腐敗細菌である *Pseudomonas* が検出され、野生鳥獣肉の腐敗を引き起こす原因となることが危惧される。

4) 消費者や関係事業者に対する分かりやすい形での情報提供手法の提案

カラーアトラスはジビエ生産物流通過程に生じる公衆衛生上のリスク軽減に貢献する。

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
3. Osawa S, Miyazaki K, Mine S, Hirata Y, Terada N, Ozawa M, Kikuchi K, Uchida A, Hirose K, Imakawa Y, Komuro K, Nagata N, Abe S, Uchida Y, Yanaoka T, Ozono S, Yoshikawa T, Lim CK, Fukushima S, Matsuu A, Miyamoto S, Kataoka M, Katano H, Maeda K, Ebihara H, Suzuki T. Fulminant Viral Myocarditis Associated with Thogotovirus. *N Engl J Med*. 2025 Sep 4;393(9):924-926. doi: 10.1056/NEJMc2503343. PMID: 40902171.
4. Matsuu A, Tatemoto K, Ishijima K, Nishino A, Inoue Y, Park E, Tamatani H, Seto J, Higashi H, Fukui Y, Noma T, Doi K, Nakashita R, Isawa H, Kasai S, Maeda K. Oz Virus Infection in 6 Animal Species, Including Macaques, Bears, and Companion Animals, Japan. *Emerg Infect Dis*. 2025 Apr;31(4):720-727. doi: 10.3201/eid3104.241574. PMID: 40133036; PMCID: PMC11950278.
5. 前田 健「マダニ媒介感染症とその対策としてのワンヘルスアプローチ」特集「ワンヘルス理念に基づく人獣共通感染症対策」*Environmental Health in Buildings* 2026. No. 193:15-25
6. 前田 健「動物由来感染症の研究と対策」月刊「公衆衛生情報」特集「動物由来感染症の対策」2026. 55 号11 巻 pp6-7
7. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) の最新知見」*みやぎ獣医師* 79(1):6-10. 2026.
8. 前田 健「新興マダニ媒介性 Oz ウイルス感染症」*モダンメディア*. 2025. 71(6):157-165
9. 鈴木康規、小野久弥. 新型ブドウ球菌エンテロトキシンの発見と食中毒リスク. *日本食品微生物学会雑誌*. 2026 年 43 巻 1 号 p. 15-19.
10. Akiyoshi K, Kokubo-Tanaka M, Yamauchi S, Yonezu K, Abe I, Tawara K, Saito S, Kondo H, Fukuda T, Fukui A, Akioka H, Shinohara T, Teshima Y, Yufu K, Shimono N, Mizuno Y, Irie T, Yoshida A, Takahashi N, Maruyama H. A case of fasciolosis reinfection in Japan. *Internal Medicine* 2025. 65(6): 921-925.
11. 入江隆夫. 家畜や展示動物のエキノコックス感染. *家畜感染症学会誌* 2025. 14(3): 39-47.
12. Yamazaki A, Tanita N, Omori K, Shirafuji Y, Kamata. In vivo verification of the effect of low-temperature treatment on the enterotoxicity of *Sarcocystis*

- fayeri*. Foodborne Pathogens and Disease. 2025. First published online December 2, 2025(10.1177/15353141251405076).
13. Yamazaki A, Yamaguchi Y, Hiroshima T, Urushibara Y, Shirafuji Y, Fukumoto S, Kamata Y. Possibility of vertical transmission of *Sarcocystis* spp. in Sika deer in Japan. Foodborne Pathogens and Disease. 2025. 22(10): 729-736.
 14. Tokiwa T, Sakashita K, Miura S, Yoshimura H, Matsuo S, Yamamoto T, Maruko R, Moribe J, Takashima Y, Yoshida A, Matsuo K. A vascular filarial nematode in sika deer (*Cervus nippon*): Morphological and molecular characterization of *Elaeophora* (Nematoda: Onchocercidae) in Japan. International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife. 2025. 28: 101068.
 15. Tokiwa T, Doi K, Kitajima A. Wild Japanese marten, *Martes melampus melampus* (Carnivora: Mustelidae), is a new host for zoonotic *Thelazia callipaeda* eyeworm. Ecology and Evolution. 2025. 15: e71439.
 16. Suzuki R, Tokiwa T, Kasahara T, Rengulbai K. *Gnathostoma doloresi* in domestic pigs in the Republic of Palau, 2020-2022. Parasitology International. 2025. 105: 103001.
 17. Hayashi N, Kuwamoto R, Okada M, Suzuki K, Hoketsu T, Kelava S, Ohari Y, Okamoto M, Yagi K, Nonaka N, Nakao R. Phylogenetic characterization of the pork tapeworm *Taenia solium* in Japan: implications for the enigmatic evolutionary history. International Journal for Parasitology, 2025. 55(10): 497-508.
 18. Boripun R, Tadee P, Warin R, Suttidate N, Phu DH, **Kabeya H**, Poolkhet C, Boonmar S, Tesakul S, Klainiem Y, Pavana N., Antibiotics (Basel). 2026;15(2):135. Whole-Genome Sequence Analysis of Colistin-Resistant, mcr-Harboring *Escherichia coli* Isolated from a Swine Slaughterhouse in Thailand.
- ## 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
 2. 前田 健 「重症熱性血小板減少症候群 (SFTS)」 第 37 回日本臨床微生物学会総会・学術集会 シンポジウム 5 人獣共通感染症 (ウイルス編) 令和 8 年 2 月 13 日
 3. 前田 健 「SFTS の抗体調査: 忍び寄るウイルスの浸淫度を知る」 日本学術会議公開シンポジウム 「One Health から SFTS (重症熱性血小板減少症候群) を深掘り」 令和 8 年 1 月 16 日オンライン開催
 4. Ken Maeda 「Genome of SFTSV isolated from animals in Japan」 International Conference on Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome (SFTS) Hangzhou, on December 11, 2025
 5. 前田 健 「今後のダニ媒介性ウイルス感染症について」 衛生微生物技術協議会第 45 回研究会北海道民活動センター (かでの 2.7) 令和 7 年 7 月 17 日シンポジウム III ダニ媒介感染症
 6. 入江隆夫, 水野雄介, 水村匡伸, 小久保 (田中) 美緒, 丸山治彦, 吉田彩子. 患者および動物由来肝蛭の集団遺伝構造. 第 77 回日本寄生虫学会南日本支部大会・第 74 回日本衛生動物学会南日本支部大会 合同大会. 2025. 長崎.
 7. 鈴木こころ, Wui Hung Ho, 入江隆夫, 三谷康正, 西澤尚文, 吉田彩子. 食肉のトキソプラズマ汚染検出を目的とした real-time PCR 検査の開発. 第 168 回日本獣医学会学術集会. 2025. 宮崎.
 8. Hayashi N, Kuwamoto R, Okada M, Suzuki K, Hoketsu T, Kelava S,

- Ohari Y, Munehiro O, Yagi K, Nonaka N, Nakao R. A novel genotype of *Taenia solium* in Japan: public health implications and evolutionary insights. 30th Conference of the World Association for the Advancement of Veterinary Parasitology. 2025. Curitiba, Brazil.
9. 林直樹, 桑本亮, 岡田充弘, 鈴木健太, 法華津孝哉, Samuel Kelava, 尾針由真, 岡本宗裕, 八木欣平, 野中成晃, 中尾亮. 有鉤条虫 *Taenia solium* のアフリカ起源説に対する遺伝学的再考. 第168回日本獣医学会学術集会. 2025. 宮崎.
 10. 常盤俊大, 坂下圭太, 吉村久志, 松尾史朗, 丸子理恵, 山本俊昭, 森部絢嗣, 高島康弘, 吉田彩子, 松尾加代子. ニホンジカで流行する *Elaeophora* 属線虫 (オンコセルカ科) に関する研究. 第168回日本獣医学会学術集会. 2025. 宮崎.
 11. 渡辺麻衣子, 西角光平, 森部絢嗣, 小林由美, 山口剛士, 大屋賢司, 大西貴弘. 野生カモ類における *Campylobacter* 属菌の分布状況. 第46回日本食品微生物学会学術集会. 2025年9月18日-19日. 神奈川.
 12. Kohei Nishikaku, Junji Moribe, Yumi Kobayashi, Kenji ohya, Tsuyoshi Yamaguchi, Takahiro Ohnishi, Maiko Watanabe. Spatial Distribution Patterns of *Campylobacter* in Wild Ducks in Japan: Implications for Food Safety and Public Health. Microbial Solutions for a Changing World Conference. 2025年11月25日-27日. オーストラリア.
 13. 渡辺麻衣子, わが国の野生鹿、猪由来 *Campylobacter* 分離株の分子疫学的研究、(第168回 日本獣医学会学術集会、令和7年9月3日、宮崎大学・シーガイアコンベンションセンター)
 14. 渡辺麻衣子、マングースおよびハクビシン由来 *Bartonella henselae* の全ゲノム解析による病原性の推定 (第168回 日本獣医学会学術集会、令和7年9月3日、宮崎大学・シーガイアコンベンションセンター)
 15. 渡辺麻衣子、ジビエ用ニホンジカの剥皮時に見つかった毛包虫症例 *Demodex mites in sika deer*、(第95回日本寄生虫学会大会 令和8年3月22日、北里大学)
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
 8. 前田 健「動物由来の感染症について (追加)」第2回衛生研究所追加セミナー 令和8年3月18日 Web 開催
 9. 前田 健「SFTSの現状とサーベイランスの意義」自治体向け説明会 (SFTS・ZAS) 令和8年3月18日 WEB
 10. 前田 健「関東地方で SFTS 発生のリスクが上昇中: 正しい対応を」重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) に関する緊急講演会令和8年3月18日 WEB
 11. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群 (SFTS) 感染症の現状と対策、今後の展

望について」令和7年度千葉県獣医師会
獣医学術年次大会特別講演 令和8年3
月15日ちば愛犬動物フラワー学園千葉
キャンパス

12. 前田 健「ダニが媒介する人獣共通感染症について」第79回淡路獣医師会総会
研修会 2026年3月3日松葉寿司
13. 前田 健「マダニ媒介感染症」第48回トラ
ベラーズワクチンフォーラム研修会
令和8年2月21日オンライン
14. 前田 健「動物におけるSFTS」令和7年
度希少感染症・重点感染症診断技術研修
会 令和8年2月18日WEB会議(Zoomを
使用)
15. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群
(SFTS)の最新の動向」令和7年度獣医
公衆衛生関係研修会 令和8年2月17
日愛知県図書館
16. 前田 健「SFTS(重症熱性血小板減少症
候群)の現状と今後の課題」ワンヘルス・
フロンティア 2026. 2026年2月3日WEB
セミナー
17. 前田 健「SFTS発生リスクが上昇中:正
しい知識と適切な対応」令和7年度群馬
県感染症研修会令和8年1月29日群馬
県公社総合ビル多目的ホール
18. 前田 健「SFTSを振り返る」六史学会合
同12月例会 2025年12月20日
19. 前田 健「動物由来感染症:コロナ、SFTS、
狂犬病」令和7年度動物取扱責任者研修
横須賀市生涯学習センター令和7年11
月18日
20. 前田 健「SFTSの最新の知見」岩手県獣
医師会・令和7年度狂犬病予防注射指定
獣医師等研修会令和7年11月12日 盛
岡市アートホテル盛岡
21. 前田 健「ワンヘルスの推進について」
第25回都道府県議会議員研究交流大会
2025年11月11日ニッショーホール
22. 前田 健「SFTSを含む動物由来感染症の
迅速診断の重要性」令和7年度臨床検査
総合部門(公衆衛生・生殖医療分野)研
修会 2025年11月1日 新潟市万代市民
会館
23. 前田 健「節足動物媒介感染症:正確な
情報と適切な対応」重症熱性血小板減少

症候群(SFTS)啓発セミナー2025～県内
初事例から3年、最新の知見について～
2025年10月24日富山県医師会館

24. 前田 健「SFTSの最新の動向」動物由来
感染症対策技術研修会 YouTube 配信用動
画
25. 前田 健「SFTSの感染拡大:正しい情
報をもとに適切な対策を」沖縄県獣医
師会 2025年8月17日沖縄県畜産振興
センター
26. 前田 健「SFTSの最新の動向～SFTSに
ついての疑問・相談に可能な限り答え
ます～」JSAVA 日本小動物獣医師会
2025年8月7日配信
27. 前田 健「ワンヘルスの推進につい
て」全国都道府県議会議長会 第181
回定例総会 2025年7月23日
28. 前田 健「重症熱性血小板減少症候群
(SFTS):基礎分野からの視点/ホット
トピック」JIHS 主催第9回 iCROWN 定期
勉強会 TKP ガーデンシティ PREMIUM み
なとみらい令和7年7月9日
29. 前田 健「SFTSの現状について」SFTS
感染予防研修会 令和7年6月15日津
駅東口第1ビル
30. Ken Maeda “Topics on One Health
approach” Japan International
Cooperation Agency (JICA) EWARS-
Project. In JIHS, NIID. 11th June,
2025
31. 前田 健「新興感染症に対する One
Health アプローチ」千里ライフサイエ
ンスセミナーXI 千里ライフサイエンス
センタービル山村雄一記念ライフホー
ル (WEB 配信併用) 2025/05/21
32. 高井伸二 令和7年度ジビエハンター育
成研修会《農林水産省/利活用技術者育
成研修事業》 2025年9月26日、10月
16日、11月6日と26日の4回(オンラ
イン) 各50名「衛生管理・疾病」農林
水産省補助事業 鳥獣被害対策基盤支援
事業 利活用技術者育成研修事業(株式
会社一成)。
33. 高井伸二 令和7年度ジビエまるわかり
セミナー《農林水産省/利活用技術者育
成研修事業》 10月15-16日北海道大

学、10月20-21日農水省、11月20-21日大阪合同庁舎、12月22-23日岡山合同庁舎で開催。合計200人以上の狩猟・ジビエ施設・行政担当者等が参加。

34. 壁谷英則、ジビエハンター研修（異常の確認、衛生管理及び疾病）、2025年9月21日（日）株式会社 tracks 糸島ジビエ
35. 壁谷英則、ジビエハンター研修（異常の確認、衛生管理及び疾病）、2026年、1月11日（日）、株式会社 tracks 糸島ジビエ
36. 壁谷英則、ジビエハンター研修（異常の確認、衛生管理及び疾病）、2025年10月8日、ジビエアトリエ加賀の國
37. 壁谷英則、ジビエハンター研修（異常の確認、衛生管理及び疾病）、2025年10月22日、鳥取県庁本庁舎1階講堂
38. 壁谷英則、ジビエハンター研修（異常の確認、衛生管理及び疾病）、2025年11月20日、仙都会館
39. 壁谷英則、ジビエハンター研修（異常の確認、衛生管理及び疾病）、2026年1月30日、大分県中小企業会館
40. 壁谷英則、JICA ナイジェリア連邦共和国向け国別研修「食肉衛生管理体制強化」、野生鳥獣の食用利用における衛生管理 2026年1月27日、JICA 九州
41. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化研修、動画配信
42. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化研修令和7年6月10日 わかさ29工房
43. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業に係る産業動物獣医師防疫体制強化研修令和7年8月17日 株式会社 Mt.

44. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業に係る産業動物獣医師防疫体制強化研修令和8年1月16日 庄原市有害鳥獣処 12. 理加工施設
45. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業に係る産業動物獣医師防疫体制強化研修令和8年1月17日 俵山交流プラザ
46. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業に係る産業動物獣医師防疫体制強化研修令和8年2月23日 大槌町文化交流センター おしやち
47. 壁谷英則、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業、野生鳥獣処理施設での解体処理工程における微生物汚染防止に関する研究、令和7年度臨床獣医師防疫体制強化事業に係る産業動物獣医師防疫体制強化研修令和8年3月5日 東広島市役所豊栄支所
48. 宇根有美、ジビエ基礎セミナー 野生鳥獣（狩猟前・解体時）の異常の見分け方とリスク対応 東京 2025年10月20-21日、大阪 2025年11月20-21日、岡山 2025年12月22-23日
49. 宇根有美、第15回インターペット東京（国際展示場）2026年4月2日ジビエペットフードの衛生リスクと対策において

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 1-1-1

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 1-1-2

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 1-1-3

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 1-1-4

Phylogenetic analysis (ORF2 338 bp)

Previously detected strains

2025 fecal samples ●
2025 serum samples 無し

neighbor-joining method
1000 bootstrap

253 strains

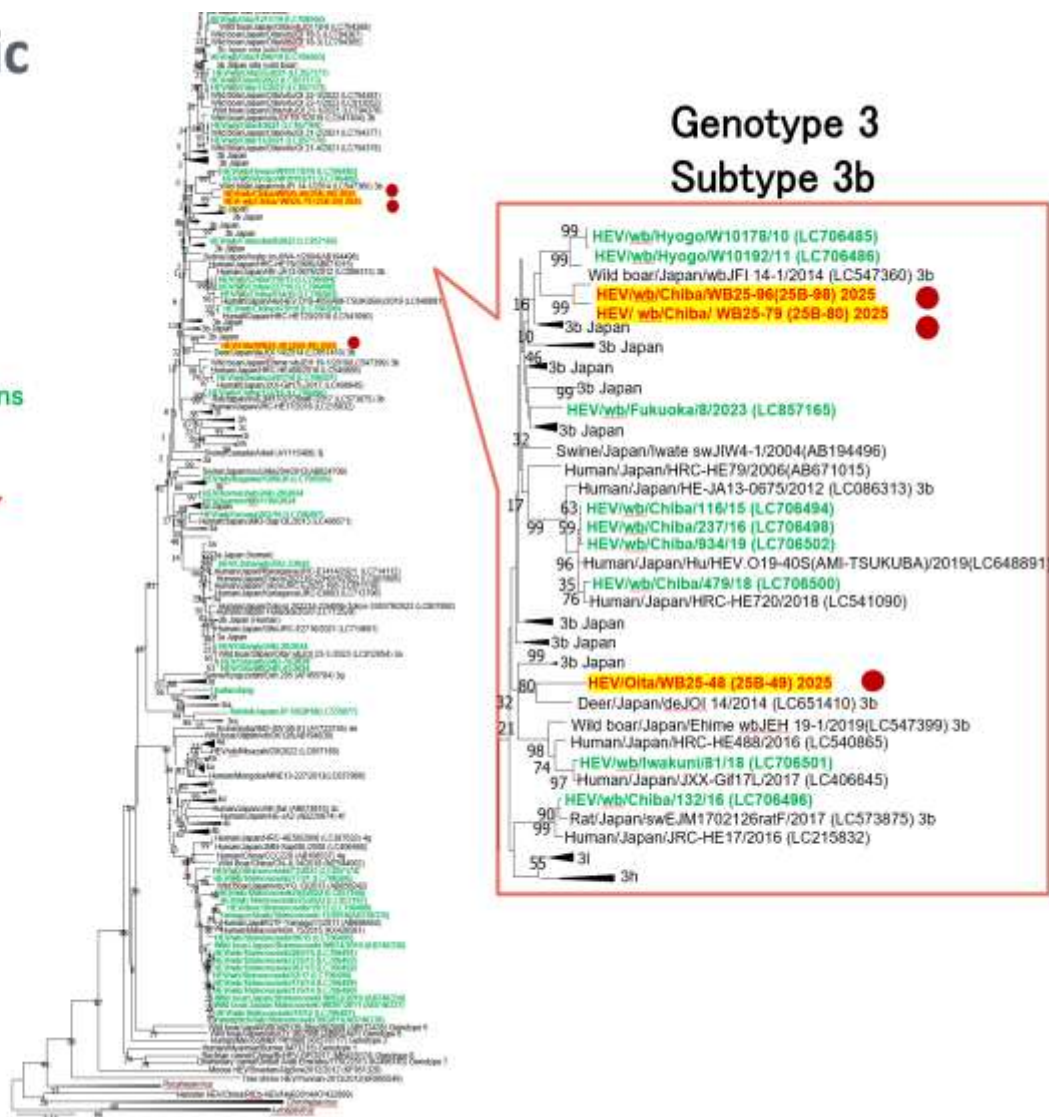


図 1-1-5

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			
	♂	♀	N/A	計
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

HEV ISOLATION IN PLC/PRF/5 CELLS USING FECAL SAMPLES OF WILD BOAR: HEV/Aomori/wb/24B-29/2024

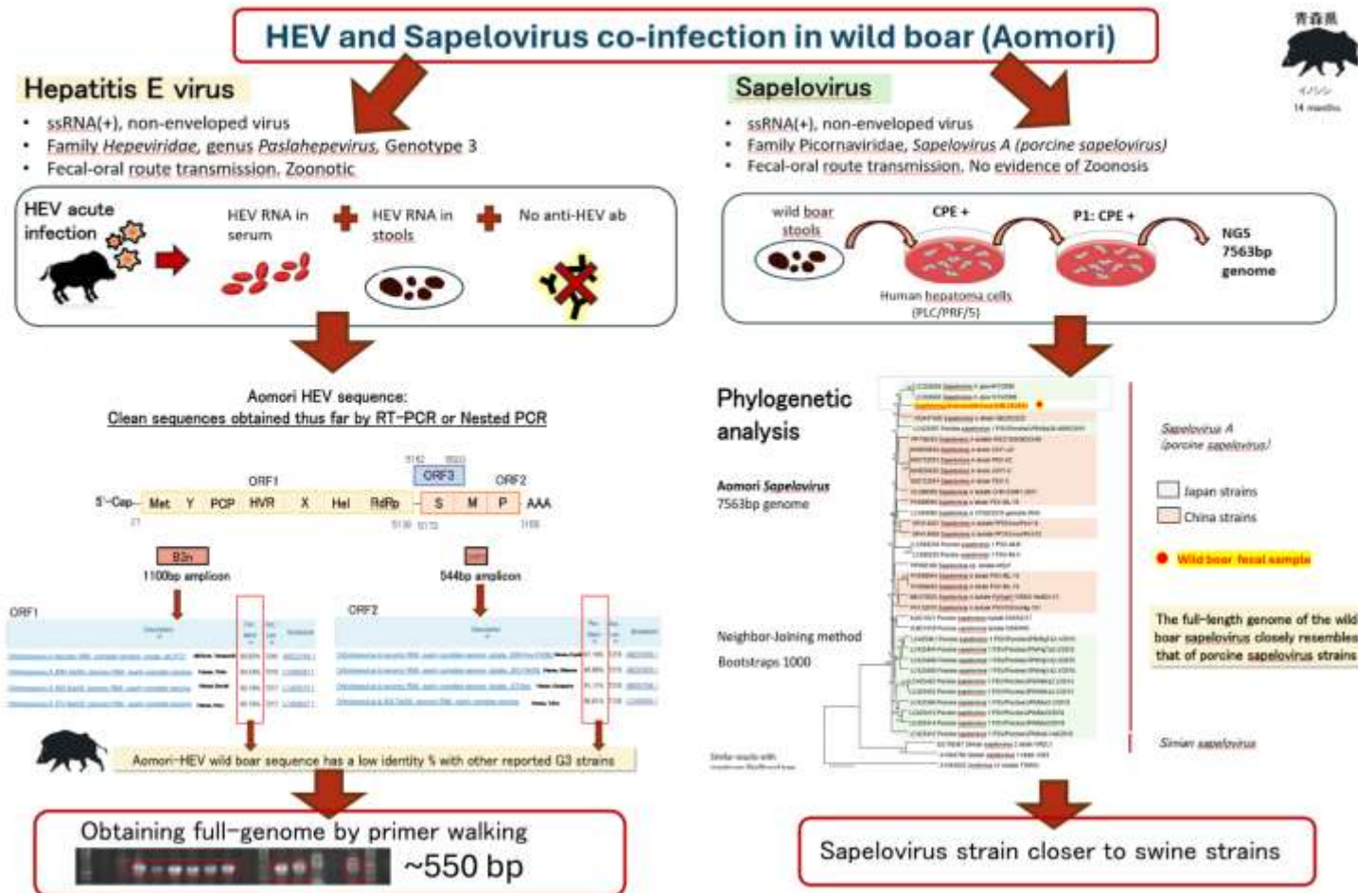


表 1-1-1

全国 シカ 抗SFTSV抗体検出、遺伝子検出

		抗体検出(ELISA) Cut-off値=0.390			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(%)
北海道	北海道	25	0	0	-	-	-
青森	東北 A	75	1	1	74	0	0
岩手		66	0	0	-	-	-
宮城		135	21	15.6	-	-	-
福島	D	4	0	0	-	-	-
栃木	関東 A	81	0	0	-	-	-
群馬		189	0	0	114	0	0
千葉		107	24	22.4	83	0	0
神奈川	D	37	2	5	-	-	-
山梨	中部 A	171	15	8.8	-	-	-
長野		200	4	2.0	-	-	-
岐阜		568	8	1.4	368	0	0
静岡	D	138	15	10.9	-	-	-
三重	近畿 A	104	13	12.5	-	-	-
滋賀		141	17	12.1	-	-	-
京都		96	18	19	-	-	-
兵庫	D	155	40	25.8	-	-	-
和歌山	E	1021	430	42.1	530	0	0
鳥取	中国 A	42	6	14	-	-	-
島根		75	47	63	-	-	-
広島		37	24	65	-	-	-
山口	D	892	488	54.7	284	1	0.4
香川	四国 A	105	7	6.7	105	0	0
愛媛		73	18	25	43	0	0
高知		36	8	22	-	-	-
大分	九州 A	36	3	8	-	-	-
宮崎		30	22	73	-	-	-
長崎		156	7	4.5	-	-	-
鹿児島	D	64	11	17	-	-	-
計	計	4859	1249	25.7	1601	1	0.1

表 1-1-2

全国 イノシシ 抗SFTSV抗体検出、遺伝子検出

		抗体検出(ELISA) Cut-off値=0.160			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	0	0		46	0	0
関東A	170	2	1.2		-	-	-
B	46	0	0		46	0	0
C	75	5	7		75	0	0
中部C	144	4	2.8		68	0	0
E	250	24	9.6		167	0	0
近畿C	2	0	0		-	-	-
E	1202	720	59.9		815	1	0.1
中国D	787	313	39.8		142	0	0
四国A	177	75	42.4		177	1	0.6
B	311	111	35.7		115	1	0.9
九州A	46	14	30		46	0	0
C	47	3	6		-	-	-
D	5	3	60		-	-	-
E	182	130	71.4		-	-	-
F	97	5	5		-	-	-
計	3587	1409	39.3		1697	3	0.2

表 1-1-3 Oz ウイルスの全国における疫学調査

都道府県	陽性数/検査数 (陽性率)			
	イノシシ	シカ	ニホンザル	ツキノワグマ
北海道	-	-	-	-
青森	0/5 (0%)	0/17 (0%)	-	-
山形	-	-	0/56 (0%)	-
宮城	-	-	-	-
群馬	0/14 (0%)	18/25 (72.0%)	-	-
千葉	0/11 (0%)	13/24 (54.2%)	-	-
茨城	-	-	-	-
東京	-	-	-	-
埼玉	-	-	-	-
神奈川	-	-	-	-
新潟	-	-	-	-
長野	-	-	-	16/48 (33.3%)
静岡	-	-	-	-
愛知	-	-	2/6 (33.3%)	-
三重	-	6/9 (66.7%)	0/1 (0%)	8/9 (88.9%)
福井	-	-	21/34 (61.8%)	-
岐阜	-	34/60 (56.7%)	-	-
石川	-	-	-	-
富山	9/14 (64.3%)	-	-	-
滋賀	-	4/4 (100%)	7/78 (9.0%)	-
京都	-	7/13 (53.8%)	26/105 (24.8%)	64/66 (97.0%)
奈良	-	-	-	18/21 (85.7%)
和歌山	-	-	2/4 (50.0%)	17/17 (100%)
大阪	-	3/3 (100%)	-	-
兵庫	-	-	-	-
岡山	-	0/1 (0%)	0/2 (0%)	3/3 (100%)
広島	-	-	-	-
鳥取	-	-	-	56/68 (82.4%)
愛媛	15/29 (51.7%)	2/3 (66.7%)	1/3 (33.3%)	-
徳島	-	-	1/17 (5.9%)	-
香川	4/20 (20.0%)	6/10 (60.0%)	-	-
熊本	-	-	-	-
大分	5/26 (19.2%)	-	-	-
福岡	-	4/4 (100%)	-	-
佐賀	-	-	-	-
鹿児島	-	-	-	-
計	33/119 (27.5%)	97/173 (56.1%)	60/306 (19.6%)	182/232 (78.4%)

図 1-1-7

茨城県のイノシシにおける抗SFTSV抗体陽性率
(茨城県衛生研究所との共同研究)

茨城県のイノシシにおける
SFTSV中和抗体陽性率(年度別)

年度	検査数	陽性数	陽性率
2019	119	2	1.7%
2020	187	1	0.5%
2021	191	48	25.1%
2022	192	52	27.1%
2023	168	44	26.2%

地域別
中和抗体陽性率推移

	2019年度	2020年度	2021年度	2022年度	2023年度
県北	0%	0%	5%	21%	14%
県央	15%	0%	5%	7%	15%
県西	0%	0%	20%	0%	22%
鹿行	0%	0%	31%	8%	11%
県南	0%	1%	36.5%	40.9%	46%

※茨城県では2025年にネコ・イヌのSFTSも確認された



図 1-1-8

千葉県のイノシシ・シカにおける
中和試験結果

イノシシ

	陽性数	検査数	陽性率
君津市	10	25	40%
富津市	12	15	80%
大多喜町	2	11	18%
鴨川市	1	2	50%
総計	25	53	47%

シカ

	陽性数	検査数	陽性率
君津市	11	25	44%
富津市	6	15	40%
大多喜町	2	12	17%
鴨川市	0	1	0%
総計	19	53	36%



表 1-2-1 2025 年 1 月～12 月に採取した野生獣糞便からの黄色ブドウ球菌の分離結果

検体	陽性率	都道府県	菌株名
シカ糞便	10/177 (5.6%)	静岡	SA25D54
		山口	SA25D85、SA25D88
		鹿児島	SA25D102
		宮崎	SA25D111、SA25D115、SA25D116、SA25D120
		青森	SA25D139
		大分	SA25D141
イノシシ糞便	3/95 (3.1%)	千葉	SA25B26
		鹿児島	SA25B34、SA25B39

表 1-2-2 2025 年 1 月～12 月に採取した野生獣糞便からの薬剤耐性腸内細菌目細菌の分離結果

検体	陽性率	都道府県	菌株名
カルバペネム耐性腸内細菌目細菌 (CRE)			
シカ糞便	0/177 (0%)		
イノシシ糞便	0/95 (0%)		
セフトキシム耐性腸内細菌目細菌 (ESBL)			
シカ糞便	0/177 (0%)		
イノシシ糞便	11/95 (11.6%)	青森	EC25B28、EC25B50
		鹿児島	EC25B35
		大分	EC25B37、EC25B42、EC25B44、EC25B51、EC25B52
		千葉	EC25B53
		山形	EC25B75、EC25B92

表 1-2-3 2025 年 1 月～12 月に分離された CTX 耐性菌 9 株が保有する薬剤耐性遺伝子の一覧

菌株	ST(大腸菌)	βラクタム系薬剤 耐性遺伝子	その他の耐性遺伝子
イノシシ糞便由来			
EC25B28	224	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	aadA5, aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, sul2, tet(A), dfrA17
EC25B35	5044	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, qnrS4, sul2, tet(A)
EC25B37	224	<i>bla</i> _{CTX-M-15}	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, aadA1, aadA2, cmlA1, floR, sul2, sul3, tet(A), dfrA1, dfrA12
EC25B42	224	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	aadA5, aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, sul2, tet(A), dfrA17
EC25B44	224	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	aadA5, aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, sul2, tet(A), dfrA17
EC25B50	202	<i>bla</i> _{CTX-M-55} , <i>bla</i> _{TEM-1B}	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, qnrS1, sul2, tet(A), dfrA14
EC25B51	New	<i>bla</i> _{CTX-M-15} , <i>bla</i> _{TEM-176}	aph(3'')-1a, floR, qnrS1, tet(A), dfrA14
EC25B52	361	<i>bla</i> _{CTX-M-15} , <i>bla</i> _{TEM-1B}	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, floR, qnrS2, qnrS1, sul2, tet(A), dfrA12
EC25B53	New	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	aph(6)-1d, aph(3'')-1b, qnrS1, sul2, tet(A), dfrA14

図 1-2-1 2025 年 1 月～12 月に分離された黄色ブドウ球菌 10 株の MLST 解析

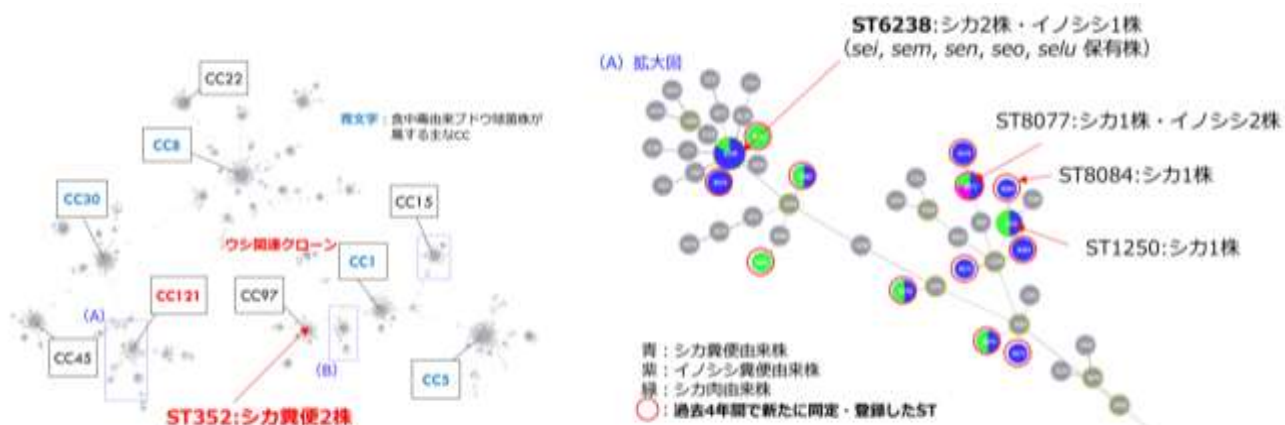


図 1-2-2 非結核性抗酸菌の分離と NGS を用いた菌種同定



表 1-3-1 イノシシの寄生虫の検査結果一覧

	心臓	解剖	病理				消化
	収集数	有鉤囊虫	有鉤囊虫	旋毛虫	トキソ プラズマ	住肉胞子虫	旋毛虫
宮崎県	41	0	0	0	0	9	
福岡県	50	0	0	0	0	12	
愛媛県	20	0	0	0	0	2	
和歌山	57	0	0	0	0	15	
千葉県	56	0	0	0	0	2	
新潟県	31	0	0	0	0	7	0
山形県	8	0	0	0	0	1	0
	263	0	0	0	0	48	0

表 1-3-2 アナグマの筋肉ごとのシスト密度（3頭の平均）

	咬筋	舌	心臓	横隔	肩	大腿
陽性数	1	3	0	3	3	2
シスト数 /cm ²	3.93	4.46		7.72	11.82	10.29

表 2-1. 供試野生カモおよび水試料 内訳

a) 捕獲・採取地別 内訳

地域	捕獲・採取地点		検体	
	地点数	地点名	カモ	水
北海道	14	A	2	1
		B	1	1
		C	2	1
		D	1	1
		E	2	1
		F	1	1
		G	1	1
		H	1	1
		I	5	1
		J	2	1
		K	1	1
		L	5	1
		M	1	2
		N	1	1
長野	2	O	3	1
		P	6	1
岐阜	3	Q	21	7
		R	5	5
		S	12	3
福岡	5	T	3	1
		U	2	1
		V	2	1
		W	2	1
		X	3	1
計	24		85	37

b) カモ種別 内訳

カモ種	個体数
マガモ	40
コガモ	10
カルガモ	15
キンクロハジロ	4
ハシビロガモ	2
ヨシガモ	1
オナガガモ	4
未同定	9
計	85

表 2-2. 地域ごとにみた野生カモのカンピロバクター検出状況

地域	捕獲地点数	カモ種	調査数	陽性数	陽性率(%)	菌種
北海道	14	マガモ	6	3	50.0	<i>C. jejuni</i>
		コガモ	5	2	40.0	<i>C. jejuni</i>
		カルガモ	4	3	75.0	<i>C. jejuni</i>
		キンクロハジロ	4	1	25.0	<i>C. jejuni</i>
		ハシビロガモ	2	0	0.0	－
		ヨシガモ	1	0	0.0	－
		オナガガモ	4	1	25.0	<i>C. jejuni</i>
		小計	26	10	38.5	
長野	2	未同定	9	3	33.3	<i>C. jejuni</i>
		小計	9	3	33.3	
岐阜	3	マガモ	32	12	37.5	<i>C. jejuni</i>
		カルガモ	6	4	66.7	<i>C. jejuni</i> , <i>C. coli</i> *
		小計	38	16	42.1	
福岡	5	マガモ	2	0	0	－
		カルガモ	5	0	0	－
		コガモ	5	1	20	<i>C. jejuni</i>
		小計	12	1	8.3	<i>C. jejuni</i>
合計	24		85	30	35.3	

表 2-3. 地域ごとにみた環境水のカンピロバクター検出状況

地域	採水地点数	調査数	陽性数	陽性率(%)	菌種
北海道	14	15	6	40	<i>C. jejuni</i>
長野	2	2	0	0	—
岐阜	3	15	5	33.3	<i>C. jejuni</i>
福岡	5	5	2	40	<i>C. jejuni, C. coli</i> *
合計		37	13	35.1	

*：福岡県のカンピロバクター陽性 2 検体中 1 検体が *C. coli*

表 2-4. カモと環境水の同一地点におけるカンピロバクター検出状況

調査地域			検体		カンピロバクター陽性 (陽性数)		菌種
都道府県	市町村	地点	カ モ	環 境 水	カ モ	環 境 水	
北海道	猿払村	A	2	1	0	1	<i>C. jejuni</i>
北海道	浜頓別町	B	1	1	0	0	—
北海道	浜頓別町	C	2	1	1	0	<i>C. jejuni</i>
北海道	浜頓別町	D	1	1	0	0	—
北海道	標茶町	E	2	1	0	0	—
北海道	標茶町	F	1	1	0	0	—
北海道	標茶町	G	1	1	0	0	—
北海道	標茶町	H	1	1	0	1	<i>C. jejuni</i>
北海道	標茶町	I	5	1	3	1	<i>C. jejuni</i>
北海道	北斗市	J	2	1	1	1	<i>C. jejuni</i>
北海道	七飯町	K	1	1	0	0	—
北海道	七飯町と大 野町の境	L	5	1	4	1	<i>C. jejuni</i>
北海道	七飯町	M	1	2	1	0	<i>C. jejuni</i>
北海道	標茶町	N	1	1	0	1	<i>C. jejuni</i>
長野	不明	O	3	1	2	0	<i>C. jejuni</i>
長野	不明	P	6	1	1	0	<i>C. jejuni</i>
岐阜	各務原市	Q	21	7	14	2	<i>C. jejuni</i> , <i>C. coli</i> *
岐阜	関市	R	5	5	0	3	<i>C. jejuni</i>
岐阜	岐阜市	S	12	3	2	0	<i>C. jejuni</i>
福岡	糸島市	T	3	1	0	0	—
福岡	糸島市	U	2	1	0	1	<i>C. jejuni</i>
福岡	糸島市	V	2	1	0	0	—
福岡	糸島市	W	2	1	1	0	<i>C. jejuni</i>
福岡	糸島市	X	3	1	0	1	<i>C. coli</i>
計		24	85	37	30	13	

* : 岐阜県の Q 地点におけるカモのカンピロバクター陽性 14 検体中 1 検体が *C. coli*

表 2-5. 解体に用いた器具・手袋の拭き取り調査によるカンピロバクター検出状況

	拭き取り				解体個体	
	包丁	まな板	シンク	手袋	盲腸	可食部
解体個体①	-	-	-	-	-	-
解体個体②	-	-	-	-	-	-
解体個体③	-	-	-	-	+	-

+: カンピロバクター陽性

-: カンピロバクター陰性

*: 盲腸内菌数 4.5×10^5 CFU/g

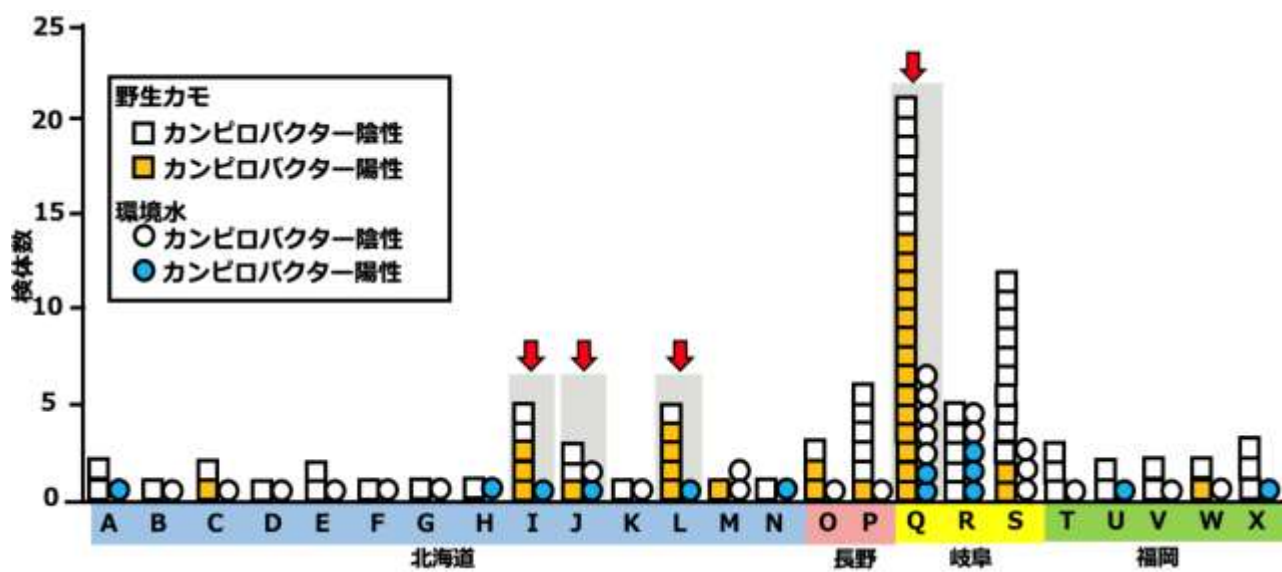


図 2-1. カモと環境水の同一地点におけるカンピロバクター検出

野生カモおよび環境水からのカンピロバクター検出結果を地点別に示した。矢印はカモおよび環境水の両方からカンピロバクターが検出された地点を示す。

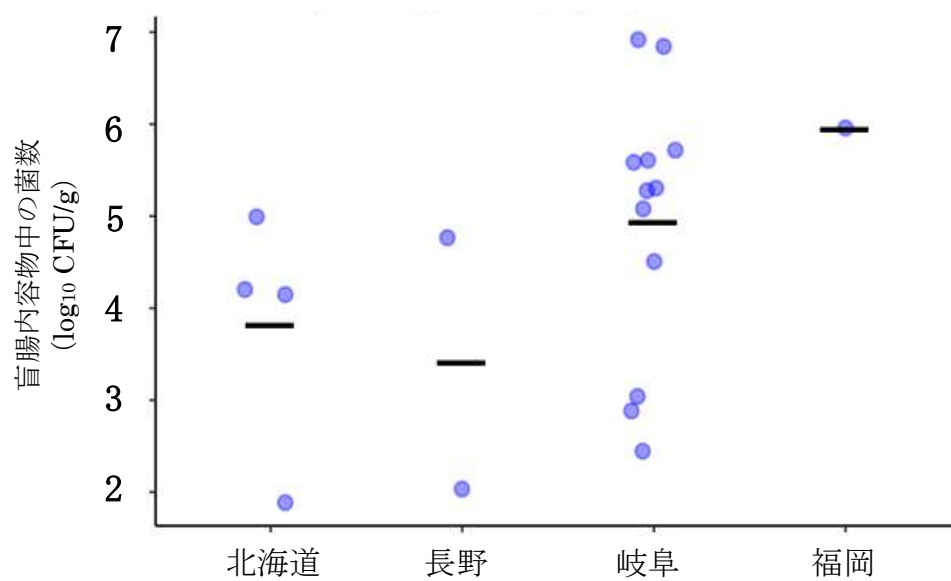


図 2-2. 野生カモの盲腸内容物中のカンピロバクター菌

盲腸内容物の平板塗抹法によって算出した。盲腸内容物 1g あたりの生菌数を、1 個体につき 1 ドットで示した。



I 地点



N 地点

図 2-3. 北海道 I 地点および N 地点の捕獲地周辺環境

I 地点および N 地点における捕獲地点周辺の環境を示した。黄色の円は採水ポイント、矢印は牧場排水の流入が推定される方向を示す。



Q 地点



R 地点



S 地点

図 2-4. 岐阜 Q 地点、R 地点および S 地点の捕獲地周辺環境

Q 地点、R 地点および S 地点における捕獲地点周辺の環境を示した。黄色の円は採水ポイントを示す。



T 地点



U 地点



V 地点



W 地点



X 地点

図 2-5.福岡 T 地点、U 地点、V 地点、W 地点および X 地点の捕獲地周辺環境

T 地点、U 地点、V 地点、W 地点および X 地点における捕獲地点周辺の環境を示した。黄色の円は採水ポイントを示す。矢印は排水の流入が推定される方向を示す。

表 3-1 本研究で対象とした野生鳥獣処理施設の解体工程作業別の施設数と検体数

項目		鹿		猪	
		検体数	施設数	検体数	施設数
屋内外施設	屋内	244	32	108	21
	屋外	36	2	9	2
工程順	剥皮→内臓摘出	113	19	50	10
	内臓摘出(屋内)→剥皮	123	14	58	11
	内臓摘出(屋外)→剥皮	8	1	na	na
剥皮方法	チェーンソー	63	11	7	2
	手剥ぎ	181	24	101	19
	産剥ぎ	na	na	26	5
剥皮施設	焚火	201	29	54	11
	いせ台	43	9	54	11
	結架+ビニル	46	11	na	na
食道給水	結架のみ	156	18	na	na
	焚火のみ	42	6	na	na
	結架+ビニル	225	27	na	na
肛門結架	結架のみ	2	1	na	na
	焚火のみ	16	3	na	na

na:該当無し

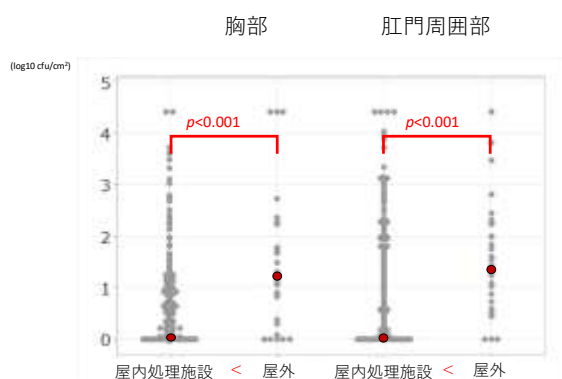


図 3-1A 屋内屋外別施設別比較 (鹿、一般細菌数)

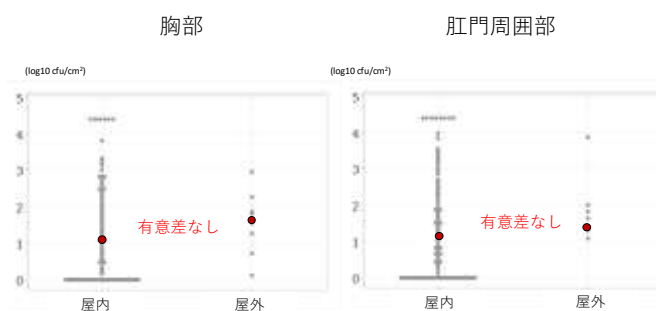


図 3-1B 屋内屋外別施設別比較 (猪、一般細菌数)

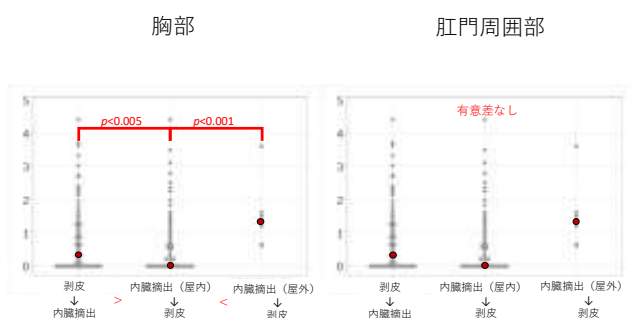


図 3-2A 工程順別比較 (鹿、一般細菌数)

4

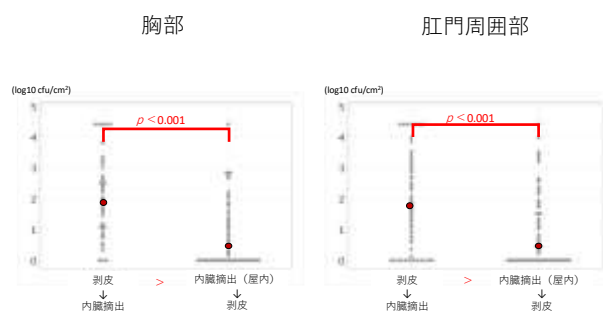


図 3-2B 工程順別比較 (猪、一般細菌数)

5

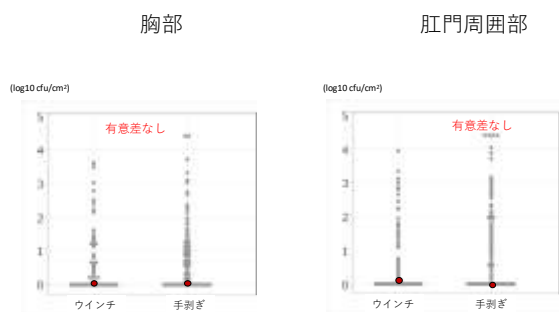


図 3-3A 剥皮方法別比較 (鹿、一般細菌数)

6



図 3-3B 剥皮方法別比較 (猪、一般細菌数)

7

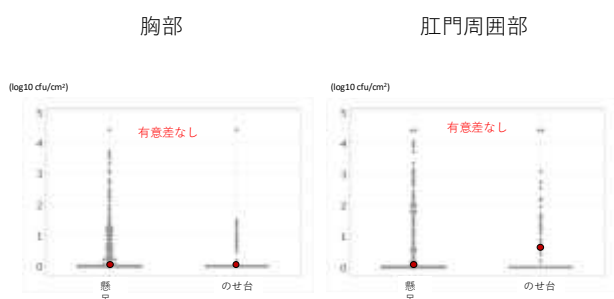


図 3-4A 剥皮施設別比較 (鹿、一般細菌数)

8

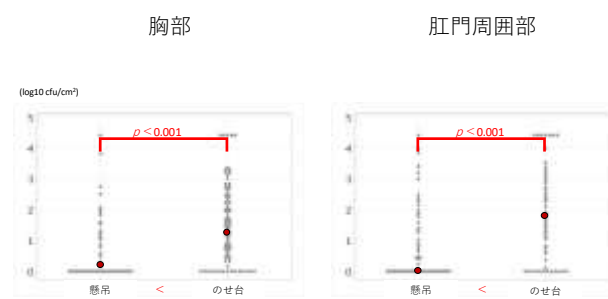


図 3-4B 剥皮施設別比較 (猪、一般細菌数)

9

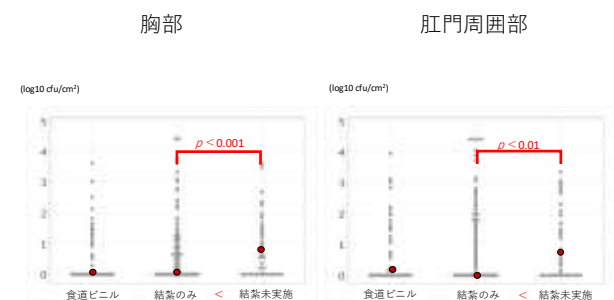


図 3-5A 食道結紮別比較 (鹿、一般細菌数)

10

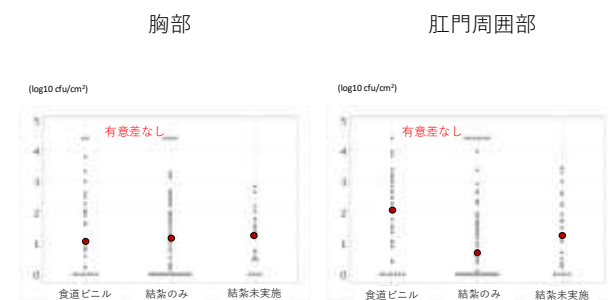


図 3-5B 食道結紮別比較 (猪、一般細菌数)

11

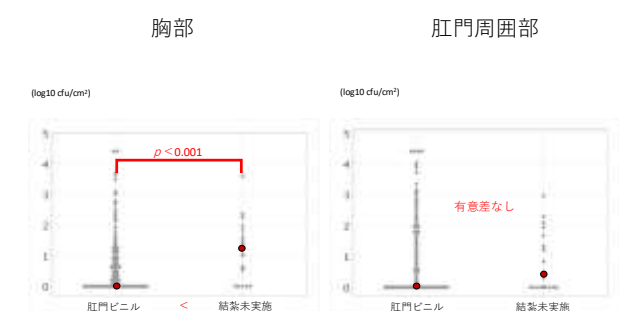


図 3-6A 肛門結紮別比較（鹿、一般細菌数）

12

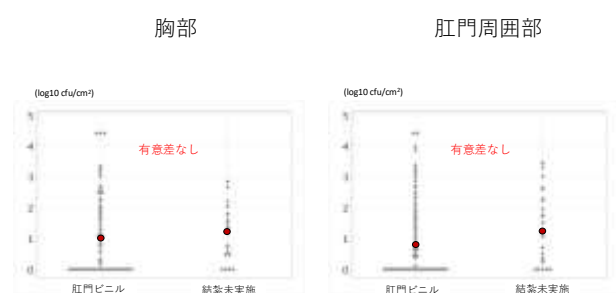


図 3-6B 肛門結紮別比較（猪、一般細菌数）

13

表 3-2 枝肉の細菌汚染に影響する項目

検討項目	高度な汚染	低度な汚染	動物種
屋内外	屋外	屋内	鹿
工程順	内臓摘出（屋外）→剥皮 剥皮→内臓摘出	内臓摘出（屋内）→剥皮	鹿・猪
剥皮方法	湯剥ぎ	手剥ぎ	猪
剥皮施設	のせ台	懸吊	猪
食道結紮	未実施	結紮のみ	鹿
肛門結紮	未実施	ビニル	鹿（胸部）

表 3-3 熟成前後の外皮における衛生指標細菌数の推移

と体	一般細菌				大腸菌群				大腸菌			
	胸部		肛門周囲部		胸部		肛門周囲部		胸部		肛門周囲部	
	熟成前	熟成後	熟成前	熟成後	熟成前	熟成後	熟成前	熟成後	熟成前	熟成後	熟成前	熟成後
鹿1	0.9	105	0.4	570	0	0	0	0.1	0	0	0	0
鹿2	9.5	5317.5	2.5	521.5	0	0	0	0	0	0	0	0
鹿3	3.4	47	2.3	2295	0	0	0	0.5	0	0	0	0
鹿4	0.7	108.5	0.6	157.3	0	0	0	5	0	0	0	0
猪1	1.9	1.5	3.3	1.3	0	6.3	0	0	0	0	0	0

単位：CFU/cm²

表 3-4 一連の処理工程における作業者手指の衛生指標細菌数の推移

処理	一般細菌				大腸菌群				大腸菌			
	表皮洗浄		内臓摘出		表皮洗浄		内臓摘出		表皮洗浄		内臓摘出	
	前	後	前	後	前	後	前	後	前	後	前	後
1回目 (鹿1, 猪1)	270	1,920	4,340	3,330	0	0	10	550	0	0	0	200
2回目 (鹿2~4)	1,030	74,500	55,500	25,750	0	110	40	160	0	0	10	160

単位：CFU/ 手指（左手）

表 3-5 剥皮前後における作業者手指の衛生指標細菌数の推移

と体	一般細菌		大腸菌群		大腸菌	
	剥皮前	剥皮後	剥皮前	剥皮後	剥皮前	剥皮後
鹿1	480	0	0	0	0	0
鹿2	10	126,330	0	830	0	0
鹿3	10	12,020	0	1,000	0	0
鹿4	0	810	0	0	0	0
猪1	480	11,530	0	20	0	10

単位：CFU/ 手指（左手）

表 3-6 内臓摘出前後におけるナイフの衛生指標細菌数の推移

	一般細菌		大腸菌群		大腸菌	
	内臓摘出		内臓摘出		内臓摘出	
	前	後	前	後	前	後
1回目 (鹿1、猪1)	10	6,030	0	190	0	40
2回目 (鹿2～4)	250	6,880	0	450	0	450

単位：CFU/ ナイフ

表 3-7 剥皮前後におけるナイフの衛生指標細菌数の推移

と体	一般細菌		大腸菌群		大腸菌	
	剥皮前	剥皮後	剥皮前	剥皮後	剥皮前	剥皮後
鹿1	3,200	0	0	0	0	0
鹿2	0	28520	0	150	0	0
鹿3	0	1050	0	0	0	0
鹿4	10	130	0	0	0	0
猪1	240	230	0	0	0	0

単位：CFU/ ナイフ

表 3-8 熟成前後における枝肉の衛生指標細菌数の推移

部位	と体	一般細菌		大腸菌群		大腸菌	
		体腔内		体表		体腔内	
		熟成前	熟成後	熟成前	熟成後	熟成前	熟成後
胸部	鹿1	0.2	2.5	0.8	0	0	0
	鹿2	0	144.0	401.8	0	0	0.1
	鹿3	335.0	15.0	3.3	10.5	0	10.0
	鹿4	0	5.3	4	0	0	0
	猪1	1.3	15.0	0	0	0.2	0.1
肛門周囲部	鹿1	0.2	0	0	0	0	0
	鹿2	2.6	7.0	9.3	0	0	0
	鹿3	24.5	29.1	29.0	0.3	0.7	0.2
	鹿4	0.3	1105.0	0	0	0	0
	猪1	0.5	4.6	7.3	0	0	0

表 3-9 熟成庫内環境中の指標細菌数の推移

指標細菌	採取時期	施設A		
		壁 (CFU/cm ²)	床 (CFU/cm ²)	空気 (CFU/1000L)
一般細菌	熟成前	0	9,850.0	11.0
	熟成後	0	142.5	1.0
大腸菌群	熟成前	0	0	n.t.
	熟成後	0	0	n.t.
大腸菌	熟成前	0	0	n.t.
	熟成後	0	0	n.t.

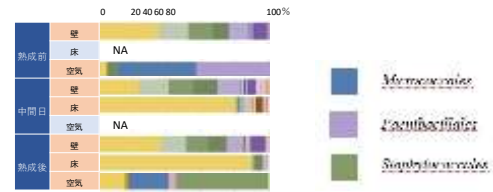
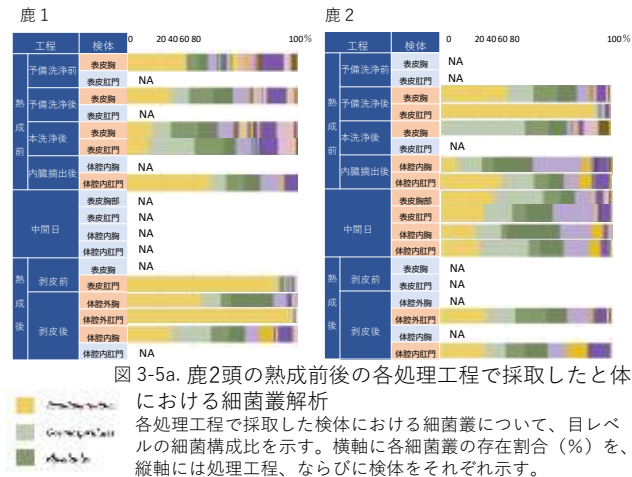


図 3-5b. 鹿の熟成前後で採取した熟成庫内環境における細菌叢解析

鹿の熟成前後で採取した検体における細菌叢について、目レベルの細菌構成比を示す。横軸に各細菌叢の存在割合（％）を、縦軸には処理工程、ならびに検体をそれぞれ示す。

表 3-10 施設Aで実施した鹿1の各解体処理工程で採取したと体、環境検体から検出された主な病原細菌属、腐敗細菌属

工程	検体	<i>Pseudomonas</i>	<i>Bacillus</i>	<i>Escherichia/Shigella</i>	<i>Staphylococcus</i>	<i>Listeria</i>	<i>Salmonella</i>	<i>Yersinia</i>
熟成前	予備洗浄前	28.0	0.3	nd	0.07	nd	nd	0.03
	と体表皮	24.8	nd	0.2	nd	nd	nd	nd
	予備洗浄後	12.8~14.7	nd	0.2	nd	nd	nd	nd
	83℃ 高圧洗浄後							
	と体腔内	48.9	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	壁	34.7	nd	nd	nd	nd	nd	nd
熟成庫内環境	床							
	空気	nd	nd	nd	3.1	nd	nd	nd
	と体表皮							
	と体腔内							
中間日	壁	23.5	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	床	29.1	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	空気							
	と体表皮	87.5	nd	0.3	nd	nd	nd	nd
熟成後	と体腔内	26.0	nd	0.03	nd	nd	nd	nd
	剥皮後枝肉	44.3~97.3	nd	0.7	nd	nd	nd	nd
	壁	35.8	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	床	5.3	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	空気	2.6	0.3	nd	54.4	nd	nd	nd
	と体表皮							

表 3-11 施設Aで実施した鹿2の各解体処理工程で採取したと体、環境検体から検出された主な病原細菌属、腐敗細菌属

工程	検体	<i>Pseudomonas</i>	<i>Bacillus</i>	<i>Escherichia/Shigella</i>	<i>Staphylococcus</i>	<i>Listeria</i>	<i>Salmonella</i>	<i>Yersinia</i>
熟成前	予備洗浄前	10.5~28.5	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	と体表皮	0.5	nd	5.9	nd	nd	nd	nd
	予備洗浄後							
	83℃ 高圧洗浄後							
	と体腔内	8.9~35.7	nd	1.0~1.9	nd	nd	nd	nd
	壁	34.7	nd	nd	nd	nd	nd	nd
熟成庫内環境	床							
	空気	nd	nd	nd	3.1	nd	nd	nd
	と体表皮	24.9~30.6	0.2	1.2	nd	nd	nd	nd
	と体腔内	20.0~22.4	nd	0.5~0.7	nd	nd	nd	nd
中間日	壁	23.5	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	床	29.1	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	空気							
	と体表皮							
熟成後	と体腔内	25.3	nd	0.5	nd	nd	nd	nd
	剥皮後枝肉	26.4	nd	1.1	nd	nd	nd	nd
	壁	35.8	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	床	5.3	nd	nd	nd	nd	nd	nd
	空気	2.6	0.3	nd	54.4	nd	nd	nd
	と体表皮							