

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

分担課題名

食品由来薬剤耐性菌の薬剤耐性獲得動向に関するサーベイランス

研究分担者	大屋賢司	国立医薬品食品衛生研究所衛生微生物部
研究協力者	石原加奈子	東京農工大学大学院農学研究院獣医公衆衛生学
研究協力者	佐々木貴正	帯広畜産大学獣医学研究部門
研究協力者	渡辺麻衣子	国立医薬品食品衛生研究所衛生微生物部

研究要旨

鶏肉は、サルモネラやカンピロバクターなどの食中毒起因菌に汚染されており、これら病原細菌は薬剤耐性を獲得している場合がある。食品を介した病原細菌および薬剤耐性菌のヒトへの伝播リスクを評価するためには、鶏肉における継続的なモニタリングが重要である。本分担課題では、東京都および神奈川県の小売店で購入した市販国産鶏肉95検体を対象として、サルモネラ、カンピロバクターおよびセフトキシム（CTX）耐性大腸菌の汚染実態調査を行った。サルモネラは95検体中57検体（60.0%）から分離され、分離株の大部分は*Salmonella Schwarzengrund*であった。*S. Schwarzengrund*では、東日本産由来株に感受性株が多く認められた一方、西日本産由来株では多剤耐性株の割合が高く、これまでの調査と同様に薬剤耐性パターンに地域差が認められた。カンピロバクターは43検体から分離され、分離株はすべて*Campylobacter jejuni*であった。分離陽性率は西日本産鶏肉で有意に高く、薬剤耐性については一部にフルオロキノロン耐性が認められたが、マクロライド系抗菌薬耐性株は認められなかった。CTX耐性大腸菌は95検体中45検体（47.4%）から分離され、西日本産鶏肉で有意に高い分離率を示した。分離株では、CTXを始めとしたβラクタム耐性に加えて複数薬剤に対する耐性が高頻度に認められ、多剤耐性の集積が示唆された。2023年度分離株の詳細解析では、*S. Schwarzengrund*が共通してpESI-likeプラスミドを保有していることを確認し、東日本で維持される感受性クローンでは同プラスミド上のクラスIインテグロン領域が欠失している可能性が示唆された。また、サルモネラでは報告の少ないプラスミド性キノロン耐性遺伝子*qnr*保有株が確認され、感受性株および*qnr*保有株を含む19株の完全長ゲノム配列を決定した。カンピロバクターでは、鶏肉由来株と野生カモ由来株が明確に異なるクラスターを形成し、現時点では両者間の広範な伝播の可能性は低いと考えられたが、食肉処理場近辺で捕獲されたカモ由来株の一部は鶏肉由来株と近縁であった。鶏肉由来ESBL産生腸内細菌目細菌の伝達試験では、大腸菌24株中11株でトランスコンジュガントが得られ、ESBL遺伝子を含む薬剤耐性の接合伝達が確認された。また、鶏肉由来ESBL産生大腸菌とヒト由来ESBL産生大腸菌の比較解析では、ST69およびST2792において鶏肉由来株とヒト由来株の遺伝的関連性が示唆された。鶏肉由来株からはESBLのパンデミッククローンであるST131は確認されなかったが、ヒト由来株との関連が示唆されるSTの継続的な監視が必要であると考えられた。最後に、2025年度に本研究事業で分離したサルモネラ56株、カンピロバクター64株、CTX耐性大腸菌76株の菌株またはゲノムDNAを薬剤耐性研究センターに送付した。以上より、市販国産鶏肉における食中毒起因菌および薬剤耐性菌の汚染状況、薬剤耐性パターン、ならびに地域差は複数年にわたり一定の傾向を示しており、今後も継続的な調査とヒト由来株との比較解析を進めることで、食品を介した薬剤耐性菌伝播リスクの評価体制を強化を進めることが期待される。

A. 研究目的：

鶏肉は、細菌性食中毒の主要な原因であるサルモネラ及びカンピロバクターに高率に汚染されており、ヒトへの感染源となることが知られる。畜産現場における抗生物質の治療及び添加物としての利用は、畜産物の安定供給のために必要であるが、薬剤耐性菌による畜産物の汚染を助長させる危険性があり、実際に鶏肉を汚染する病原細菌も

薬剤耐性を獲得していることが知られていた。そのため、2012年に孵化場における第3世代セファロsporin使用が自主的に中止され、2018年にはコリスチンの飼料添加物としての使用禁止と動物用治療薬としても第二次選択薬として位置づけられるなどの対策がとられた。これ以降、肉用鶏から検出される第3世代セファロsporinやコリスチン耐性のサルモネラや大腸菌は減少しているこ

とが知られるが、食品を介したこれら病原細菌及び薬剤耐性菌のヒトへの伝播を防ぐためにも、鶏肉における継続的なモニタリングは重要である。

本分担課題では、継続して国内で生産加工される鶏肉等における、サルモネラ、カンピロバクター及び基質拡張型βラクタマーゼ（ESBL）産生大腸菌の調査を行ってきた。今年度、国立衛研と東京農工大では、2024年度に引き続き、市販の国産鶏肉におけるサルモネラ、カンピロバクター及びセフトキシム（CTX）耐性大腸菌の調査を行った。また、2023年度に国産鶏肉から分離し薬剤耐性研究センターに株を提供した CTX 耐性腸内細菌目細菌、サルモネラ及びカンピロバクターについて、詳細な個別解析を行った。

B. 研究方法：

1. 市販国産鶏肉におけるサルモネラ、カンピロバクター及び CTX 耐性大腸菌の汚染実態調査

1) 食品検体

国内で製造加工された鶏もも肉・むね肉を東京都、神奈川県の小売店で購入した。2025年5月(15検体)、8月(25検体)、10月(10検体)、12月(20検体)及び2026年1月(25検体)に計95検体を購入した。検体は、ブロイラー、銘柄鶏及び地鶏からなり、購入後冷蔵保存し消費期限内に分離に供した。購入した検体の概要を表1に示す。産地が北海道、青森県、岩手県、新潟県、千葉県の製品を東日本産とし、鳥取県、徳島県、福岡県、宮崎県、鹿児島県を産地とする製品を西日本産として集計した。

2) 食品検体からの各種細菌の検出

購入した国産鶏もも肉もしくはむね肉の皮 25 g から以下に示すように各種細菌の分離を行った。サルモネラ属及びセフトキシム（CTX）耐性菌の分離フローを図1に、カンピロバクターの分離フローを図2に示す。

(1) サルモネラの分離

鶏肉の皮 25 g を 225 mL の緩衝ペプトン水（BPW; 島津ダイアグノスティックス）中で 1 分間ストマッキング処理を行い、37°C で 22±2 時間前増菌を行った。この前増菌液 0.1 mL を 10 mL の Rappaport-Vassiliadis 培地（島津ダイアグノスティックス）に加え、42°C で 22±2 時間選択増菌培養した。選択増菌後の培養液を白糖加 SS 寒天培地（島津ダイアグノスティックス）及びクロモアガー *Salmonella* 培地（関東化学）に画線塗抹し 35°C で 22±2 時間培養した。生育したサルモネラ属定型的なコロニーを各選択培地から最低 1 コロニーずつ釣菌し Triple-Sugar-Iron 寒天培地（島津ダイアグノスティックス）及び Lysine-Indole-Motility 培地（島津ダイアグノスティックス）を用いた生化学性状試験によってサルモネラ属菌とした。同

定した菌株の Trypticase Soy Agar（TSA、Oxoid）上に生育した集落を生理食塩水に懸濁し、サルモネラ免疫血清（O 群血清、デンカ）を用いて O 群別試験を行った。H 型別試験（第 1 相及び第 2 相）はサルモネラ免疫血清（H 血清、デンカ）を用いて試験管凝集法にて行った。各検体から 1 血清型をその後の解析に供した。

(2) カンピロバクターの分離

鶏肉の皮 25 g を 100 mL のプレストン培地（サプリメント及び馬血清添加、関東化学）中で 1 分間ストマッキング処理を行い、42°C で 22±2 時間微好気培養（5% O₂、10% CO₂）を行った。培養後、mCCDA 培地（栄研化学）に画線塗抹し 42°C で 48-72 時間微好気培養を行った。mCCDA 培地上の定型コロニーを各検体 2 コロニーずつ釣菌し羊血液寒天培地（島津ダイアグノスティックス）に移植し単離した。PCR により、*Campylobacter jejuni*、*Campylobacter coli* もしくはその他のカンピロバクター属か菌種の同定を行い、各検体から 1 菌種当たり 1 株をその後の解析に供した。

(3) CTX 耐性大腸菌の分離

CTX 耐性大腸菌の分離は、岐阜大学・浅井グループと同じ方法で行った。上記 B.1.2) (1)で培養した BPW 前増菌液を 1 µg/ml の濃度でセフトキシムナトリウム（富士フイルム和光純薬）を添加したクロモアガー ECC 培地（関東化学）に画線塗抹し 35°C で 22±2 時間培養した。生育した青色のコロニーを各検体 原則 1 コロニーずつ釣菌し純培養した。純培養後、AXIMA 微生物同定システム（島津製作所）にて TOF-MS による菌種同定を行い大腸菌であることを確認し以降の解析に用いた。

3) 薬剤感受性試験

薬剤感受性試験は、供試薬剤を充填した 96 穴プレート（栄研化学）を用いて CLSI 法に準拠した微量液体希釈法にて最小発育阻止濃度（MIC）を決定した。対象とする薬剤は、他分担グループ特に家畜や食品を対象とした調査を行っているグループでこれまでに対象とされていた薬剤を含むように選定した。サルモネラ及び CTX 耐性大腸菌には、アンピシリン（ABPC）、セフトキシム（CEZ）、CTX、アモキシシリン・クラブラン酸（ACV）、ゲンタマイシン（GM）、メロペネム（MEPM）、ストレプトマイシン（SM）、カナマイシン（KM）、テトラサイクリン（TC）、クロラムフェニコール（CP）、ナリジクス酸（NA）、シプロフロキサシン（CPFX）、ST 合剤（ST）、コリスチン（CL）の 14 剤を供試し、精度管理株として *Escherichia coli* ATCC25922 株を用いた。カンピロバクター属には、ABPC、イミペネム（IPM）、SM、KM、GM、エリスロマイシン（EM）、クリンダマイシン（CLDM）、CP、TC、ドキシサイク

リン (DOXY)、NA、CPFX の 12 剤を供試し、精度管理株として *C. jejuni* ATCC33560 株を用いた。

4) 統計検定

2 群間の陽性率の有意差検定には、検体数に応じてカイ二乗検定もしくはフィッシャーの正確確率検定を用いた。有意水準は 0.05 に設定し、 p 値がこれを下回った場合に 2 群間に有意差があると判定した。

2. 2023 年度分離株の詳細解析

(1) 菌株

2023 年度に、厚生労働科学研究費補助金 食品の安全確保推進研究「ワンヘルスに基づく食品由来薬剤耐性菌のサーベイランス体制強化のための研究 (21KA1004)」にて、分担者らが市販国産鶏肉から分離したサルモネラ 84 株、カンピロバクター 51 株、CTX 耐性腸内細菌目・シュエドモナス目細菌 102 株を対象とした。薬剤耐性研究センターにて取得した各菌株のドラフト配列を解析に用いた。

(2) サルモネラ pESI-like プラスミド構造と耐性遺伝子の解析

pESI-like plasmid のリファレンスには、研究協力者の石原がブローラーから 2016 年に分離した *S. Schwarzengrund* の pESI-like plasmid pSal_249 配列を用いた (Antibiotics 14: 288, 2025)。各株の short read 配列を pSal_249 にマッピングし得られた配列を

MAFFT

(<https://mafft.cbrc.jp/alignment/server/index.html>) でアライメントし、pES-like plasmid の構造の概要を解析した。完全長ゲノムは以下のように取得した。感受性株 16 株、*qnrB19* または *qnrSI* 保有 8 株計 24 株から Qiagen Genomic-tips (Qiagen) でゲノム DNA を抽出した。Native Barcoding Kit 24 V24 (Oxford Nanopore) によりライブラリを調製し、フローセル (FLO-MIN114、Oxford Nanopore) にアプライし MinION Mk1C プラットフォーム (Oxford Nanopore) により long read 配列を取得した。得られた long read 配列と short read 配列を用いて unicycler (<https://github.com/rrwick/unicycler>) もしくは flye (<https://github.com/mikolmogorov/Flye>) によりハイブリッドアセンブルを行い、完全長ゲノム配列を構築した。

(3) 鶏肉由来カンピロバクターとカモ由来カンピロバクターの比較解析

カモ由来カンピロバクター株は、2023 年度に、厚生労働科学研究費補助金 食品の安全確保推進研究「野生鳥獣由来食肉の食中毒発生防止と衛生管理ガイドラインの改良に資する研究 (21KA1003)」にて、研究協力者の渡辺らが野生

カモから分離した株及びそれらの short read 配列を用いた。SNP 系統解析は、各菌株の short read 配列もしくはドラフトゲノムを用いて以下に行なった。snippy (<https://github.com/tseemann/snippy>) により core SNP アライメントを作成し、gubbins (<https://github.com/nickjcroucher/gubbins>) により組み換え領域を除去した。最終的に、iqtree2 (<https://github.com/iqtree/iqtree2>) で系統推定を行った。

(4) 鶏肉由来 ESBL 産生腸内細菌目細菌の詳細解析

①伝達試験

レシピエント株としてリファンピシン耐性 DH5 α を用いた。ドナー株は、2023 年に鶏肉から分離した ESBL 産生大腸菌 24 株及び *Klebsiella pneumoniae* 2 株を用いた。ドナー株及びレシピエント株をミューラーヒントン (MH) ブイヨン (関東化学) に接種し 35°C で 6-8 時間震盪培養する。震盪培養後、ドナー株とレシピエント株を 1:2 の割合で混合し 35°C で終夜培養する。終夜培養後の菌液を 100 μ g/ml のリファンピシン及び 1 μ g/ml の CTX を添加した MH 寒天に塗抹し 35°C で終夜培養する。生育したコロニーをトランスコンジュガントとして以降の解析に用いた。

②鶏肉由来 ESBL 産生大腸菌とヒト由来 ESBL 産生大腸菌の関連性解析

ヒト患者由来 ESBL 産生大腸菌は、研究班で過去に収集、報告した株を用いた (Nat. Commun. 14: 8046, 2023)。同一遺伝子型 (ST) 内での SNP 系統解析は B.2.(3) と同様にを行い、さらにヒト、鶏肉由来株の関連性を評価するため、snp-dists (<https://github.com/tseemann/snp-dists>) を用いてペアワイズ SNP 距離行列を求めた。

(倫理面への配慮)

本研究では該当しない。

C. 研究結果:

1. 市販国産鶏肉におけるサルモネラ、カンピロバクター及び CTX 耐性大腸菌の汚染実態調査

1) サルモネラ

東京都、神奈川県の小売店で購入した 95 検体からのサルモネラ分離状況を表 2 に示す。全 95 検体におけるサルモネラ分離陽性率は 60% (57/95) であった。検体の産地毎に集計した結果では、東日本を産地とする 54 検体では 66.7% (36/54)、西日本を産地とする 36 検体では 47.2% (17/36)、産地が特定できなかった 5 検体では 80% (4/5) が分離陽性となった。東日本産と西日本産検体からの分離陽性率は、有意差はないと判定された ($p = 0.06$)。分離されたサルモネラの血清型で最も多

かったのは *S. Schwarzengrund* (52 株) であり、全分離株の 91.2% (52/57) を占めた。*S. Schwarzengrund* に次いで、*S. Infantis* が 3 株 (全体の 5.3%)、*S. Potsdam* と Untypeable (O4:-) が 1 株ずつ分離された。

これら分離株のうち、最も優勢であった *S. Schwarzengrund* (24 株; 2025 年 10 月分離株までの結果) の各種薬剤に対する耐性率を表 4 に示す。SM、KM、TC、NA、ST に対して 10~90% 程度の範囲で耐性が認められたが、ABPC、CEZ、CTX、ACV、MEMP、GM、CP、CPFX、CL 耐性株は分離されなかった。SM、KM、TC、ST に対する耐性率は西日本産鶏肉由来株で東日本産鶏肉由来株よりも有意 ($p<0.05$) に高かった。一方、NA 耐性株の割合は、統計学的優位差はなかったものの ($p=0.3$)、東日本産鶏肉由来株で高い傾向が認められた。*S. Schwarzengrund* 分離株の薬剤耐性パターンを表 4 に示す。西日本産鶏肉由来株では、3 剤以上の多剤耐性株が 77.8% (7/9) を占め、東日本産鶏肉由来株では 23.1% (3/13) であった。感受性株の割合は、東日本産鶏肉由来株では 53.8% (7/13) であり、西日本産鶏肉由来株では全ての株が少なくとも 1 剤以上の薬剤に耐性を示した。

2) カンピロバクター

東京・神奈川の店舗で購入した 95 検体におけるカンピロバクター分離状況の概要を表 5 に示す。カンピロバクター分離陽性率は 45.3% (43/95)、分離された 43 株全て *C. jejuni* であり、*C. coli* は分離されなかった。産地別の集計では、東日本産鶏肉からの分離陽性率 35.2% (19/54) は西日本産鶏肉からの分離陽性率 58.3% (21/36) より低値であり、フィッシャーの正確確率検定の結果、両群間の陽性率は有意差があると判定された ($p < 0.05$)。*C. jejuni* 28 株 (2025 年 12 月分離株まで) の薬剤感受性試験の結果を表 6 に示す。全体で 14.3% (4/28) の株が TC、DOXY、NA、CPFX に耐性を示した。治療薬として用いられる EM 及び CLDM に耐性を示した株は分離されなかった。西日本産鶏肉由来分離株の薬剤耐性は、東日本産鶏肉由来株に比べて高い傾向が認められたが、12 月分離株までの結果では統計学的有意差は認められなかった。

3) CTX 耐性大腸菌

東京・神奈川の店舗で購入した 95 検体における CTX 耐性大腸菌分離状況の概要を表 7 に示す。全 95 検体における CTX 耐性大腸菌の分離陽性率は 47.4% (45/95) であった。産地別の集計では、東日本産鶏肉からの分離陽性率 31.5% (17/54)、西日本産鶏肉からの分離陽性率は 75% (27/36) であった。フィッシャーの正確確率検定の結果、両群間の陽性率は有意差があると判定された ($p < 0.01$)。分離された CTX 耐性大腸菌 37 株 (2025 年

12 月分離株までの結果) の薬剤感受性試験の結果を表 8 に示す。分離株のうち 2 株が CTX 感受性であったが、全株 CTX に加えて ABPC、CEZ に耐性を示した。これら β ラクタム耐性に加えて、70% を超える多くの菌株が SM、KM、TC にも耐性を示した。MEPM、CL 耐性株は分離されなかった。東日本産鶏肉由来株では 35.7% (5/14) が ACV 耐性であったが、西日本産鶏肉由来株では ACV 耐性率は 4.5% (1/22) であった。また、CP、NA、CPFX 耐性は、東日本産鶏肉由来株が西日本産鶏肉に比べて高い傾向が認められた。鶏肉由来 CTX 耐性大腸菌の耐性薬剤数を表 9 に示す。4 剤以上の薬剤に耐性を示す株が 37 株中 36 株 (97.3%) を占めた。8 もしくは 9 剤に対して耐性を示した株の割合は東日本産鶏肉由来株で 50% (7/14)、西日本産鶏肉由来株で 13.6% (3/22) を示し両群間の割合は優位差 ($p<0.05$) があると判定された。一方、6 もしくは 7 剤に対して耐性を示した株の割合は、東日本産鶏肉由来株で 14.3% (2/14)、西日本産鶏肉由来株で 54.5% (12/22) であり、両群間の割合は優位差 ($p<0.05$) があると判定された。

4) 薬剤耐性研究センターへの菌株送付

2025 年度に、本研究事業で分離したサルモネラ 56 株、カンピロバクター 64 株、CTX 耐性大腸菌 76 株については、「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」に収載するデータとして、ゲノム配列を取得するため菌株もしくはゲノム DNA を薬剤耐性研究センターに送付した (表 10)。

2. 2023 年度分離株の詳細解析

(1) サルモネラ pESI-like プラスミド構造と耐性遺伝子の解析

pESI plasmid はニワトリ由来の *S. Infantis* で報告された巨大プラスミドであり、*S. Schwarzengrund* においても類似プラスミドの存在が報告されている。2023 年度に本事業で分離した株は全て pESI-like plasmid を保有していた (データ示さず)。東日本において感受性クロンの維持が示唆されたことから、その保有プラスミド構造を構築し解析した結果、薬剤耐性遺伝子がコードされるクラス I インテグロン領域の欠失が示唆された (図 3)。また、当該年度分離株からは、サルモネラでの報告が少ないプラスミド性キノロン耐性遺伝子 (*qnrB19* または *qnrS1*) 保有株が見出された (データ示さず)。そこで、感受性株およびこれら耐性遺伝子保有株について完全長配列の決定を行った。具体的には、感受性 *S. Schwarzengrund* 16 株および耐性遺伝子保有株 8 株の long-read 配列を取得し、ハイブリッドアセンブリにより 19 株の完全長ゲノム配列を決定した (図 4)。

(2) 鶏肉由来カンピロバクターとカモ由来カンピロバクターの比較解析

近年、捕獲数が増加しているカモ類由来株について、鶏肉由来株との比較解析を行った。2023 年に分離した株の SNP 系統樹および薬剤感受性試験の結果を図 5 に示す。

鶏肉由来株とカモ由来株は明確に異なるクラスターを形成していた。鶏肉由来株の主要なクローナルコンプレックス (CC) は CC21、CC45、CC48、CC353 であったのに対し、カモ由来株では CC692 を除き大部分が unassigned であった。また、カモ由来株は枝長が短く、集団内の遺伝的多様性が低いことが示唆された。薬剤感受性においては、鶏肉由来株の主要 CC でフルオロキノロン耐性率が高かったのに対し、カモ由来株では耐性株は 1 株のみであった。なお、食肉処理場近辺で捕獲されたカモ由来の 1 株 (9623) は、鶏肉由来株と近縁であった。

(4) 鶏肉由来 ESBL 産生腸内細菌目細菌の詳細解析

2023 年に鶏肉から分離され、ESBL 遺伝子の保有が確認された大腸菌 24 株および *K. pneumoniae* 2 株 (R6 年度報告書) について伝達試験を行った。結果を表 11 に示す。大腸菌 24 株中 11 株でトランスコンジュガントが得られ、複数の薬剤耐性が伝達されることが確認された。一方、今回の条件では *K. pneumoniae* からはトランスコンジュガントは得られなかった。また、NA 耐性は伝達が確認されたが、CPFX 耐性の伝達は認められなかった。

また、これら鶏肉由来 ESBL 産生大腸菌の主要な ST (ST10、ST69、ST162 および ST2792) について、薬剤耐性研究センターよりヒト由来 ESBL 産生大腸菌株のゲノムデータの提供を受け、鶏肉由来株との関連解析を行った。ST69 においては、ヒト由来株は *bla*_{CTX-M} 型や AmpC 型など多様な耐性遺伝子を保有していたのに対し、鶏肉由来株 6 株は全て *bla*_{CTX-M-14} を保有し、単一のクラスターを形成していた。このクラスターには、同じく *bla*_{CTX-M-14} を保有するヒト由来株 4 株も含まれていた (誌上発表前のためデータは示さず)。当該クラスターに属する ST69 計 10 株のペアワイズ SNP 分布を図 6 に示す。ヒト由来株は鶏肉由来株と比較して遺伝的多様性が低い傾向を示した。一方で、ヒト由来株と鶏肉由来株の比較において、鶏肉由来株間の SNP 距離よりも小さい組み合わせ (赤丸) が認められ、両者の近縁性が示唆された。同様の解析を行った結果、ST2792 においても鶏肉由来株と関連が示唆されるヒト由来株の存在が認められた (誌上発表前のためデータは示さず)。

D. 考察

1. 市販国産鶏肉におけるサルモネラ、カンピロバクター及び CTX 耐性大腸菌の汚染実態調査

2025 年度調査においても、これまでと同様に、

サルモネラ、カンピロバクターおよび CTX 耐性大腸菌はいずれも一定以上の頻度で分離され、鶏肉がこれら食中毒起因菌および薬剤耐性菌の重要なリザーバーであり継続したモニタリングの必要性が改めて確認された。

サルモネラにおいては、分離株の大部分を *S. Schwarzengrund* が占めており、本血清型が国内鶏肉において優勢である状況が再確認された。一方、カンピロバクターでは分離株はすべて *C. jejuni* であり、*C. coli* は検出されなかった。薬剤耐性の観点では、サルモネラではフルオロキノロン耐性や第三世代セファロスポリン耐性は認められなかった。一方、CTX 耐性大腸菌については、分離過程で CTX を添加しているため β ラクタム耐性が前提となるが、それに加えて SM、KM、TC など複数の薬剤に対する耐性が高頻度に認められ、多剤耐性の集積が示唆された。また、カンピロバクターではフルオロキノロン耐性が一部に認められたものの、マクロライド系耐性は検出されず、临床上重要な薬剤に対する耐性は比較的低頻度であった。

産地別の比較では、これまでの調査と同様に、CTX 耐性大腸菌およびカンピロバクターの分離率はいずれも西日本産鶏肉で高い傾向が継続して認められた。一方、サルモネラの分離率には有意差は認められなかったものの、薬剤耐性のパターンには地域差が認められ、西日本産由来株で多剤耐性率が高い傾向が維持されており、東日本産由来株では西日本産由来株では認められなかった感受性株が高頻度で確認された。これらの結果は、地域ごとの飼育環境、抗菌薬使用状況、あるいは流通過程の違いが菌の分布や耐性獲得に影響している可能性を示している。

以上より、市販鶏肉における細菌汚染および薬剤耐性の状況は、菌種および地域ごとに特徴的なパターンを示し、それらが複数年にわたり一貫して観察されることから、一定の傾向として確立しつつあることが示唆された。これらの知見は、鶏肉を介した食中毒および薬剤耐性菌の伝播リスクを評価する上で重要な基礎データとなると考えられる。

2. 2023 年度分離株の詳細解析

2023 年度分離株の詳細解析により、鶏肉由来細菌における薬剤耐性の遺伝学的背景および宿主・環境との関連について、いくつかの特徴的な傾向が明らかとなった。

サルモネラにおいては、分離株が共通して pESI-like プラスミドを保有していたことから、本プラスミドが国内鶏肉における *S. Schwarzengrund* の拡散に関与している可能性が改めて示唆された。一方で、東日本において維持されている感受性クローンでは、pESI-like plasmid 上の薬剤耐性遺伝子を担うクラス I インテグロン領域の欠失が示唆された。このことは、当該プラスミドが耐性以外の選択圧への適応能を有する可能性を示唆する。

また、一部の株でプラスミド性キノロン耐性遺伝子 (*qnr*) が検出されたことから、サルモネラにおいても低頻度ながら新たな耐性遺伝子の流入が生じている可能性が考えられた。これらの株については、完全長ゲノムを取得したことからプラスミド構造の詳細な解析を進める予定である。

カンピロバクターにおいては、鶏肉由来株とカモ由来株が明確に異なる系統クラスターを形成し、遺伝的にも分離した集団であることが示された。特にカモ由来株では遺伝的多様性が低く、かつフルオロキノロン耐性株がほとんど認められなかったことから、現時点では養鶏場と野生カモ間でのカンピロバクター伝播が起こっている可能性は低いと考えられた。一方、食肉処理場近辺で捕獲されたカモ由来株の一部が鶏肉由来株と近縁であったことは、菌の伝播の可能性を示唆するものであり、継続した調査の必要性が確認された。

ESBL 産生腸内細菌目細菌においては、伝達試験の結果、ESBL 遺伝子を含む β ラクタム耐性は比較的高頻度に接合伝達される一方で、すべての薬剤耐性が同時に伝達されるわけではなく、耐性遺伝子が複数の遺伝要素に分散して存在する可能性が示唆された。特に NA 耐性は伝達された一方で CPFX 耐性は伝達されなかったことから、キノロン耐性においてはプラスミド性遺伝子と染色体変異が異なる機構として関与している可能性が考えられた。さらに、ヒト由来株との比較解析により、特定の ST において鶏肉由来株とヒト由来株の間に遺伝的近縁性が認められた。特に ST69 では、鶏肉由来株が共通の *bla*_{CTX-M-14} を保有し単一クラスターを形成するとともに、同一クラスター内にヒト由来株も含まれていた。また、一部の株間では鶏肉由来株間よりも短い SNP 距離が認められたことから、両者の関連性が強く示唆された。同様の傾向は ST2792 においても認められた。鶏肉由来株からは、ESBL のパンデミッククローンである ST131 は確認されていないものの、ヒト由来株との間に一定の関連性が示唆される ST69 や ST2792 が確認されることから、これら ST の動向には継続したモニタリングが必要である。

E. 結論

市販国産鶏肉において、サルモネラ、カンピロバクター、ESBL 産生大腸菌などの食中毒起因菌および薬剤耐性菌は複数年にわたり一定の頻度で検出され、その汚染状況および薬剤耐性パターンには地域差を含めた一定の傾向が形成されつつあることが示された。さらに、分離株の詳細な分子疫学解析により、耐性遺伝子の伝播機構やヒト由来株との遺伝的関連性が示唆され、食品を介した薬剤耐性菌伝播の理解に重要な知見が得られた。

F. 健康危険情報

なし

G. 研究発表

1. 論文発表

- 1) Sasaki Y, Ohya K, Momose Y, Uema M, Ikeda T, Sasaki M, Asai T. "Serovars and antimicrobial resistance of Salmonella in food workers and livestock products: Insights into foodborne transmission pathways in Eastern Japan." *Pathogens* 14(10):958, 2025.

2. 学会発表

- 1) Kitamura N, Shinomiya H, Kawanishi M, Konishi N, Ohya K, Tomita H, Semba K, Asano Y, Kimura C, Sekiguchi H, Ozawa M, Ishihara K, Kurushima J, Tanimoto K, Nomura T, Hashimoto Y, Foodborne AMR Research Group of Public Health Institutes, Asai T, Watanabe H, Sugawara Y, Yahara K, and Sugai M. "Genomic surveillance identifies potential transfer of antimicrobial-resistant foodborne pathogens", 第 99 回日本細菌学会総会, 広島, 2026 年 3 月 20-22.
- 2) 川口永遠, 鎌田佳叶乃, 落合六花, 金高陶子, 古谷陽子, 小川美保, 坂田竜二, 大屋賢司, 佐々木瑞希, 佐々木貴正: 九州地方におけるブロイラー由来カンピロバクター株の性状解析, 第 18 回日本カンピロバクター研究会総会, 帯広, 2025 年 12 月 19-20 日.
- 3) 佐々木貴正, 古谷陽子, 佐々木瑞希, 大屋賢司, 浅井鉄夫: 市販鶏肉の多剤耐性サルモネラとセフトキシム耐性大腸菌汚染, 第 46 回日本食品微生物学会学術総会, 川崎, 2025 年 9 月 18~19 日.
- 4) 大屋賢司, 石原加奈子, 菅原庸, 矢原耕史, 北村徳一, 林克彦, 菅井基行, 工藤由起子, 大西貴弘: 国産鶏肉由来サルモネラの薬剤耐性とゲノム系統解析に基づく地域的・季節的特徴, 第 46 回日本食品微生物学会学術総会, 川崎, 2025 年 9 月 18 日~19 日.
- 5) 大屋賢司, 渡辺麻衣子, 森部絢嗣, 小林由美, 山口剛史, 林克彦, 西角光平, 石原加奈子, 大西貴弘, 市販鶏肉及び野生カモ類におけるカンピロバクターの分布と薬剤耐性, 第 168 回日本獣医学会各術集会, 宮崎, 2025 年 9 月 3~6 日.
- 6) 佐々木貴正, 佐々木瑞希, 池田徹也, 大屋賢司, 浅井鉄夫: 北海道産豚レバーのサルモネラ汚染状況と分離地の性状, 2025 年十勝獣医師会総会, 帯広, 2025 年 6 月 10 日.

- 7) 大屋賢司，アヘロ・クリスティーン，菅原庸，矢原耕史，北村徳一，林克彦，工藤由起子，大西貴弘，菅井基行，石原加奈子：国産鶏肉における第3世代セフェム耐性腸内細菌科細菌の汚染調査，第98回日本細菌学会総会，金沢，2025年5月28～31日．

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

表1 2025年度汚染実態調査
(農工大・石原先生、国衛研で分離・解析分)

検体	95検体：5月（15）、8月（25）、10月（10）、12月（20）、1月（25）
対象食品	国産鶏肉（皮）
検体購入	国衛研・農工大：東京・神奈川の店舗
検体の産地	北海道、青森、岩手、新潟、千葉 鳥取、徳島、福岡、宮崎、鹿児島
分離対象	サルモネラ、CTX耐性大腸菌、カンピロバクター
MIC値測定	サルモネラ、CTX耐性大腸菌：ABPC, CEZ, CTX, ACV, GM, MEPM, SM, KM, TC, CP, NA, CPF, ST, CL（14剤） カンピロバクター：ABPC, IPM, SM, KM, GM, EM, CLDM, CP, TC, DOXY, NA, CPF（12剤）

表2 国産鶏肉からのサルモネラ分離率*

産地	検体数	サルモネラ 陽性数	陽性率（%）
東日本	54	36	66.7
西日本	36	17	47.2
産地不明	5	4	80
全体	95	57*	60

* Infantisが3検体、UntypeableとPotsdamが1検体ずつ分離された以外は全てSchwarzengrundであった。

表3 国産鶏肉由来S. Schwarzengrundの薬剤耐性状況
(2025年10月分離株までの結果)

薬剤	東日本産 (13株)		西日本産 (9株)		全体 (24株)	
	耐性株数	耐性率	耐性株数	耐性率	耐性株数	耐性率
ABPC	0	0	0	0	0	0
CEZ	0	0	0	0	0	0
CTX	0	0	0	0	0	0
ACV	0	0	0	0	0	0
MEPM	0	0	0	0	0	0
GM	0	0	0	0	0	0
SM*	3	23.1	8	88.9	12	50
KM*	3	23.1	7	77.8	10	41.7
TC*	3	23.1	8	88.9	12	50
CP	0	0	0	0	0	0
NA	4	30.8	1	11.1	6	25
CPFX	0	0	0	0	0	0
ST*	0	0	5	55.6	5	20.8
CL	0	0	0	0	0	0

* Fisherの正確確率検定で東西間に有意差あり ($p<0.05$)

表4 国産鶏肉由来S. Schwarzengrundの薬剤耐性プロファイル
(2025年10月分離株までの結果)

薬剤	東日本産 (13株)		西日本産 (9株)		全体 (24株)	
	耐性株数	割合	耐性株数	割合	耐性株数	割合
SM, KM, TC, NA	1	7.7	1	11.1	2	8.3
SM, KM, TC, ST	0	0	4	44.4	4	16.7
SM, KM, TC	0	0	1	11.1	1	4.2
SM, TC, NA	2	15.4	0	0	3	12.5
SM, TC, ST	0	0	1	11.1	1	4.2
SM, TC	0	0	1	11.1	1	4.2
KM	2	15.4	1	0	3	12.5
NA	1	7.7	0	0	1	4.2
Susceptible	7	53.8	0	0	8	33.3

表5 国産鶏肉からのカンピロバクター分離率

産地	検体数	カンピロバクター陽性数	陽性率 (%)
東日本	54	19	35.2*
西日本	36	21	58.3*
産地不明	5	3	60
全国	95	43	45.3

* Fisherの正確確率検定で東西間に有意差あり ($p<0.05$)

表6 国産鶏肉由来カンピロバクターの薬剤耐性状況
(2025年12月分離株までの結果)

薬剤	東日本産 (12株)		西日本産 (14株)		全体 (28株*)	
	耐性株数	耐性率	耐性株数	耐性率	耐性株数	耐性率
ABPC	0	0	0	0	1	3.6
IPM	0	0	0	0	0	0
SM	0	0	0	0	0	0
KM	0	0	1	7.1	1	3.6
GM	0	0	0	0	0	0
EM	0	0	0	0	0	0
CLDM	0	0	0	0	0	0
CP	0	0	0	0	0	0
TC	0	0	4	28.6	4	14.3
DOXY	0	0	4	28.6	4	14.3
NA	2	16.7	1	7.1	4	14.3
CPFX	2	16.7	1	7.1	4	14.3

*産地不明鶏肉からの分離株2株を含む。

表7 国産鶏肉からのCTX耐性大腸菌分離率

産地	検体数	CTX耐性大腸菌 陽性数	陽性率 (%)
東日本	54	17	31.5*
西日本	36	27	75*
産地不明	5	1	20
全国	95	45	47.4

* Fisherの正確確率検定： $p<0.01$

西日本産鶏肉で有意に陽性率が高い

表8 国産鶏肉由来CTX耐性大腸菌の薬剤耐性状況
(2025年12月分離株までの結果)

薬剤	東日本産 (14株)		西日本産 (22株)		全体 (37株*)	
	耐性株数	耐性率	耐性株数	耐性率	耐性株数	耐性率
ABPC	14	100	22	100	37	100
CEZ	14	100	22	100	37	100
CTX	12	85.7	22	100	35	94.6
ACV	5	35.7	1	4.5	6	16.2
GM	0	0	2	9.1	2	5.4
MEPM	0	0	0	0	0	0
SM	10	71.4	16	72.7	27	73.0
KM	8	57.1	18	81.8	27	73.0
TC	11	78.6	15	68.2	26	70.3
CP	6	42.9**	3	13.6 **	10	27.0
NA	8	57.1***	5	22.7***	14	37.8
CPFX	4	28.6**	2	9.1 **	6	16.2
ST	4	28.6	7	31.8	11	29.7
CL	0	0	0	0	0	0

*産地不明鶏肉からの分離株1株を含む。 **統計学的有意差なし。 ***Fisherの正確確率検定 $p<0.05$

表9 国産鶏肉由来CTX耐性大腸菌の耐性薬剤数
(2025年12月分離株までの結果)

耐性薬剤数	全体 (37株*)		東日本産 (14株)		西日本産 (22株)	
	株数	割合	株数	割合	株数	割合
9	4	10.8	3	21.4	1	4.5
8	6	16.2	4	28.6	2	9.1
9 or 8	10	27.0	7	50**	3	13.6**
7	9	24.3	1	7.1	7	31.8
6	6	16.2	1	7.1	5	22.7
7 or 6	15	40.5	2	14.3**	12	54.5**
5	7	18.9	3	21.4	4	18.2
4	4	10.8	2	14.3	2	9.1
3	1	2.7	0	0	1	4.5

*産地不明鶏肉からの分離株1株を含む。 **Fisherの正確確率検定 $p<0.05$

表10 AMRセンターへの2025年度分離検体の送付状況

菌種	送付形態	株数
サルモネラ	菌株	56
CTX耐性大腸菌	菌株	76
カンピロバクター	gDNA	64

表11 2023年鶏肉由来ESBL産生大腸菌の伝達試験結果*

Donar				Transconjugant
ST	ID	ESBL遺伝子	薬剤耐性	薬剤耐性
ST469 complex (ST162)	1E1	<i>bla</i> _{CTX-M-65}	ABPC, CEZ, CTX, SM, TC, CP, NA, CFX, ST	ABPC, CEZ, CTX, SM, TC, CP, NA, ST
ST469 complex (ST162)	37E1	<i>bla</i> _{CTX-M-14}	ABPC, CEZ, CTX, SM, KM, TC, NA, CFX, CL	ABPC, CEZ, CTX, NA
ST469 complex (ST162)	84E1	<i>bla</i> _{CTX-M-65}	ABPC, CEZ, CTX, SM, KM, TC, CP, NA, CFX, ST	ABPC, CEZ, CTX, SM, TC, NA, ST
ST469 complex (ST162)	86E1	<i>bla</i> _{CTX-M-65}	ABPC, CEZ, CTX, GM, SM, KM, TC, CP, NA, CFX, ST	ABPC, CEZ, CTX, TC, CP, NA, ST
ST10 complex (ST10)	69E1	<i>bla</i> _{CTX-M-14}	ABPC, CEZ, CTX, GM, SM, TC, NA, CFX, ST	ABPC, CEZ, CTX, SM, TC, NA, ST
ST10 complex (ST3107)	80E1	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	ABPC, CEZ, CTX, SM, KM, TC, CP, NA	ABPC, CEZ, CTX, KM, NA
ST117	44E1	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	ABPC, CEZ, CTX, SM, KM, TC	ABPC, CEZ, CTX, NA
ST118	79E1	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	ABPC, CEZ, CTX, TC	ABPC, CEZ, CTX, NA

*大腸菌24株、*K. pneumoniae* 2株の内、transconjugantが得られた結果を示す。レシピエントには、リファンピシン耐性DH5αを用いた。

サルモネラの分離

CTX耐性大腸菌の分離

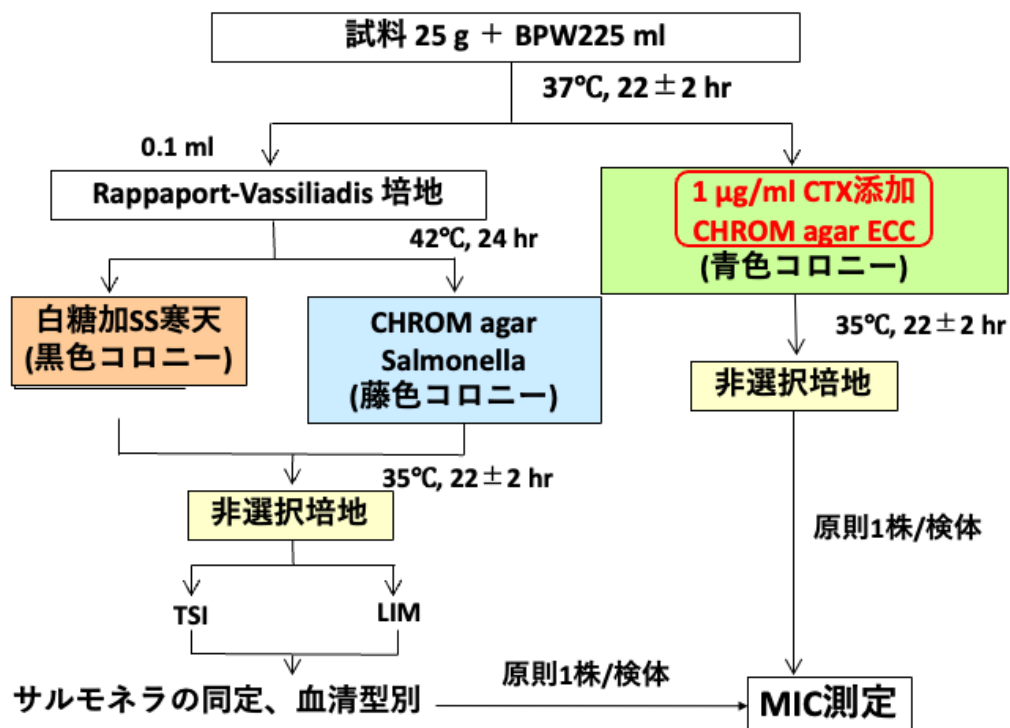


図1：サルモネラ・CTX耐性大腸菌の分離フロー

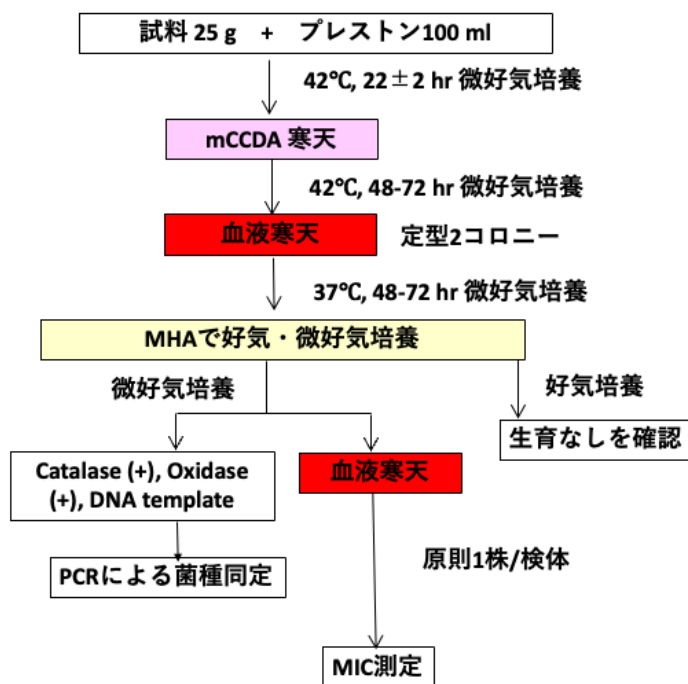


図2：カンピロバクターの分離フロー



図3 Short read配列から構築した血清型Schwarzengrund感受性株の
pESI-like plasmidの構造

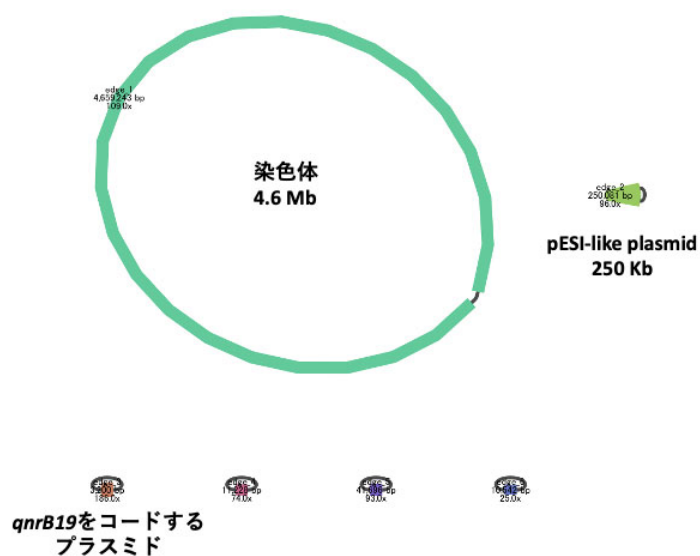


図4 サルモネラ感受性株の完全長ゲノムの取得例

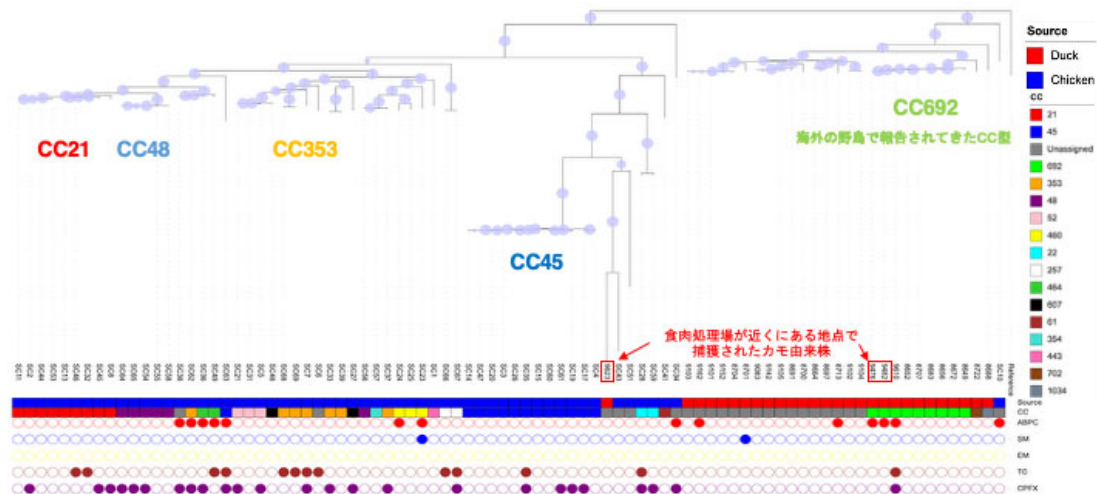


図5 鶏肉及びカモ由来*C. jejuni*のSNP系統樹並びに薬剤耐性

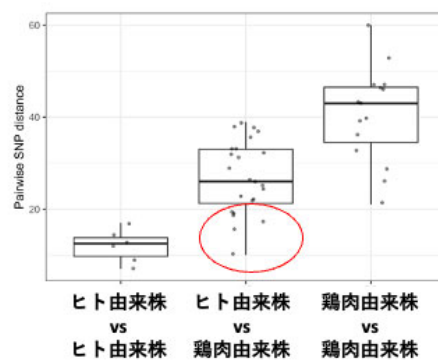


図6 *bla*_{CTX-M-14}保有ST69の鶏肉由来株およびヒト由来株におけるペアワイズSNP分布