

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の遺伝的関連性をゲノム解析から探った。サルモネラでは、稀ではあるが食品とヒトの間で高度に近縁な耐性菌が検出された。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由来の耐性菌と食品又は動物由来の耐性菌との遺伝的関連を推定した。

（倫理面への配慮）
なし（ヒト情報は扱わない）

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）でそれぞれ見つかり、ヒトと食品から分離した耐性菌に遺伝的関連が示唆された。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み合わせで型別を行う 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とヒトから分離された高度に近縁な耐性菌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を保有しており、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、食品とヒトから高度に近縁な耐性菌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

なし

G. 研究発表

1. 論文発表
なし

2. 学会発表

第 99 回日本細菌学会総会、2026 年 3 月 20 日（金）ー22 日（日）、広島国際会議場、“ワンヘルスゲノムサーベイランスによる食品からヒトへ伝播した薬剤耐性病原性細菌の特定”、ポスター及び口頭発表

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