

厚生労働科学研究費補助金
(食品の安全確保推進研究事業)
分担研究報告書

菌株のゲノムとメタデータの統合解析

研究分担者 矢原 耕史

研究協力者 北村 徳一

研究要旨

ヒト、食品、動物等の中で薬剤耐性菌がどれだけ伝播しているのかをゲノム解析から探った。サルモネラでは、稀な事例ではあるが食品を介したヒトへの耐性菌の伝播が示唆された。今後の継続的なモニタリングが必要と考えられた。

A. 研究目的：

食品媒介病原体等の細菌について、ヒト由来の耐性菌株が、食品由来および動物由来の耐性菌株とゲノムレベルでどれだけ類似しているのか（その類似度が、食品、動物、ヒト間で耐性菌が伝播したと考えられる事例は見つかるかどうか）を探ることを目的とした。

B. 研究方法：

ヒト・食品・動物から分離した非チフス性のサルモネラ属菌（1613株）とカンピロバクター属菌（*C. jejuni* 635株、*C. coli* 47株）および、ヒト・食品から分離した腸球菌（*E. faecium* 42株、*E. faecalis* 29株）を対象とし、ゲノム解読を行い、特定した薬剤耐性遺伝子と分離株のメタ情報を照合し、ゲノム類似度からヒトへの耐性菌の伝播を推定した。

C. 研究結果：

サルモネラでは、非常に近縁で同じ耐性遺伝子を保有するヒト由来株と食品由来株のペアが、血清型 Blockley 株（ESBL 遺伝子 *bla*_{CTX-M-15} を保有）と血清型 Agona 株（ホスホマイシン耐性遺伝子 *fosA7.2* を保有）でそれぞれ見つかかり、耐性菌が食品を介してヒトへ伝播した可能性が示唆された。一方、カンピロバクターでは、*C. jejuni* のコアゲノム比較で食品由来株とヒト由来株で比較的近縁な組み合わせ（相違塩基サイト数 23～）が散見されるものの、サルモネラと同程度の近縁な株の組み合わせは検出されなかった。また、バンコマイシン耐性腸球菌では、ヒト由来株と食品由来株は、7 遺伝子の塩基配列の組合せで型別を行う MLST

において共有が見られず、両由来株は系統的に離れていることが判明した。

D. 考察：

サルモネラで見つかった食品からヒトへの耐性菌の伝播は極低頻度であったが、抗菌薬治療で重要な薬剤に対する耐性遺伝子が伝播されており、継続的なモニタリングが重要である。*C. jejuni* では食品由来株数がヒト由来株数の約 1/5 であり、食品を介したヒトへの伝播を探るにはさらなる食品由来株サンプルのデータの拡充が望まれた。

E. 結論

サルモネラにおいて、食品を介したヒトへの耐性菌伝播をゲノムレベルで特定することができた。今後の継続的なモニタリングが必要と考えられた。

F. 健康危険情報

代表者記載

G. 研究発表

1. 論文発表
なし

2. 学会発表
なし

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

3. その他
なし