

令和2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安全性確保とリスク管理のための研究」
分担研究報告書

野生鳥獣が保有する病原体の汚染状況に関する研究

分担研究者 前田 健 （国立感染症研究所獣医科学部）
研究協力者 立本完吾 （山口大学共同獣医学部獣医微生物学教室）
Milagros Virhuez Mendoza （山口大学共同獣医学部獣医微生物学教室）

研究要旨 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。これまでに15県のイノシシ2363頭と13道県のシカ1822頭を調査した。その結果、イノシシにおいては360頭（15.2%）が抗体陽性であった。一方、シカにおいては1頭（0.1%）が陽性であった。遺伝子検出に関しては、イノシシ1471頭中25頭（1.7%）、シカ1380頭中1頭（0.1%）が陽性であった。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30kg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30kg以下の個体が有意に高かった。このことは、30kg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、子猪がHEVを保有しているリスクが高いことが示された。また、培養細胞に馴化した増殖性の速いHEVの作出にも成功した。マダニ媒介性感染症で致死率が極めて高い重症熱性血小板減少症候群（SFTS）ウイルスのイノシシとシカにおける感染リスクを調査した結果、15府県のイノシシ2110頭中12県の626頭（29.7%）、28道府県のシカ3443頭中23府県の864頭（25.1%）から抗SFTSウイルス抗体が検出された。狩猟者はHEVのみならずSFTSVに関しても注意が必要である。

A. 研究目的

リスク評価及びリスク管理に活用可能な国内のシカ、イノシシ等の野生鳥獣が保有するヒトへの病原体（ウイルスを中心として）の汚染状況データを継続して蓄積する。国内の野生獣由来感染症を把握することにより感染リスク分析が可能となり、野生獣肉の消費者のみならず、狩猟・捕獲・解体に携わる人々への対策および提言へと結びつく。

B. 研究方法

1) 血清試料

日本各地より狩猟および有害鳥獣として捕獲された野生獣から血清を回収した。

2) 抗HEV抗体の検出

2015年に作成したマニュアルに従った。

3) 血清からのHEV遺伝子検出

2015年に作成したマニュアルに従った。

4) HEVの細胞馴化

国立感染症研究所ウイルス第2部の李先生より分与していただいた遺伝子型3のG3-HEV83-2-27

株をヒト肝がん由来培養細胞 Alexander 細胞（PLC/PRF/5細胞）で増殖させ、実験に用いた。我々の使用ウイルスは分離から13代目のP13である。それをAlexander細胞へ感染させ、2%FCS加培地を1週間に2回培地の半分を交換しながら感染細胞を維持した。1週間に一回、培養上清からRNAを抽出し、RT-PCRを25サイクルで実施し、電気泳動にてウイルス特異バンドを検出し、2週続けて陽性になった場合、ウイルス液を回収した。2年半かけて、合計20代の継代に成功し、P34ウイルスとした。

5) 血清から抗SFTSウイルス抗体の検出

2018年に作成したマニュアルに従った。

6) 血清からのSFTSV遺伝子検出

2015年に作成したマニュアルに従った。

C. 研究結果

1) イノシシにおける抗HEV抗体保有率（表1）

我々の研究室では、これまでイノシシ及びシカのHEV感染状況を継続的に調査してきた。日本全国15県のイノシシ2363頭中360頭が抗HEV抗体

陽性となり陽性率は 15.2%であった。2020 年度は 1 県検査地域が増えた。イノシシにおいては、2 県を除いてすべての都道府県で陽性の個体が見つかった。陰性の沖縄では小さな島から回収したイノシシであるため特殊な環境のイノシシと考えていい。また、青森での検査数は 4 頭と少なかったことが原因であると考えている。本年度の興味深い結果として、これまで和歌山県ですべての検査が陰性であったのに対して、本年度陽性の個体が見つけた。多くの県が 20%前後の抗体陽性率であるのに対して、関東地方の千葉と群馬のイノシシは 49%、42%と抗体陽性率が高かった（表 1）。

2) イノシシにおける抗 HEV 抗体保有率(表 2)

HEV に対する抗体保有率を性別で比較した結果、雄 15.2%、雌 19.3%の陽性率で雌雄差は認められなかった。一方、体重別で比較した結果、30 kg 以下の個体では陽性率が 5.8%であったのに対して 30 kg 以上 50kg 以下の個体では 19.0%、50kg より大きな個体では 24.1%であった。体重 30 kg 前後のイノシシが HEV に感染し、抗体が陽転していた。

3) イノシシにおける HEV 遺伝子検出(表 1)

イノシシの血清から HEV 遺伝子の検出を試みた結果、1471 頭中 25 頭の 1.7%から HEV 遺伝子が検出された。特に、抗体陽性率が高い千葉県と群馬県、中程度の抗体保有率であった兵庫県、山口県、香川県、大分県で遺伝子が検出された。それ以外の抗体保有率が低程度から中程度の岐阜県、富山県、愛媛県からは HEV 遺伝子は検出されなかった。

4) イノシシにおける HEV 遺伝子検出(表 3 と表 5)

性別では雄の方が 2.4%と雌の陽性率の 1.2%より 2 倍ほど陽性率が高かった。また、体重別では 30kg 未満で 3.6%、30-50kg で 1.5%、50kg より大きい個体で 0.4%と体重が増加するにつれて陽性率が減少した。

5) シカにおける抗 HEV 抗体と HEV 遺伝子検出(表 4、表 5)

シカからの抗体検出の結果、全体では 1822 頭中 1 頭(0.1%)抗体のシカが抗体陽性であることが判明した。遺伝子検出もこれまで 1380 頭調べたが 1 頭(0.1%)からしか検出されていない。イノシシの陽性率に比べると依然として低いものの、シカも HEV の感受性動物であることが確認された。実際、E 型肝炎食中毒の原因食品としてシカ肉は多数報告されている。

6) 動物から検出された HEV 遺伝子の系統解析(表 5、図 1)

検出された HEV 遺伝子の塩基配列を決定し、系統樹を作製した。2020 年度は新たな香川県のイノシシから HEV 遺伝子が検出され、遺伝子型 3 型であった。千葉県・山口県ではほぼ毎年同じクラスターを形成するウイルスが検出されていることがわかる。これらは、HEV が野外では維持されていることを示している。また、山口県においては、下関市では遺伝子型 4 が流行しているにもかかわらず、岩国では遺伝子型 3 のウイルスが検出されている。県単位ではなく、地域単位で流行しているウイルスが異なることが判明した。

7) 迅速診断のための HEV の細胞馴化(表 6、図 2、図 3)

HEV に関する研究や診断が進まないのは HEV の増殖が非常に遅いためである。分与していただいたウイルスは Alexander 細胞で 13 代継代したものであったが、感染後 28 日目ようやく 25 サイクルの PCR でバンドが検出された。Real-time PCR でも感染後 21 日目に検出されるのみであった(図 2)。最初の頃は 6 週間に 1 回の継代などを繰り返した。2 年半で 20 回の継代に成功した。その過程で、P13 から P17 のウイルスは 25 サイクルの RT-PCR で検出されるのは、感染後 28 日であったが、P18-P30 は感染後 21 日、P31-34 は感染後 14 日目に検出されるようになった。理想は感染後 7 日目に検出されるウイルスの作製を目指したが、これ以上は難しいと判断し、20 代継代を加えた P34 で解析を進めることとした。P34 と P15 の Alexander 細胞での増殖性を定量 RT-PCR で比較した結果、P34 では 7 日目より 104 コピー/mL のウイルスが検出された。一方、P15 では 14 日目までウイルスは検出されなかった(図 2)。馴化によるウイルスへの影響を比較した結果、カプシド蛋白の P ドメインに集中的に変異が観察された。この領域が培養細胞での増殖に重要である可能性が示唆された(図 3)。

8) シカ・イノシシにおける抗 SFTSV 抗体保有率の再評価(表 6、表 7)

これまでイノシシ及びシカの SFTSV 感染状況を継続的に ELISA により調査してきた。この ELISA に関しては Cut-off 値を暫定的に OD 0.5 と設定してきた。しかし、ウイルス中和試験と ELISA との比較により、ELISA 試験にはかなり非特異反応が認められることが確認された。より詳細な解析により、シカで OD 0.390、イノシシで OD 0.160 を Cut-off 値と設定することが最適であることが示された。これにより、これまでのすべての検査結

果を評価しなおした。ウイルス中和試験により、より正確な検査結果が出た山口県のシカとイノシシでの抗体陽性率を比較した。その結果、流行地と考えられていた山口県でも徐々に陽性率が上昇していることが認められた。そして、山口県の2015年以降の陽性率は80%となり、ほぼすべてのシカが感染していることが明らかとなった。イノシシもシカに比べれば陽性率は低い、シカと同様に陽性率の上昇が観察された。山口県で2012年に国内初のSFTS患者が報告されたが、陽性率が上昇し始めた時期と一致しており、SFTSのヒトでの発生は、野生動物で流行し始める時期と一致していることが明らかとなり、野生動物での調査がヒトへのリスクを知る上で極めて重要であることが明らかとなった。

9) シカにおける抗 SFTSV 抗体保有率 (表 7、表 8、表 9)

我々の研究室では、これまで28道府県でシカ3443頭の抗SFTSV抗体保有率の調査を行ってきた。ELISAでの調査では、23府県のシカ864頭に陽性が認められ、全体では25.1%のシカに陽性が認められた。一方、北海道、岩手、福島、栃木、群馬で陽性は確認されなかった。宮崎、山口、広島、島根、和歌山県では50%以上のシカに陽性が認められた。また、千葉、兵庫、愛媛、高知では20%以上の陽性個体が見つけられた。これらの結果から、西日本で陽性率が高いこと、東日本にも陽性率が高い地域が存在することが明らかとなった(表7)。

陽性率において、雌雄差(雄26.7%、雌23.3%)は認められなかったものの、体重が重い30kg以上の個体で高い陽性率(25.3%)が認められている(表8)。

関東で陽性率が高い千葉県での推移を比較した結果、2016年以降約20%、2018年以降30%以上の陽性率となり、シカでの感染率が上昇していることが明らかとなっている(表9)。

10) シカにおける SFTSV 遺伝子検出 (表 7)

これまで6県470頭のシカからSFTSVの遺伝子検出を試みたが、陽性個体は認められていない(表7)。

11) イノシシにおける抗 SFTSV 抗体保有率 (表 10、表 11)

15府県のイノシシ2110頭の血清から抗SFTSV抗体の検出を試みた結果、12県の626頭(29.7%)から抗SFTSV抗体陽性が認められた。10頭以上の検査が実施された県では、熊本県で71.4%、山口、和歌山、香川、大分、愛媛で20%以上の陽性率と

なっている。一方、栃木、千葉、岐阜、富山では低い陽性率となっている(表10)。イノシシにおける性別(雄31.3%、雌31.25%)、体重別(30kg未満31.1%、30-50kg30.4%、50kgより大きい個体32.5%)で有意な差は認められなかった(表11)。

12) イノシシにおける SFTSV 遺伝子検出 (表 10)

これまで9県615頭からSFTSV遺伝子の検出を試みた。その結果、香川県と愛媛県のイノシシからSFTSV遺伝子が検出された。全体の陽性率は0.3%と非常に低く、愛媛県や香川県でも1%であり、イノシシでの陽性率は低い。

D. 考察

1) HEV のリスクについて

- HEVの自然宿主はイノシシである。
- イノシシの1.7%が捕獲時にウイルスを保有している。
- 子供のイノシシがウイルスを保有している可能性が高い。
- 地域において長年同じウイルスが保持されている。
- 関東の方がHEVの感染率が高い。

2) SFTSV のリスクについて

- 西日本の多くのイノシシ・シカに感染している。
- 感染率が上昇している地域がある。
- 東日本でも低いながらも野生動物で感染している。
- 陽性率は低いながらも捕獲時に血液中にウイルスを保有しているイノシシがいる。

3) 狩猟者への人獣共通感染症のリスク

- イノシシの60頭に1頭(高い地域では20頭に1頭)が捕獲時・解体時にHEVウイルスを保有している。
- SFTSのリスクは西日本で高い。
- 患者の発生していない関東でもSFTS陽性率が高い地域が存在する。

4) HEV 検査について

HEVは非常に培養細胞での増殖が遅く、適切な実験動物も存在していなかった。そのため、非常に解析が困難であった。我々は、細胞での増殖が速いHEVの作製に成功した。今後の、HEV研究に大きく貢献すると期待される。

E. 結論

1) HEV 遺伝子検出は血清から行なった。血清中にウイルスの遺伝子が存在するという事は、血管の分布する食肉も汚染されていると考えられるので、食中毒の危険を予測する上で血清から遺伝子検出することは非常に有用であると考えられる。

2) イノシシにおいては体重 30 kg前後の子供のころに感染することが示唆された。30 kg以下のウリ坊の解体並びに食用は特に注意する必要がある。なお、全体でも 60 頭に 1 頭は捕獲時にウイルスを保有しているので狩猟者並びに解体者並びに消費者においては注意が必要である。

3) イノシシとシカの両方を総合すると、西日本のほとんどの県で SFTS ウイルスが存在していることが確認された。特に、中国・四国・九州では陽性率が高かった。また、関東地方でも陽性率が上昇している地域が明らかとなった。リスクが高まっていると判断される。

4) SFTSV 遺伝子の検出率は低い。イノシシ 615 頭中 2 頭(0.3%)から遺伝子が検出されているのみである。遺伝子検出率は低いが、血液中にウイルスを保有している動物がいることは、この動物の血液により、解体者などが感染するリスクがあることを周知徹底すべきである。

5) 培養細胞に馴化した HEV の作製に成功した。これまでのウイルスよりも倍以上早く増殖することから、今後の研究に大きく貢献すると期待される。

F. 健康危機情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

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*. 2021 Feb 22. doi: 10.1111/tbed.14042. Epub ahead of print. PMID: 33617130.

Kirino Y, Ishijima K, Miura M, Nomachi T, Mazimpaka E, Sudaryatma PE, Yamanaka A, Maeda K, Sugimoto T, Saito A, Mekata H, Okabayashi T. Seroprevalence of Severe

Fever with Thrombocytopenia Syndrome Virus in Small-Animal Veterinarians and Nurses in the Japanese Prefecture with the Highest Case Load. *Viruses*. 2021 Feb 2;13(2):229. doi: 10.3390/v13020229. PMID: 33540629; PMCID: PMC7912989.

Tsuru M, Suzuki T, Murakami T, Matsui K, Maeda Y, Yoshikawa T, Kurosu T, Shimojima M, Shimada T, Hasegawa H, Maeda K, Morikawa S, Saijo M. Pathological Characteristics of a Patient with Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome (SFTS) Infected with SFTS Virus through a Sick Cat's Bite. *Viruses*. 2021 Jan 29;13(2):204. doi: 10.3390/v13020204. PMID: 33572914; PMCID: PMC7912689.

Morikawa M, Mitarai S, Kojima I, Okajima M, Hatai H, Takano A, Shimoda H, Maeda K, Matsuu A, Yoshida A, Hayashi K, Ozawa M, Masatani T. Detection and molecular characterization of Babesia sp. in wild boar (*Sus scrofa*) from western Japan. *Ticks Tick Borne Dis*. 2021 Feb 27;12(4):101695. doi: 10.1016/j.ttbdis.2021.101695. Epub ahead of print. PMID: 33677233.

Sakai Y, Kuwabara Y, Ishijima K, Kagimoto S, Mura S, Tatemoto K, Kuwata R, Yonemitsu K, Minami S, Kuroda Y, Baba K, Okuda M, Shimoda H, Sakurai M, Morimoto M, Maeda K. Histopathological Characterization of Cases of Spontaneous Fatal Feline Severe Fever with Thrombocytopenia Syndrome, Japan. *Emerg Infect Dis*. 2021 Apr;27(4):1068–1076. doi: 10.3201/eid2704.204148.

Park ES, Fujita O, Kimura M, Hotta A, Imaoka K, Shimojima M, Saijo M, Maeda K, Morikawa S. Diagnostic system for the detection of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus RNA from suspected infected animals. *PLoS One*. 2021 Jan 28;16(1):e0238671. doi: 10.1371/journal.pone.0238671. PMID: 33507990; PMCID: PMC7842937.

Tomino Y, Andoh M, Horiuchi Y, Shin J, Ai R, Nakamura T, Toda M, Yonemitsu K, Takano A, Shimoda H, Maeda K, Kodera Y, Oshima I, Takayama K, Inadome T, Shioya K, Fukazawa M, Ishihara K, Chuma T. Surveillance of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* and *Campylobacter* spp. in wild Japanese deer

(Cervus nippon) and boar (Sus scrofa). J Vet Med Sci. 2020 Sep 24;82(9):1287-1294. doi: 10.1292/jvms.19-0265. Epub 2020 Jul 13. PMID: 32655094; PMCID: PMC7538328.

Masatani T, Hayashi K, Morikawa M, Ozawa M, Kojima I, Okajima M, Takano A, Shimoda H, Maeda K, Matsuu A, Yoshida A. Molecular detection of tick-borne protozoan parasites in sika deer (Cervus nippon) from western regions of Japan. Parasitol Int. 2020 Dec;79:102161. doi: 10.1016/j.parint.2020.102161. Epub 2020 Jun 19. PMID: 32569748.

Ishida-Kuroki K, Takeshita N, Nitta Y, Chuma T, Maeda K, Shimoda H, Takano A, Sekizaki T. 16S rRNA Gene Amplicon Sequence Data from Feces of Five Species of Wild Animals in Japan. Microbiol Resour Announc. 2020 May 28;9(22):e00368-20. doi: 10.1128/MRA.00368-20. PMID: 32467273; PMCID: PMC7256260.

Ishida-Kuroki K, Takeshita N, Nitta Y, Chuma T, Maeda K, Shimoda H, Takano A, Sekizaki T. 16S rRNA Gene Amplicon Sequence Data from Feces of Wild Deer (Cervus nippon) in Japan. Microbiol Resour Announc. 2020 May 28;9(22):e00346-20. doi: 10.1128/MRA.00346-20. PMID: 32467271; PMCID: PMC7256258.

Lin TL, Ou SC, Maeda K, Shimoda H, Chan JP, Tu WC, Hsu WL, Chou CC. The first discovery of severe fever with thrombocytopenia syndrome virus in Taiwan. Emerg Microbes Infect. 2020 Jan 10;9(1):148-151. doi: 10.1080/22221751.2019.1710436. PMID: 31918622; PMCID: PMC6968498.

前田 健「Globalizationと人獣共通感染症」日本臨床 2021. 79 巻 2 号 124-132

前田 健「人獣共通感染症：動物から学ぶ」実験医学(羊土社)2021. 39 (2) 56-64

前田 健「ペットと野生動物における COVID-19」動物用ワクチンニュースレター2020. 12. 24 No. 22 P32-39

石嶋慧多、朴ウンシル、松鶴 彩、早坂大輔、桐野有美、岡林環樹、森川 茂、水谷哲也、松野啓太、前田 健「国内ではこれまで経験のない脅威：SFTS」ヒトと動物の共通感染症研究会ニュースレターNo. 19、2020年8月 p15-17

前田 健「4.7 重症熱性血小板減少症候群 (SFTS)」『犬の内科診療 Part 2』(石田卓夫総監修) 緑書房 2020年7月30日

前田 健「1-6 ブーノーシス(人獣共通感染症)」『衛生動物の事典』pp12-13(朝倉書店、東京) 2020年5月

2. 学会発表

前田 健「SFTSについて考える」第20回人と動物の共通感染症研究会・学術集会令和2年10月24日(金)14:20-14:40(WEB開催)

前田 健「身の回りで何が起きているのか～犬猫、魚から環境まで～(オーバービュー)」第69回日本感染症学会東日本地方学術集会シンポジウム13 身の回りに潜む耐性菌～犬猫、魚から環境まで～令和2年10月22日16:40-18:10(WEB開催)

前田 健「伴侶動物と楽しく暮らしながら乗り越えよう」オンライン日本臨床獣医学フォーラム新興感染症シンポジウム令和2年9月(LIVE配信)

前田 健「SFTSの病態：マダニ以外の感染経路」第94回日本感染症学会学術集会講演会シンポジウム24「重症熱性血小板減少症候群(SFTS)-明らかになった事実、残された疑問-」2020年8月20日(木)10:20-12:00(グランドニッコー東京 台場)

講演会

前田 健「野生動物を介したマダニ媒介感染症の拡大」福岡県”One Health”国際フォーラム 2021. 2021年1月30日(土)18:00から配信開始

前田 健「動物由来感染症について」日本ペストコントロール協会 令和2年度防除技術研修会・感染症対策講習会 2020/12/03-13

H. 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

表1 全国イノシシ HEV 抗体検出、遺伝子検出

	抗体検出 (ELISA) Cut-off 値 0.437			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	4	0	0	4	0	0
千葉	91	45	49	91	5	5
群馬	48	20	42	48	1	2
栃木	220	12	5.5	-	-	-
岐阜	144	8	5.6	140	0	0
富山	168	17	10.1	168	0	0
兵庫	111	23	20.7	77	2	3
和歌山	282	16	5.7	100	0	0
山口	701	151	21.5	586	14	2.4
愛媛	122	25	20.5	115	0	0
香川	96	19	20	96	1	1
大分	92	17	18	46	2	4
鹿児島	5	1	20	-	-	-
熊本	182	6	3.3	-	-	-
沖縄	97	0	0	-	-	-
計	2363	360	15.2	1471	25	1.7

表2 全国イノシシ抗 HEV 抗体検出 (ELISA)

	性別			体重 (kg)				計
	♂	♀	記録なし	<30	30-50	>50	記録なし	
検査頭数	984	938	441	603	709	561	490	2363
陽性頭数	150	181	29	35	135	135	55	360
陽性率 (%)	15.2	19.3	6.6	5.8	19.0	24.1	11.2	15.2

表3 全国イノシシ遺伝子検出 (RT-PCR)

	性別			体重 (kg)				計
	♂	♀	記録なし	<30	30-50	>50	記録なし	
検査頭数	712	693	66	362	522	462	125	1471
陽性頭数	17	8	0	13	8	2	2	25
陽性率 (%)	2.4	1.2	0	3.6	1.5	0.4	1.6	1.7

表 4 全国シカ HEV 抗体検出、遺伝子検出

	抗体検出 (ELISA) Cut-off 値 0.5			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	79	0	0	-	-	-
青森	21	0	0	21	0	0
千葉	108	0	0	108	0	0
群馬	86	0	0	86	0	0
岐阜	294	0	0	294	0	0
長野	47	0	0	-	-	-
山梨	65	0	0	-	-	-
和歌山	106	0	0	-	-	-
山口	875	0	0	771	1	0
愛媛	45	0	0	45	0	0
香川	55	1	1.8	55	0	0
大分	12	0	0	-	-	-
鹿児島	29	0	0	-	-	-
計	1822	1	0.1	1380	1	0.1

表5 これまで検出された HEV 遺伝子

都道府県	年	ID	性別	体重(kg)	ELISA 吸光度
兵庫	2010	Hyogo W10178	♂	32	ND
山口	2010	Shimonoseki 52	♂	60	3.5
山口	2010	Shimonoseki 72	♀	26	3.5
山口	2010	Shimonoseki 74	♂	55	3.5
兵庫	2011	Hyogo W10192	♂	16	ND
山口	2011	Shimonoseki 97	♀	10	3.5
山口	2011	Shimonoseki 99	♀	10	0.03
山口	2012	Shimonoseki 2012-10	♂	41	0.23
山口	2013	Shimonoseki deer 2013-19	♀	40	-0.06
山口	2014	Shimonoseki 2014-174	♀	10	-0.03
山口	2014	Shimonoseki 2014-176	♂	10	0.81
千葉	2015	Chiba 116 (CF-P27001)	♂	50	-0.02
山口	2015	Shimonoseki 2014-265	♂	27.3	0.38
山口	2015	Shimonoseki 2014-267	♂	23	0.03
山口	2015	Shimonoseki 2014-276	♂	16	2.87
山口	2015	Shimonoseki 2015-90	♂	25	2.54
千葉	2016	Chiba 132 (CPK-27-18)	♂	30	3.5
千葉	2016	Chiba 237 (CF-P28004)	♀	35	1.86
群馬	2016	Gunma 202 (28-05)	♀	15	2.46
山口	2017	Shimonoseki 2017-52	♂	40	0.06
千葉	2018	Chiba 479 (CPK-4)	♂	26	0.68
山口	2018	Iwakuni 81	♂	31	0.2
千葉	2019	Chiba 934 (CKP-1-7)	♂	40	2.52
大分	2019	Oita 1206 (大分-40)	♂	N/A	0.23
大分	2019	Oita 1211 (大分-45)	♀	N/A	0.05
香川	2020	Kagawa 2-15	♀	10	0.02

表6 馴化ウイルスの検出の推移

継代数	7 dpi	14 dpi	21 dpi	28 dpi
P13 to P17	-	-	-	+
P18 to P30	-	-	+	N. D.
P31- P34	-	+	+	N. D.

表7 全国シカ 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	25	0	0	-	-	-
青森	22	1	5	21	0	0
岩手	66	0	0	-	-	-
宮城	135	21	15.6	-	-	-
福島	4	0	0	-	-	-
栃木	81	0	0	-	-	-
群馬	159	0	0	78	0	0
千葉	107	24	22.4	73	0	0
神奈川	37	2	5	-	-	-
山梨	171	15	8.8	-	-	-
長野	200	4	2.0	-	-	-
岐阜	401	5	1.2	204	0	0
静岡	138	15	10.9	-	-	-
三重	104	13	12.5	-	-	-
滋賀	141	17	12.1	-	-	-
京都	96	18	19	-	-	-
兵庫	155	40	25.8	-	-	-
和歌山	160	83	51.9	-	-	-
鳥取	42	6	14	-	-	-
島根	75	47	62	-	-	-
広島	37	24	65	-	-	-
山口	793	466	58.8	-	-	-
香川	55	1	2	52	0	0
愛媛	73	18	25	42	0	0
高知	36	8	22	-	-	-
大分	36	3	8	-	-	-
宮崎	30	22	73	-	-	-
鹿児島	64	11	17	-	-	-
計	3443	864	25.1	470	0	0

表 8 全国シカ抗 SFTSV 抗体検出(ELISA)

	性別			体重(kg)			計
	♂	♀	記録なし	<30	≥30	記録なし	
検査頭数	1878	1386	179	392	2763	288	3443
陽性頭数	502	323	39	65	699	100	864
陽性率(%)	26.7	23.3	21.8	16.6	25.3	34.7	25.1

表 9 千葉県における抗 SFTSV 抗体保有率の推移

	2014	2015	2016	2017	2018	2019	合計
検体数	10	14	15	21	19	28	107
陽性数	0	1	3	4	7	9	24
陽性率(%)	0	7	20	19	37	32	22

表 10 全国イノシシ 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(%)
青森	4	0	0	4	0	0
栃木	170	2	1.2	-	-	-
群馬	46	0	0	46	0	0
千葉	75	5	7	75	0	0
岐阜	144	4	2.8	68	0	0
富山	148	13	8.8	65	0	0
京都	2	0	0	-	-	-
和歌山	297	114	38.4	100	0	0
山口	676	267	39.5	-	-	-
香川	96	36	38	96	1	1
愛媛	122	33	27.0	115	1	0.9
大分	46	14	30	46	0	0
鹿児島	5	3	60	-	-	-
熊本	182	130	71.4	-	-	-
沖縄	97	5	10	-	-	-
計	2110	626	29.7	615	2	0.3

表 11 全国イノシシ抗 SFTSV 抗体検出(ELISA)

	性別			体重(kg)				計
	♂	♀	記録なし	<30	30-50	>50	記録なし	
検査頭数	917	937	256	588	677	538	307	2110
陽性頭数	287	292	47	183	206	175	62	626
陽性率(%)	31.3	31.2	18.4	31.1	30.4	32.5	20.2	29.7

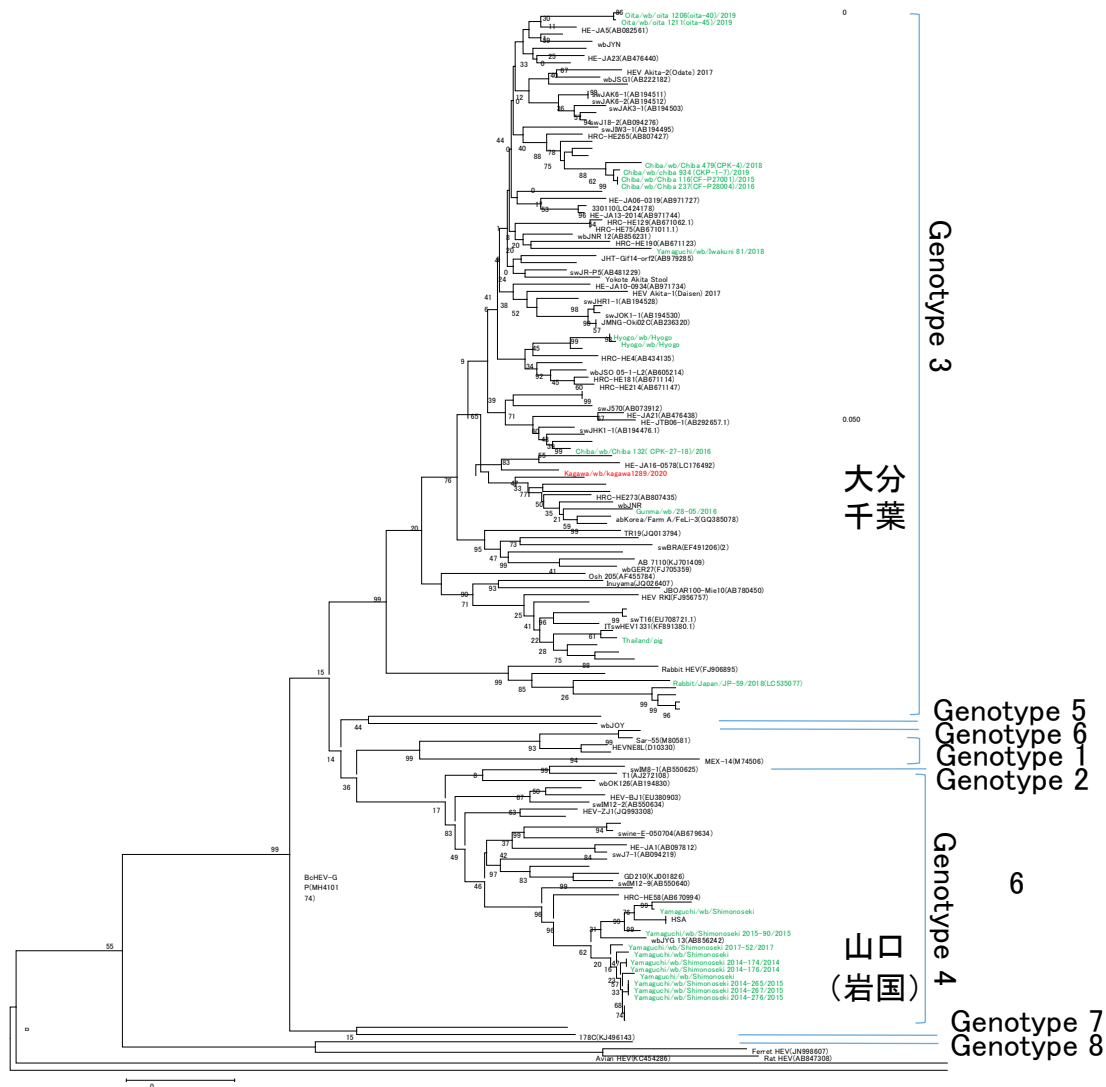


図1 国内の動物から検出された HEV 遺伝子を用いた系統樹
 (緑色：本研究班、赤色：2020年)

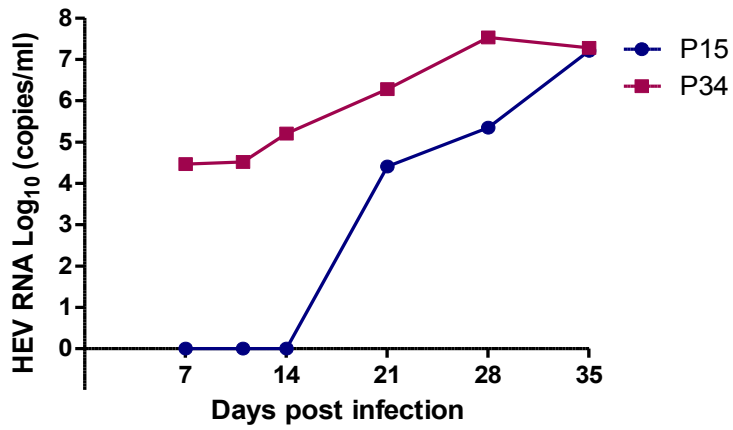


図2 20代継代(2年間)による細胞馴化 HEV の増殖の比較

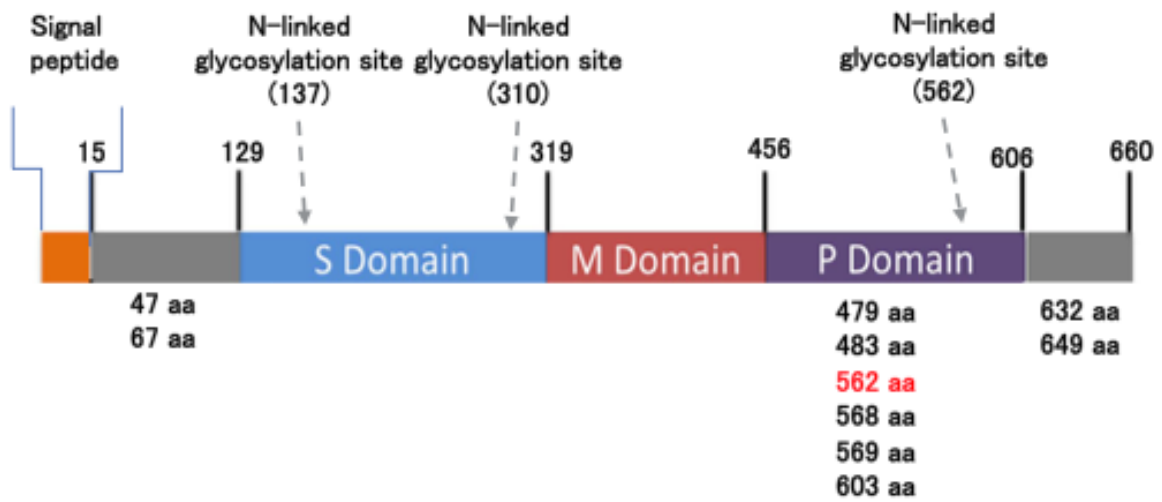


図3 馴化株 P34 のカプシド蛋白に認められた変異

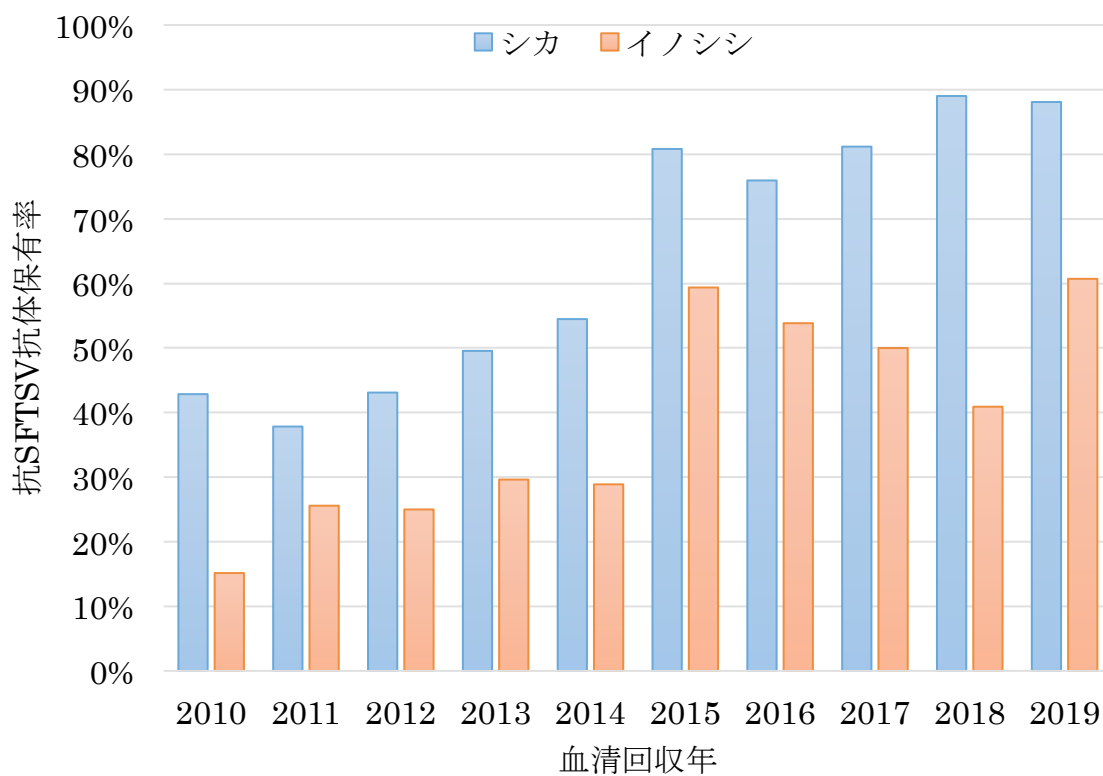


図4 山口県のシカ・イノシシにおける抗 SFTSV 抗体陽性率の推移（ウイルス中和試験）