

【原著】

カラスの糞における感染症原因菌の保有に関する研究

吉田千賀雄*¹ 工藤美里*² 吉岡翔*² 野坂大喜*¹ 藤岡美幸*¹

(2018年10月29日受付, 2018年12月21日受理)

要旨 : 青森県弘前地区には野鳥が多数生息しており, 糞害や家庭のごみ荒らしが問題となっている。本研究では2016年4月から2018年9月の期間に, 青森県の弘前地区カラス糞便159検体および家庭由来の廃棄食材29検体を対象に, ヒト感染症原因菌とされる *Campylobacter*, *Yersinia*, *Candida* などの酵母様真菌類, *Vibrio*, および下痢原性大腸菌の保有状況を調査した。カラスの糞159検体からは *C. jejuni* 4検体, *Y. enterocolitica* 10検体, *C. albicans* 23検体, *C. glabrata* 12検体, 大腸菌47検体が検出され, うち大腸菌2検体は下痢原性大腸菌関連遺伝子 *astA* の保有を認めた。また廃棄食材29検体からは *Y. enterocolitica* 1検体, *C. glabrata* 8検体が検出された。カラスの糞から種々の病原性細菌類が検出されたことに加え, カラスの糞と廃棄食材との間で共通の感染症原因菌が検出されたことから, 両者の関係性について調査を続ける。

キーワード : 野鳥の糞, *Campylobacter*, *Yersinia*, 酵母様真菌, *Vibrio*, 下痢原性大腸菌

I. はじめに

野鳥の糞には *Campylobacter* をはじめとしたヒト感染症原因菌が含まれているとされ¹⁻³⁾, これらがヒト体内に侵入すると感染症を引き起こすと考えられる。現在, 青森県弘前市では市街地を中心にカラスなどの野鳥が数多くみられ, それら野鳥による糞害や家庭ごみ荒らしが問題とされている⁴⁾。家庭ごみには廃棄食材が含まれ, ヒトの食べ残しや調理時の食材端で構成されるため, 水分が多く富栄養状態である。また, 一般細菌類やヒト食中毒の原因となる感染症原因菌も含有することが報告されている⁵⁾。家庭ごみを荒らす野鳥類は廃棄食材も喫食するために, 腸管にヒト食中毒関連菌を保有することが予想される。本研究では, 弘前市内においてヒトや食物からの分離報告例^{6,7,8)}もある感染症原因菌 *Campylobacter*, *Yersinia*, *Candida* などの酵母様真菌類, *Vibrio*, 下痢原性大腸菌を対象に, カラスの糞および家庭由来廃棄食材における保有状況を調査した。

II. 対象と方法

1. 対象

対象は2016年4月から2018年9月まで, 弘前大学本町地区にて採取したカラス新鮮糞便159検体および家庭の三角コーナーより得られた廃棄食材29検体とした。糞便は路上に落下したものを滅菌綿棒を用いて約2gを採取し, 5mLの生理食塩水に懸濁した。また廃棄食材は, 25gを生

理食塩水225gと混和して1分間揉み出しを行い, 10倍希釈原液を作製した。いずれの検体も採取後24時間以内に実験を行った。

2. 各対象菌の種別

1) *Campylobacter* の種別

検体0.5mLをHIブイヨン(日水製薬)2.5mLおよび脱繊維ウマ血50μL, ボルトンサプリメント(Oxoid)30μLと混和し, 微好気条件(アネロパック, 三菱ガス化学)で37±1°C, 24時間選択増菌培養後, パツラー寒天培地(Oxoid)に1白金耳を塗抹し, 微好気条件で37±1°Cで培養した。培地上に発育したコロニーをグラム染色し, *Campylobacter* を疑うらせん菌が確認された場合, オキシダーゼ試験(日水製薬), 馬尿酸塩加水分解試験およびPCRを用いて菌種の同定を行った。馬尿酸塩加水分解試験は藤岡ら⁹⁾の方法に準じ, 1%馬尿酸ナトリウム水溶液0.4mLに被検菌を懸濁し, McFarland 2.0に調整後, 37±1°Cで2時間静置した。これにニンヒドリン試薬0.2mLを加え, 37±1°Cで10分間静置した。判定は濃い青紫色を呈した場合を陽性(*C. jejuni*), 無色から薄い紫色を呈した場合を陰性(*C. coli*等)とした。PCRは, 対象菌株1コロニーをTE緩衝液(pH8.0, 和光純薬工業)1.0mLに懸濁し, 100°Cで5分間加熱後10,000rpm5分間遠心した上清をテンプレートとした。標的遺伝子は*Campylobacter* 16S rRNA¹⁰⁾, *C. jejuni*¹¹⁾, *C. coli*¹²⁾の同定遺伝子とした。PCR反応量は1検体当たり滅菌蒸留水18.375μL, 10×Ex Taq™ Buffer (TaKaRa) 2.5μL, dNTP mixture (TaKaRa) 1.0μL, 10×5U Ex Taq™ polymerase (TaKaRa) 0.125μL, テンプレート2.5μL, 25μMプライマー各0.25μL加え, 全量を25μLとした。PCRの条件は前熱変性94°C1分間とし, 熱変性94°C1分間, アニーリング

*1 弘前大学大学院保健学研究科
Hirosaki University Graduate School of Health Sciences
〒036-8564 青森県弘前市本町 66-1 TEL:0172-33-5111
66-1, Honcho, Hirosaki-shi, Aomori, 036-8564, Japan

*2 弘前大学医学部保健学科
Hirosaki University School of Health Sciences
〒036-8564 青森県弘前市本町 66-1 TEL:0172-33-5111
66-1, Honcho, Hirosaki-shi, Aomori, 036-8564, Japan

表1 本研究における使用プライマー塩基配列

Species	Target gene	Sequence (5' to 3')	Size (bp)	Reference
<i>Campylobacter</i>	16S rRNA	GGATGACACTTTTCGGAGC CATTGTAGCACGTGTGTC	816	10)
<i>C. jejuni</i>	<i>cj0414S</i>	CAAATAAAGTTAGAGGTAGAATGT CCATAAGCACTAGCTAGCTGAT	161	11)
<i>C. coli</i>	<i>askt</i>	GGTATGATTTCTACAAAGCGAG ATAAAAGACTATCGTCGCGTG	502	10)
<i>Yersinia enterocolitica</i>	YST	GTTAATGCTGTCTTCATTTGGAGC GACATCCAATCACTACTGACTTC	145	12)
Diarheagenic <i>Escherichia coli</i>	<i>stx1</i>	AGTTAATGTGGTGGCGAAGG CACCAGACAATGTAACCGC	347	13)
	<i>stx2</i>	TTCGGTATCCTATTCCCGG CGTCATCGTATACACAGGAG	589	13)
	<i>eae</i>	CCCGAATTCGGCACAAGCATAAGC CCCGATCCGTCGCGCAGTATTCG	881	14)
	<i>bfpA</i>	AATGGTGCTTGCGCTTGCTGC GCCGCTTTATCCAACCTGGTA	324	15)
	<i>aggR</i>	GTATACACAAAAGAAGGAAGC ACAGAATCGTCAGCATCAGC	254	16)
	<i>elt</i>	AACGTTCCGGAGGCTTATG CAACCTTGTTGGTGCATGATG	511	13)
	<i>esth</i>	TTCACCTTTCCTCAGGATG ATAGCACCCGGTACAAGCAG	172	13)
	<i>estp</i>	ACTGAATCACTTGACTCTTCA TCACAGCAGTAAAATGTGTTGT	120	13)
	<i>invE</i>	GCAGGAGCAGATCTTGAAG GAAAGGCACGAGTGACTTTC	208	13)
	<i>astA</i>	CCATCAACACAGTATATCCG ACGGCTTTGTAGTCCTTCCA	101	13)

55°C1分間、伸長反応72°C1分間を25サイクル行い、さらに最終伸長反応72°C10分間1サイクル行った(i-cycler, BioRAD)。PCR産物はエチジウムブロマイド含2.5%アガロースゲルにて100V30分間、電気泳動(Mupid-21, コスモバイオ社)を行い、UV照射にて遺伝子の増幅を確認した。

2) *Yersinia* の種別

検体0.5mLを生理食塩水2.5mLに加え、4°Cで1週間低温培養を行ったのち、SS寒天培地、DHL寒天培地(以上、日水製薬)およびCIN寒天培地(関東化学)に1白金耳を塗抹し、25±1°Cで48時間培養を行った。SS寒天培地上で透明、DHL、CIN寒天培地上で赤色の*Yersinia*を疑うコロニーがみられた場合、これをTSI寒天培地(関東化学)、シモンズクエン酸塩寒天培地、0.3%普通寒天高層培地(以上、栄研化学)およびクリステンセン尿素培地(三光純薬)に塗抹し、クリステンセン尿素培地は37±1°Cで18時間、他培地は37±1°Cで24時間培養・判定した。さらに腸内細菌用同定キットapi20E(シスメックス・ビオメリユー)およびPCRを用いて⁷⁾、最終同定を行った。また低温培養を2週間行った検体は上記手順を再度実施し、最終確認試験を行った。

3) 酵母様真菌類の種別

検体0.5mLを無菌試験用ブドウ糖ペプトン培地(栄研化学)に混和し、25±1°Cで最大10日間培養を継続し培地の混濁を認めた際には、サブロー寒天培地(日水製薬)に1

白金耳を塗抹して25±1°Cで最大4日間培養した。培地上に発育したコロニーをグラム染色し、酵母様真菌像を認めた場合、墨汁染色、発芽管形成試験およびクロモアガーカンジダ寒天培地(関東化学)を用いて菌種の推定を行った。

4) *Vibrio* の種別

検体0.5mLを3%食塩加アルカリペプトン水(日水製薬)2.5mLに添加し、37±1°Cで15時間前培養後、TCBS寒天培地(日水製薬)に1白金耳を塗抹し37±1°Cで培養した。培地上に発育したコロニーをグラム染色およびオキシダーゼ試験を行い、PCRにより菌種の同定を行った。

5) 下痢原性大腸菌の種別

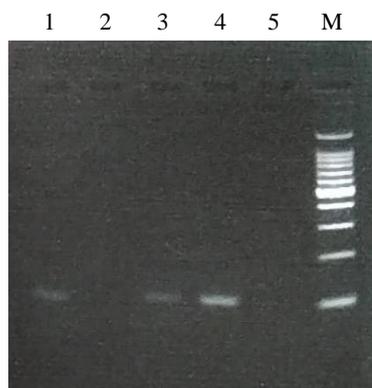
検体1.0mLをEC培地(栄研化学)に混和し44.5±0.2°Cで24時間培養したのち、EMB寒天培地(栄研化学)に1白金耳を塗抹して37±1°Cで24時間培養を行った。大腸菌を疑う金属光沢を伴うコロニーをPCRで菌種同定した。標的遺伝子は下痢原性大腸菌の各分類³¹⁾の病原遺伝子とし、腸管出血性大腸菌(EHEC)は*stx1*、*stx2*¹³⁾、*eae*¹⁴⁾、腸管病原性大腸菌(EPEC)は*bfpA*¹⁵⁾、腸管凝集性大腸菌(EAggEC)は*aggR*¹⁶⁾、*astA*¹³⁾、毒素原性大腸菌(ETEC)は*elt*、*esth*、*estp*、組織侵入性大腸菌(EIEC)は*invE*¹³⁾とした。

なお、本項で各菌のPCRに使用したそれぞれのプライマーは表1にまとめて示した。

表2 各検体における対象菌検出結果

対象菌	野鳥糞便	廃棄食材
<i>Campylobacter jejuni</i>	4	0
<i>Yersinia enterocolitica</i>	10	1
<i>Candida albicans</i>	23	0
<i>C. glabrata</i>	12	10
<i>Vibrio</i>	0	0
<i>Escherichia coli</i>	47(2) [※]	0

※() : 病原遺伝子検出株数

図1 PCRによる *astA* 遺伝子検出の一例

1 : Positive control, 2 : Negative control,
3 : 陽性検体 A, 4 : 陽性検体 B, 5 : 陰性検体,
M : Marker (100-bp ladder),

III. 結果

本町地区カラス糞便 159 検体を対象に対象菌の保有調査を行った結果, *C. jejuni* 4 検体, *Y. enterocolitica* 10 検体, 酵母様真菌類は *C. albicans* 23 検体, *C. glabrata* 12 検体が検出された(表 2)。このうち *Y. enterocolitica* では同定遺伝子である YST のバンドは未検出であった。大腸菌は 47 検体から検出され, このうち 2 検体は下痢原性大腸菌関連遺伝子 *astA* の保有を認めた(図 1)。*Vibrio* は検出されなかった。一方, 廃棄食材 29 検体からは *Y. enterocolitica* 1 検体, *C. glabrata* 10 検体が検出された(表 2)。この *Y. enterocolitica* を対象に PCR を試みた結果, YST のバンドは検出できなかった。

IV. 考察

今回, カラス糞便における感染症原因菌の保有に関する調査を行った。対象菌群のうち, *Vibrio* の検出は認められなかったが, 複数種類の感染症原因菌が検出された。

Campylobacter 属菌は, ヒト食中毒起因菌の一つとして先進国を中心に流行しており¹⁷⁾, 我が国においても細菌性食中毒発生件数第 1 位となっている¹⁸⁾。100 個程度の少量の菌から感染が成立する¹⁹⁾ことから, *Campylobacter* 食中毒発生時には感染源を特定することが極めて困難とされてい

る²⁰⁾。また水道水や井戸水の汚染・消毒不備による水系感染例も報告されており²¹⁾, *Campylobacter* は低温下で保存された食品や水中では比較的長期間の生存が可能である²⁰⁾。今回 *Campylobacter* がカラス糞便から検出されたことで, カラス腸管内に *Campylobacter* が存在することが示され, さらに糞便の落下により *Campylobacter* が直接もしくは雨によって河川や下水道へ流れ込み水系汚染を発生させるなど, 新たな *Campylobacter* 食中毒感染源としてカラスの糞が考えられた。

Yersinia 属菌のうち, ヒト食中毒菌として病原性を持つものは *Y. enterocolitica* があげられる²²⁾。4℃以下でも発育が可能で低温発育性菌として知られており²²⁾, 米国では *Salmonella* 属菌や *Campylobacter* 属菌による食中毒が夏季に集中する反面, *Yersinia* 属菌による食中毒は冬季にピークとなっている²³⁾。また, 本菌の病原性は熱安定性エンテロトキシン遺伝子 YST をはじめとした遺伝子によりもたらされる²⁴⁾。日本においては, 以前は沖縄県での集団感染事例や徳島県の事例など西日本における報告²²⁾が多かったが, 斎藤ら²⁵⁾が青森県の事例を報告してから東北地方でも散発事例が多く報告されている。本研究で検出された株からはいずれも易熱性エンテロトキシン遺伝子 YST は確認されなかったため, 毒素産生性はないと考えられる。しかし, 本菌はすべて 1~3 月に採取された検体から得られた株であり, 外気温が低下する冬季の雪上でも生存することが示された。環境中からヒトへどのように感染するかは明らかになっていないが, 沢水が原因と考えられる *Y. enterocolitica* 感染症の報告例²⁵⁾もあることから, カラスの糞便が環境汚染源として一定の役割を持つ可能性が考えられる。

酵母様真菌については, 本研究では深在性真菌症の主要原因菌²⁶⁾である *C. albicans* や *C. glabrata* が検出された。佐々木ら²⁷⁾や三澤ら²⁸⁾は, 飼いバトやペットショップの小鳥の糞から真菌性の人畜共通感染症原因菌である *Cryptococcus neoformans* が検出されたと報告している。今回対象としたカラス糞便から *Cryptococcus* 属菌の検出は認められなかったが, 検出された *C. albicans* は 1980 年代よりカンジダ感染症の主要菌として検出されており²⁹⁾, *C. glabrata* も 1990 年代からカンジダ感染症原因菌としてサーベイランス上位に進出している²⁹⁾。そのため, カラス糞便中の *C. albicans* や *C. glabrata* が深在性真菌症の発症に関与している可能性があり, 今後も継続した調査が必要であるとされる。

Vibrio 属菌は食中毒原因菌として特に *V. parahaemolyticus* (腸炎ビブリオ) が知られている³⁰⁾。一般的に原因食物は魚介類とされており³⁰⁾, 本研究ではカラス糞便および廃棄食材中からは腸炎ビブリオの検出は認められなかった。渡辺ら⁹⁾は我が国に飛来する水鳥の糞便から *Vibrio* 属菌の検出を報告しており, 鳥類が何らかの形で *Vibrio* 属菌を腸管

に保有，排出する可能性は高いと考えられる。そのため，野鳥糞便を実験対象とする場合は，対象の糞便を排泄する鳥類の食性・生息環境などの背景を踏まえて実施することが望ましいと考える。

ヒト感染症起因菌としての下痢原性大腸菌は，産生する毒素や主に保有する遺伝子により EHEC，EPEC，EIEC，ETEC，EAaggEC に分類される³¹⁾。本実験では EAST1（腸管凝集付着性大腸菌耐熱性エンテロトキシン 1）をコードするとされる *astA* 遺伝子を複数の検体から検出したが，本遺伝子は健康人も比較的高確率で保有している^{32,33)}ことや，他に宿主ごとの異なる腸管定着因子を合わせ持つ菌のみが病原性を発揮するとしている報告³⁴⁾もあることから，病原性との関連づけは慎重に行っていく必要がある。福山ら³⁵⁾はハトやカラスの糞便から EHEC を検出したと報告しており，鳥糞から検出される下痢原性大腸菌の動向について今後も継続して調査を行う必要があると考える。

また，廃棄食材中に含まれる菌について，黄色ブドウ球菌やセレウス菌がわずかに検出されたのみで食中毒菌は検出されなかったとの報告⁵⁾があるが，本実験では廃棄食材中からも *Y. enterocolitica* や *C. glabrata* などカラス糞便中と共通の食中毒起因菌が検出された。山辺ら⁵⁾はこれらの菌を対象としておらず，本菌の検出により廃棄食材からカラスの腸管内へ，さらに腸管内から糞中へと菌が移行し，結果としてカラスの糞が食中毒起因菌の媒介手段となっている可能性が考えられた。カラスの糞を介したヒトへの感染や，廃棄食材を介したカラスへの移行による糞便汚染の関係を明らかにするため，今後は廃棄食材由来菌に関するさらなる調査とともに，弘前地域以外のカラス糞由来の食中毒起因菌を調査し，保有細菌の相違を検討したい。

利益相反 本論文に関して，申告すべき利益相反はありません。

謝辞 本研究を行うにあたりご協力いただきました皆様方に深く感謝申し上げます。

引用文献

- 1) 渡辺麻衣子, Alexandre Tomomitsu OKATANI, 他 : 我が国に飛来する水鳥における *Vibrio* 属菌の保有状況. 獣疫学雑誌, 2: 77-83, 2002.
- 2) 石井宮次 : 注目すべき食中毒菌 1.カンピロバクター. 生活衛生, 36: 197-207, 1992
- 3) 見坂武彦, 片岡憲司, 他 : 大阪周辺に飛来するツバメの腸内細菌の群集構造解析. YAKUGAKU ZASSHI, 138: 117-122, 2018.
- 4) 弘前市 : 街なかカラス対策 <http://www.city.hirosaki.aomori.jp/kurashi/kankyo/karasu-machina-ka.html> (2018-09-27)
- 5) 山辺賢一郎, 汪群慧, 他 : 生ゴミの乳酸発酵による防腐・防臭および食中毒菌の増殖抑制に関する研究. 環境工学研究論文集, 37, 2000.
- 6) 佐藤瑠海, 佐藤拓弥, 他 : 弘前地区における下痢症患者由来 *Campylobacter* の分離状況. 保健科学研究, 8(2):1-5, 2018.

- 7) 齋藤雅明, 山口美佳子, 他 : 青森県弘前地区における *Yersinia enterocolitica* 血清型 O8 感染症(1984~1991). 感染症学雑誌, 68: 960-965, 1994.
- 8) 藤岡美幸, 月足正辰, 他 : Multiplex PCR を用いた健康人における下痢原性大腸菌の保有状況. 医学検査, 60(6):871-874, 2011.
- 9) 藤岡美幸, 大友良光, 他 : *Campylobacter jejuni* と *C. coli* を同定する馬尿酸塩加水分解試験に用いる至適菌濃度. 医学検査, 63:168-172, 2013.
- 10) Linton, D., Owen, R.J., et al. : Rapid identification by PCR of the genus *Campylobacter* and of five *Campylobacter* species enteropathogenic for man and animals. Res Microbiol, 147: 707-718, 1996.
- 11) Wang, R.F., SLAVIK, M.F., et al. : A rapid PCR method for direct detection of low numbers of *Campylobacter jejuni*. J Rapid Methds Autom Microbiol, 1: 101-108, 1992.
- 12) Gómez-Duarte, O.G., Bai, J., et al. : Detection of *E. coli*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Yersinia enterocolitica*, *Vibrio cholerae*, and *Campylobacter* spp. enteropathogens by Three-reaction Multiplex PCR. Diagn Microbial Infect Dis., 63: 1-9, 2009.
- 13) Fujioka, M., Otomo, Y., et al. : A novel single-step multiplex polymerase chain reaction assay for the detection of diarrheagenic *Escherichia coli*. J Microbiol Methods., 92(3): 289-292, 2013.
- 14) Oswald, E., Schmidt, H., et al. : Typing of Intimin Genes in Human and Animal Enterohemorrhagic and Enteropathogenic *Escherichia coli*: Characterization of a New Intimin Variant. Infect Immun., 68(1): 64-71, 2000.
- 15) Gunzburg, S.T., Tornieporth, N.G., et al. : Identification of enteropathogenic *Escherichia coli* by PCR-based detection of the bundle-forming pilus gene. J Clin Microbiol., 33(5): 1375-7, 1995.
- 16) Ratchtrachenchai, O.A., Subpasu, S., et al. : Investigation on enteroaggregative *Escherichia coli* infection by multiplex PCR. Bull. Dept. Med. Sci., 39: 211-220, 1997.
- 17) Skirrow M.B. : *Campylobacter* enteritis : a "new" disease. Bri. Med. J., 2 (6078): 9-11, 1977.
- 18) 厚生労働省 : 「食中毒一覧速報」 http://www.mhlw.go.jp/stf/seisakunitsuite/bunya/kenkou_iryuu/sh-okuhin/syokuchu/04.html (2018-09-27)
- 19) Black, R. E., Levine, M.M., et al. : Experimental *Campylobacter jejuni* infection in humans. J. Infect. Dis., 157: 472-479, 1988.
- 20) 三澤尚明 : 話題の感染症 カンピロバクター感染症. モダンメディア, 51: 45-52, 2005.
- 21) Chan, K. F., Tran, L.H., et al. : Survival of clinical and poultry-derived isolates of *Campylobacter jejuni* at a low temperature (4 degrees C) . Appl. Environ. Microbiol., 67: 4186-4191, 2001.
- 22) 林谷秀樹 : *Yersinia* 感染症. 日本食品微生物学会雑誌, 33(4): 175-181, 2016.
- 23) CDC.FoodNet Surveillance Report for 2000: Final Report. Atlanta: Centers for Disease Control and Prevention; 2002.
- 24) Ibrahim A., Liesack W., et al. : Development of a Highly Specific Assay for Rapid Identification of Pathogenic Strains of *Yersinia enterocolitica* Based on PCR Amplification of the *Yersinia* Heat-Stable Enterotoxin Gene (*yst*). J Clin Microbiol., 35(6): 1636-1638, 1997.
- 25) Keet, E. E. : *Yersinia enterocolitica* septicemia. Source of infection and incubation period identified. N.Y. State J. Med., 74: 2226-2230, 1974.
- 26) 渡邊一功 : 深在性真菌症の診断と治療. 日本内科学会雑誌, 86(3): 146-150, 1997.
- 27) 佐々木幸治, 松坂尚典, 他 : ハト糞便からの *Cryptococcus neoformans* の分離. 日獣会誌, 52: 521-524, 1999
- 28) 三澤尚明, 入田重幸, 他 : ペットショップで販売されている

- 小鳥の糞便からの *Cryptococcus neoformans* の分離. J. Jpn. Vet. Med. Assoc., 46: 417-419, 1993
- 29) 山口英世 : 病原カンジダ菌種の多様化とその医真菌学的インパクト. モダンメディア, 58(9): 261-277, 2012.
 - 30) 国立感染症研究所 : 腸炎ビブリオ感染症とは
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/438-vibrio-enteritis.html> (2018-09-27)
 - 31) 国立感染症研究所 : 下痢原性大腸菌感染症とは
<https://www.niid.go.jp/niid/ja/kansennohanashi/399-ecoli-intro.html> (2018-09-27)
 - 32) Fujihara, S., Arikawa, K., et al. : Prevalence and properties of diarrheagenic *Escherichia coli* among healthy individuals in Osaka City, Japan. Jpn. J. Infect. Dis., 62: 318-323, 2009.
 - 33) 藤岡美幸, 月足正辰, 他 : Multiplex PCR を用いた健常人における下痢原性大腸菌の保有状況. 日本臨床衛生検査技師会誌, 60(6): 871-874, 2011.
 - 34) 涌嶋三津子, 王麗麗, 他 : 非定型下痢原性大腸菌について 1—腸管凝集接着性大腸菌耐熱性腸管毒素 (EAST1) 遺伝子保有大腸菌—. 生活衛生, 54(4): 271-284, 2010.
 - 35) 福山正文, 古畑勝則, 他 : ハトおよびカラスからの Vero 毒素産生性大腸菌(VTEC)の分離および血清型. 感染症誌, 77: 5-9, 2003.

【Original article】

Prevalence of pathogenic bacteria in crow droppings

CHIKAO YOSHIDA^{*1} MISATO KUDO^{*2} SYO YOSHIOKA^{*2}
HIROYUKI NOZAKA^{*1} MIYUKI FUJIOKA^{*1}

(Received October 29 , 2018 ; Accepted December 21, 2018)

Abstract: Many wild birds live in the Hirosaki area of Aomori Prefecture, where they eat household waste and cause fecal pollution. From April 2016 to September 2018, 159 fresh crow droppings and 29 waste food products were collected from the house in Hirosaki to examine for the presence of *Campylobacter*, *Yersinia*, yeast-like fungi, *Vibrio*, and diarrheagenic *Escherichia coli*. Among the 159 droppings, 4 *C. jejuni*, 10 *Y. enterocolitica*, 23 *C. albicans*, 12 *C. glabrata*, and 47 *E. coli* strains were detected. Two of the 47 *E. coli* strains possessed *astA*, the diarrheagenic *E. coli*-related gene. On the other hand, 1 *Y. enterocolitica* and 8 *C. glabrata* strains were detected from the 29 waste food products. Aside from various pathogenic bacteria in the wild bird feces, similar infectious disease-causing bacteria were detected between the feces and waste foods. Therefore, we should continue to monitor and investigate the relationship between the fecal and waste food pathogens in order to development bird management strategies to prevent the spread of harmful diseases to the general public.

Keywords: Wild bird droppings, *Campylobacter*, *Yersinia*, Yeast-like fungi, *Vibrio*, Diarrheagenic *Escherichia coli*