

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)

ワンヘルス・アプローチに基づく食品由来薬剤耐性菌のサーベイランスと
伝播機序解明のための研究

令和7年度 総括研究報告書

研究代表者 菅井 基行

(国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 薬剤耐性研究センター長)

研究要旨

本研究は、「薬剤耐性（AMR）対策アクションプラン2023-2027」およびWHOのGLASS2.0への対応を目的とし、動物性食品由来薬剤耐性菌の動向調査・耐性機序の解析体制を強化することを目的とした。全国の地方衛生研究所や大学等と連携し、サルモネラ、大腸菌、カンピロバクター、MRSA等の収集・薬剤感受性試験・全ゲノム解析（WGS）を実施。2024年度には、全国で収集した食品・ヒト由来計約1,000株以上の解析を行い、ESBL産生菌、*mcr*遺伝子保有菌、フルオロキノロン耐性株の地域差・伝播リスクを評価した。サルモネラやESBL産生菌では、ヒトと食品由来株のゲノム比較を行い、一部の株について食品を介したヒトへの伝播の可能性が示唆された。全データは薬剤耐性研究センターで統合管理され、「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」およびGLASS2.0への提出に向けた基盤情報として整備された。

研究分担者：

菅原 庸	国立健康危機管理研究機構 室長	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センター
久恒 順三	国立健康危機管理研究機構 室長	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センター
矢原 耕史	国立健康危機管理研究機構 室長	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センター
四宮 博人	愛媛県立衛生環境研究所	所長	
大屋 賢司	国立医薬品食品衛生研究所	衛生微生物部 第一室長	
小西 典子	東京都健康安全研究センター	微生物部食品微生物研究科	主任研究員
富田 治芳	群馬大学大学院医学系研究科	教授	
浅井 鉄夫	岐阜大学大学院連合獣医学研究科	教授	
川西 路子	農林水産省動物医薬品検査所	上席主任研究官	

菅井グループ研究協力者：

矢野 大和	国立健康危機管理研究機構	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センター 主任研究官
川上 小夜子	国立健康危機管理研究機構	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センター 非常勤研究員
北村 徳一	国立健康危機管理研究機構	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センター 主任研究官

鹿山 鎮男	国立健康危機管理研究機構 ター 室長	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
Liansheng Yu	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
林 航	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
森谷 晃	日本医科大学大学院医学研究科 助教 兼 国立健康危機管理研究 機構 国立感染症研究所 薬剤耐性研究センター 協力研究員		
Hazim Khalifa	United Arab Emirates University Assistant Professor 兼 国立 健康危機管理研究機構 国立感染症研究所 薬剤耐性研究センター 協力研究員		
岩尾 泰久	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
黒木 香澄	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
瀬川 孝耶	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
沓野 祥子	国立健康危機管理研究機構 ター 研究員	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
中野 哲志	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
佐藤 優花里	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
近藤 恒平	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
左 弁	国立健康危機管理研究機構 ター 主任研究官	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
小出 将太	国立健康危機管理研究機構 ター 研究員	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
坂本 典子	国立健康危機管理研究機構 ター 非常勤職員	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
Elahi Shaheem	国立健康危機管理研究機構 ター 非常勤職員	国立感染症研究所	薬剤耐性研究センタ
荒井 千夏	国立健康危機管理研究機構 ター 非常勤研究員	国立感染症研究所	薬剤耐性研究セン
島本 整	広島大学大学院統合生命科学研究科食品生命科学プログラム 教授		
松尾 美樹	広島大学大学院大学院医系科学研究科 准教授		

A. 研究目的：

「薬剤耐性（AMR）対策アクションプラン」は 2023 年に改定され、「薬剤耐性（AMR）対策アクションプラン 2023-2027」が発出された。アクションプランの中では継続してヒト、動物（家畜含）、農業、食品、及び環境の各分野において薬剤耐性菌の動向を把握し、薬剤耐性に関する施策を評価し、課題を明らかにすることが謳われており、食品関係では、食品中の薬剤耐性菌の動向調査・監視体制の確立に向けた調査研究を実施してきた。厚労省は「薬剤耐性ワンヘルス動向調査

検討会」を立ち上げ、省横断的な薬剤耐性サーベイランスの成果を総合的にまとめ、年次報告書を作成し、報告書として公開してきた。また、WHO は加盟国の特定の病原菌に関する AMR データを収集する Global Antimicrobial Resistance Surveillance and Use System (GLASS)を推進し、年次報告を公開しており、わが国は GLASS にデータを提出し協力している。WHO の新しいサーベイランス GLASS2.0（2024 年 1 月時点で詳細仕様は検討中）では、従来の感受性データに加えて薬剤耐性遺伝子のデータ提出も各国に求められる予定である。

これらのデータ提供に対応するため、わが国では動物性食品に係る薬剤耐性菌の実態、薬剤耐性機序等に関連する専門家を研究分担者として平成27～29年、平成30～令和2年、令和3～5年の3期にわたる厚生科学研究により、国、全国地方衛生研究所、大学等の試験研究機関の協力によって動物性食品由来細菌の薬剤耐性サーベイランスの体制の構築を行い、「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」、GLASS への報告を実施して来た。また耐性菌や耐性遺伝子のセクターを超えた移動を解析するためには感受性データに加えて収集株の全ゲノム解析(NGS)が必要となる。第3期では菌株収集・解析耐性を構築してきた。研究班では1) 今まで培われて来たサーベイランスを実施する各種研究機関、大学等の専門家のネットワークを用いて実施体制の強化を行い、2) 動物性食品の薬剤耐性菌の動向調査・薬剤耐性機序に関する研究を実施し、3) その知見を「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」、GLASS2.0 に提供することを目的とする。

B. 研究方法：

研究目的にある1)～3)のことを達成するために以下の計画で行った。

1) 食品に関連する薬剤耐性菌情報の収集・解析体制の強化

(a) サーベイランスを効率的に実施するために以下のグループを形成する：地方衛生研究所で扱う流通食品・ヒト由来検体(四宮、大屋、小西)、市販鶏肉検体(浅井、大屋)、食肉衛生検査所・検疫所由来検体(富田)、食肉処理場由来検体(鶏)・市販豚肉(浅井、久恒)、JVARMに参加する食肉処理場検体(川西)、ゲノムシーケンス及び統合解析(菅原、矢原、久恒)。

(b) WHOの要請に応じて、食品班で収集した菌株のゲノム解読・薬剤耐性遺伝子検出データも所定のフォーマットに変換し、WHOへの提出を可能にするためのプログラム開発を行う。さらに、当該データを解析しレポートを作成するプログラムの検討・開発を行う(矢原)(令和6年度)。研究班内での議論およびWHOからの要請に応じて、令和6,7年度に実施した解析・プログラム開発の改良を行う。

2) 動物性食品の薬剤耐性菌の動向調査・薬剤耐性機序に関する研究

(a) 地方衛生研究所で扱う流通食品・ヒト由来サルモネラ、病原大腸菌、カンピロバクターについて全国20-30か所の協力地方衛生研究所を選定し、確立したプロトコルに則り、菌株の収集、薬剤感受性試験を実施する(四宮、小西)(令和6～8年度)。

(b) 食肉衛生検査所および検疫所由来鶏肉検体からのESBL産生腸内細菌科細菌、AmpC産生腸内細菌科細菌、コリスチン耐性腸内細菌科細菌、カルバペネム耐性腸内細菌科細菌(CRE)、バンコマイシン耐性腸球菌(VRE)、リネゾリド耐性・低感受性腸球菌株の分離(検出)、バシトラシン耐性腸球菌(検出)と収集、薬剤感受性試験、耐性機序・染色体遺伝子型別を実施する(富田)(令和6～8年度)。

(c) 市販豚肉、鶏肉、牛肉由来メチシリン耐性ブドウ球菌(LA-MRSAを含む)を収集(MRSAの汚染菌量、部位別のMRSA汚染実態を検討)(令和4年)し、薬剤感受性試験を含む性状解析を実施する(浅井、久恒)(令和6～8年度)。市販鶏肉(主要な都市に流通する鶏肉)におけるESBL産生大腸菌汚染を検討(令和6～8年度)(浅井、大屋)、カンピロバクター、サルモネラ汚染の検討(令和6～8年度)(大屋)。食鳥処理場でと殺鶏の盲腸便と鶏肉におけるESBL産生大腸菌およびカンピロバクターの汚染状況および遺伝子型を調査(令和6～8年度)(浅井)。

(d) JVARMに参加すると畜場(牛・豚)、食鳥処理場の健康家畜由来株のプラスミド性コリスチン耐性遺伝子 *mcr* 保有株、ESBL産生菌、MRSA、カンピロバクター、サルモネラの収集、薬剤感受性試験、耐性機序・染色体遺伝子型別を実施する(川西)(令和6～8年度)。

(e) 健康人糞便からESBL産生大腸菌を分離し、健康人における耐性菌保有状況、薬剤感受性を明らかにする(小西)(令和6～8年度)。

(f) 各グループが実施するサーベイランスの分離株について薬剤耐性研究センターにおいてハイスループット多検体ゲノム解析システムを利用してゲノムデータを取得する(菅原)。

(g) 得られたゲノムデータは薬剤感受性測定データ、菌株とともに薬剤耐性菌バンクで一元管理し、ゲノムデータを元に保有耐性遺伝子、MLST、病原遺伝子について解析する(矢原、久恒)。結果について各グループと協働して「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」に提出する様式を検討する(令和6～8年度)。

(h) 食肉から分離された黄色ブドウ球菌についてヒト臨床分離株との比較解析を実施するとともに食中毒の原因となる腸管毒の多検体迅速測定法を整備し、動物由来黄色ブドウ球菌の薬剤耐性、病原性の評価を実施する(令和6～8年度)(久恒)。

3) 研究成果の「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」、GLASS2.0への提供

(a) 2)のデータを用いて「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書」、GLASS2.0へ提供する

(菅井)。

(b) フードチェーンにおける薬剤耐性菌の実態や汚染要因等の解明、および動物－食品－ヒト間での薬剤耐性菌や耐性遺伝子の伝播のリスク分析の基盤情報を提供する。

データの蓄積、解析には薬剤耐性研究センターを中心としたネットワークを活用した。令和 7 年度は 2 回の班会議を実施し、情報交換を行うとともに解明すべき事項について共同研究を実施し、研究班の目的を達成するための調整を行った (菅井)。

(倫理面への配慮)

本研究課題を遂行するにあたり、「人を対象とする生命科学・医学系研究に関する倫理指針」を遵守し実施した。

C. 研究結果:

四宮グループ

地方衛生研究所 (地衛研) で扱う流通食品及びヒト (有症者) 由来のサルモネラ、大腸菌、カンピロバクターの薬剤耐性状況を調査するため、全国 21 か所の協力地衛研 (研究協力者 68 人) を選定し、研究計画の倫理審査を経て、情報収集・解析体制を整備・強化した。全協力地衛研に共通のプロトコールに則り、2025 年に分離されたヒト (有症者) 及び食品由来サルモネラ 275 株、大腸菌 (病原性大腸菌を含む) 493 株、カンピロバクター/ジェジュニ・コリ 193 株の薬剤感受性試験を実施した。サルモネラ株と大腸菌株について、薬剤耐性遺伝子 (ESBL, AmpC, *mcr1-10*) の同定を行った。鶏肉由来サルモネラ株の薬剤耐性を担う可能性がある *irp2* 遺伝子保有プラスミドの探索をサルモネラ株について PCR 法で実施した。地衛研で薬剤感受性試験を行ったサルモネラ株について、研究代表者と共同でゲノム解析を実施した (2017-2024 年分離株の累計でヒト由来 855 株、食品由来 793 株、合計 1,647 株について実施)。薬剤耐性菌バンクへの登録も地衛研の同意を得て実施した。これらの研究成果を、厚労省「薬剤耐性ワンヘルス動向調査検討会」の年次報告書、及び WHO GLASS への報告資料 (サルモネラ属菌の感受性試験結果) を提供した。

大屋グループ

薬剤耐性研究センターでゲノム配列を取得した過年度分離株の個別解析を行っている。2023 年に国産鶏肉から分離した ESBL 産生大腸菌 24 株の接合伝達試験を行い、45.8% (11 株) で *bla*CTX-M

遺伝子、薬剤耐性が他の大腸菌に伝達することを確認した。また、薬剤耐性研究センターで過去に取得したヒト由来 ESBL 産生大腸菌株ゲノムデータの提供を受け、鶏肉由来株で主要な ST (ST10、ST69、ST162、ST2792) 毎に鶏肉由来株とヒト由来株の比較解析により、ST69 および ST2792 ではヒト由来株との関連性を示唆する結果をえた。なお、関連する演題を日本細菌学会で発表するとともに誌上発表の準備を行っている。

2023 年に国産鶏肉から分離したサルモネラについて、海外で血清型 *Infantis* の拡散に寄与しているとされるプラスミド pESI が国産鶏肉由来 *Schwarzengrund* の 100% に保有されていることを明らかにした。昨年度までに、東日本産鶏肉由来 *Schwarzengrund* の感受性株が大きなクラスターを形成することを明らかにしているが、これら感受性クラスター形成株では pESI 上の耐性遺伝子群が脱落していることを明らかにした。関連する演題を日本食品微生物学会で発表し、誌上発表準備を進めている。さらに、薬剤感受性 *Schwarzengrund* 16 株の長鎖配列を取得し 11 株の完全長ゲノムを決定することができた。今後、pESI 構造の詳細な解析を進める予定である。また、国内のサルモネラから報告の少ないキノロン耐性遺伝子 *qnrB19* 及び *qnrS1* 保有 8 株の完全長配列を決定した。

カンピロバクターに関しては、他の研究班 (国立医薬品食品衛生研究所・渡辺室長) が分離した野生カモ由来株と鶏肉由来株の比較解析を進めており、関連する演題を日本獣医学会で発表した。

2025 年度調査として、95 検体の国産鶏肉を購入し、サルモネラ、カンピロバクター、CTX 耐性大腸菌の分離、性状解析、MIC 測定を進めていた。2025 年度に本研究事業で分離したサルモネラ 56 株、CTX 耐性大腸菌 76 株、カンピロバクター gDNA 64 株分を薬剤耐性研究センターへ提供した。達成度は当初予定通りである。

小西グループ

2024 年に都内散発患者から分離された *C. jejuni* 60 株および *C. coli* 2 株を供試した。フルオロキノロン耐性は *C. jejuni* 46.7%, *C. coli* 0% であった。また、健康者糞便由来大腸菌の薬剤耐性菌出現状況を調査した結果、供試した 18 薬剤のいずれか 1 薬剤以上に耐性を示した株は 93 株 (40.6%) であった。薬剤別に耐性率をみると最も耐性率が高かったのは ABPC で 23.1%、次いで TC 19.2%、NA 17.5%、ST 合剤 16.2%、SM 13.1% であった。CPFX 耐性は 5.2%、CTX は 7.4% であった。2025 年に分離された市販鶏肉由来大腸菌の耐性率は、国産鶏肉、NA : 27.3%、CPFX : 13.1%、

CTX : 3.0%, 外国産, NA : 37.1%, CPFX : 14.3%, CTX : 11.4%であった。また輸入鶏肉由来 1 株から *mcr-1* 保有株が検出された。

富田グループ

2024 年 2～3 月に収集した国内産鶏肉 242 検体（北海道、宮城、新潟、茨城、群馬、静岡、愛知、兵庫、高知、山口、福岡、宮崎、鹿児島、沖縄）および輸入鶏肉 122 検体（ブラジル、タイ、米国、ニュージーランド、トルコ、フランス）の合計 364 検体について解析を行った。また 2025 年 2～3 月に収集した国内産鶏肉 300 検体（北海道、宮城、茨城、新潟、埼玉、群馬、山梨、静岡、愛知、兵庫、奈良、広島、山口、香川、愛媛、福岡、宮崎、鹿児島、沖縄）および輸入鶏肉 107 検体（ブラジル、タイ、アメリカ、フランス、スペイン）の合計 407 検体について解析を行った。収集した鶏肉検体から ESBL 産生菌、AmpC 産生菌、コリスチン耐性菌、CRE、VRE、リネゾリド耐性・低感受性腸球菌、バシトラシン耐性腸球菌の分離（検出）と薬剤感受性試験、耐性機序・染色体遺伝子型別を実施した。本調査で得られた食肉由来耐性株の代表株を薬剤耐性研究センターに送付し、WGS 解析を依頼した。2025 年度の鶏肉検体の収集のために全国の 15 自治体（22 の検査所）及び検疫所（2 カ所）の協力を得て、2026 年 2 月～3 月に国内産鶏肉 242 検体及び輸入海外産鶏肉 124 検体の合計 366 検体を収集した。

浅井グループ

市販肉におけるメチシリン耐性黄色ブドウ球菌（MRSA）の汚染、市販鶏肉における ESBL 産生大腸菌汚染および食鳥処理場で腸内容物中のサルモネラを調査した。

1. 市販肉におけるメチシリン耐性黄色ブドウ球菌（MRSA）の汚染調査：国内の小売店で牛肉（10 検体）、豚肉（150 検体：北海道・東北 49 検体、関東 40 検体、関西 19 検体、九州 42 検体）、鶏肉（105 検体：北海道・東北 19 検体、関東 30 検体、関西 14 検体、九州 42 検体）の計 265 検体を購入し、肉 25 g を 6.5%塩化ナトリウム加ミューラーヒントン培地（関東化学）25ml で増菌培養後、ポアメディア MRSA II 培地（栄研化学）に塗抹した。MRSA は豚肉 150 検体中 1 検体（0.6%）から分離された。鶏肉 105 検体および牛肉 10 検体からは分離されなかった。

2. 市販鶏肉における ESBL 産生大腸菌汚染調査：全国 5 地域（北海道、東北、中部、関西、九州）の小売店で、国産鶏肉（ムネまたはモモ）100 検体を購入し、鶏皮（不足する場合は鶏肉を

追加）25 g を等量の緩衝ペプトン水で懸濁ストマック処理した後、懸濁液を 10 倍段階希釈して菌量を測定（直接法）するとともに培地 200ml を追加して 37℃で増菌培養した。CTX 耐性大腸菌は国産鶏肉 100 検体中 52 検体から分離された（表 2）。購入地別では、北海道で 20%（2/10）、東北で 8.3%（1/12）、中部（静岡）で 52.9%（9/17）、関西 63.2%（12/19）および九州で 66.7%（28/42）で、中部（静岡）の陽性率は 50%以上であった。しかし、汚染菌量は、2CFU/g 以下が大部分を占めた。全体では、ストレプトマイシンやテトラサイクリンに対する耐性が 50%以上に認められた。東北以西ではカナマイシン耐性が高く、関西ではナリジクス酸とシプロフロキサシン耐性が低い傾向が認められた。中部のサンプルでゲンタマイシン耐性（9.9%）とコリスチン耐性（0.8%）が低率に認められた（表 4）。メロペネムに対する耐性は認められなかった。前課題で 4 カ所のスーパーマーケットで鶏肉を毎月購入して分離した CTX 耐性大腸菌のゲノム解析結果、MLST 型は 24 タイプ認められ、ST2792（61 株）が最も多く、次いで ST162（22 株）、ST602（15 株）、ST117（14 株）の順で認められた。ST2792、ST117、および ST162 は 4 店舗すべてで分離され、ST602 は 2 店舗で分離された。その他の ST 型は 1～2 回で認められた。ST2792 大腸菌 61 株は全て CTX-M-2 であったが、血清型は多様であった。ST602 大腸菌 15 株は全て CTX-M-15 で、-H21 であった。また、ST117 では CTX-M-14 産生株が O45:H18、CTX-M-2 産生株が O109:H10、ST162 では CTX-M-14 産生株が O8:H19、CTX-M-65 産生株が O9:H21 と、それぞれ特定の遺伝子型と血清型の対応が認められた。今後、2024～2025 年に分離した CTX 耐性大腸菌のゲノム解析を実施する予定である。

3. ブロイラー鶏群由来サルモネラの薬剤耐性と種鶏場・孵化場における抗菌薬使用との関連性を調べるため、9 食鳥処理場で 129 鶏群の盲腸内容物からサルモネラを分離した。サルモネラは 116 鶏群（89.9%、116 株）から分離され、103 株（88.8%）が Schwarzengrund、13 株（11.2%）が Manhattan であった。種鶏場と孵化場で抗菌薬を使用していない 16 鶏群（2 施設）から分離されたサルモネラは 10 鶏群（62.5%）で供試薬剤に感性であった。一方、種鶏場で TC と孵化場で SM もしくは KM を使用した 70 鶏群中 61 鶏群（61 株）から分離したサルモネラでは、60 株（98.4%）が TC 耐性を示した。孵化場で SM を使用した 19 鶏群中 18 鶏群（18 株）から分離したサルモネラでは、17 株（94.4%）が SM 耐性、KM を使用した 51 鶏群中 43 鶏群（43 株）から分離したサルモネラでは、38 株（88.4%）が KM 耐性を示した。このように、種鶏場・孵化場におけ

る抗菌薬使用は、ブロイラーに分布するサルモネラの薬剤耐性に関与することが示唆された。

川西グループ

1.令和5年度にと畜場又は食鳥処理場の健康家畜から分離したカンピロバクター属菌 221 株、サルモネラ属菌 134 株について、WGS 解析用に DNA を抽出した。令和5年度に分離されたと畜場の健康家畜由来大腸菌について、第3世代セファロスポリン耐性菌 1 株及びコリスチン耐性株 3 株について WGS 解析を実施し、ドラフトゲノム配列を得た。

2.令和5年度に分離された、コリスチンの MIC が $2\mu\text{g/mL}$ 以上の食鳥処理場由来大腸菌 3 株サルモネラ属菌 2 株についてコリスチン耐性遺伝子 *mcr-1*~*mcr-10* を multiplex PCR で検出した。大腸菌からはいずれも *mcr-1* 遺伝子が検出された。サルモネラ属菌からは *mcr* 遺伝子は検出されなかった。

矢原グループ

投稿中（現在査読コメントに対応し改稿中）のゲノム解析論文の内容を日本細菌学会で発表した。また、査読コメントに基いた追加解析を行った。具体的には、*Salmonella* と *Campylobacter* に関してパンゲノム解析、転移因子・病原因子解析、SNPs 解析と、*Salmonella* 株の主要血清型である Schwarzengrund と Infantis および多剤耐性遺伝子を高頻度に保有する Heidelberg に関して系統解析を追加した。パンゲノム解析では、*Salmonella* と *Campylobacter* におけるコア遺伝子（99%以上の株が共に保有する遺伝子）数の総遺伝子数に対する割合は、それぞれ血清型間又はクローナルコンプレックス間では異なるものの、両者の比較でその分布に違いは見られなかった。転移因子・病原因子解析では、ヒト由来株と食品由来株又は動物由来株との間で保有頻度が異なる因子に着目した。転移因子では、*Salmonella* において 190 因子が検出された一方、*Campylobacter* では 5 因子のみが検出された。病原因子では、*Salmonella* において 64 の接着関連因子を含む 80 因子が検出された一方、*Campylobacter* では運動性の 5 因子が検出された。SNPs 解析では、*Salmonella* 主要血清型のうち Schwarzengrund、Infantis、Typhimurium それぞれにおいて、ヒト由来株同士の SNP 数が、ヒト由来株と食品由来株間の SNP 数又はヒト由来株と動物由来株間の SNP 数と同程度であり、これら血清型ではヒト由来株と食品由来株又は動物由来株との遺伝的関連が推察された。*Campylobacter* の主要クローナルコンプレックスでは ST-48 complex において、ヒト由来株同士の

SNP 数よりもヒト由来株と食品由来株との間の SNP 数の方が小さく、食品由来株とヒト由来株との遺伝的関連が推察された。*S. Schwarzengrund*、*S. Infantis*、*S. Heidelberg* の系統解析では、公共データベースで取得した株も加え、本研究で収集した株の起源や保有耐性因子の由来等を考察した。改稿した原稿は再提出準備中である。

久恒グループ

分担研究者の浅井先生グループで R6 年度収集された市販豚肉由来 MRSA 10 株（5 つの食肉製品から分離株）に関するゲノム解析を実施して系統クローンの比較を実施し、ST398-MRSA-SCC*mecV* や ST5-MRSA-SCC*mecIV* が検出された。また、浅井先生により豚から分離されたメチシリン耐性 *Mammaliococcus sciuri* 約 230 株（R6 年度分離）についてゲノム解析によるヒト由来や動物由来、そして、環境由来株を系統比較した。その結果、*M. sciuri* の系統樹解析から MRSA と同じ *mecA* 遺伝子配列を保有する系統と保有しない系統が存在することがわかった。また、極めて稀な *mecC* 保有 *M. sciuri* 株が 1 株検出された。黄色ブドウ球菌由来エンテロトキシンの ELISA による定量法について、測定が安定しない毒素はペプチド抗体を作製を進めている。また、質量分析装置を用いた定量的プロテオミクス解析による多種 SEs の評価系構築を検討するため、消化酵素による断片化条件の予備検討により、Proteinase K による最適条件を設定することができた。

菅原グループ

各グループが実施したサーベイランスの分離株（鶏肉由来サルモネラ菌、大腸菌、腸球菌及びヒト由来大腸菌など 342 株）あるいは抽出 DNA（鶏肉・食鳥・牛由来カンピロバクター及び食鳥由来サルモネラ 398 株）、計 740 検体を感染研が受入れ、令和6年度の班研究で受領し解読が済んでいなかった検体（ヒト・食品由来サルモネラ菌など）を含めて、ゲノム解読を行い、一部は現在解読中である。

D. 考察:

本研究は、昨年に続き、我が国における「薬剤耐性ワンヘルス動向調査」の動物性食品由来耐性菌動向調査の中核的役割を担い、動物性食品を介した薬剤耐性菌の発生・伝播リスクの解明と、国際的なサーベイランス（GLASS2.0）への対応体制維持を目的として、実効的かつ多層的な調査・解析を展開した点で極めて意義深い。特に、地方衛生研究所や食肉衛生検査所、大学、研究機関との

ネットワークを通じ、流通食品、食肉処理場由来検体、ヒト由来検体など多様なサンプルを対象に全国規模のサーベイランスが統一的に実施されたことは、得られたデータの信頼性と比較可能性を高めたと言える。

本年は昨年に引き続き、各セクターにおけるゲノムデータの作出に主眼を置き、収集菌株のシーケンスデータの蓄積を行った。

また、WHO の GLASS2.0 に対応したデータ提出フォーマットや報告体制の整備も着実に進めた。

E. 結論

本研究は、食品を介した薬剤耐性菌の実態とリスクを科学的に明らかにし、国際的なサーベイランスへの対応体制構築にも貢献するなど、ワンヘルスの理念に基づく薬剤耐性対策の基盤強化に寄与すると考えられる。サーベイランスの継続により、隔年でのゲノム解析結果を得ることにより持続的な監視と国際協調のもとで食品由来 AMR 対策をさらに推進していくことが求められる。

F. 健康危険情報

特記すべき事項なし。

G. 研究発表

1. 論文発表

(1) 国内合計 2 件

1. 松田真理「動物用抗菌剤と使用量」動物用抗菌剤研究会会報 創立 50 周年記念号 (2025)
2. 川西路子「家畜および伴侶動物における耐性菌の現状」動物用抗菌剤研究会会報 創立 50 周年記念号 (2025)

(2) 海外合計 7 件

1. Hashimoto Y, Dao DT, Kasuga I, Takemura T, Abe H, Hasebe F, Nomura T, Kurushima J, Hirakawa H, Tanimoto K, Thai PD, Huy Tran H, Shibayama K, Suzuki M, Tomita H. Ongoing independent evolution of linezolid and vancomycin-resistance pELF-type linear plasmids across the One Health spectrum. *Antimicrob Agents Chemother*. 2025 Nov 18:e0116825.
2. Kurushima J, Nomura T, Ota N, Tomita H. Complete genomes of clade A1 and B *Enterococcus faecium* isolates harboring pHT β , a *vanA*-type vancomycin-resistant pMG1-like plasmid. *Microbiol Resour Announc*. 2025 Nov 13;14(11):e0068425.

3. Mimura K, Hashimoto Y, Kurushima J, Hirakawa H, Nomura T, Tanimoto K, Muratani T, Todokoro D, Akiyama H, Tomita H. First report of regional spreading and long-term inhabitation of VanD-type vancomycin-resistant *Enterococcus faecalis* clinical strains: A proposal of new classification of *vanD* gene subtypes. *J Glob Antimicrob Resist*. 2025 Sep;44:398-410.
4. Shimizu A, Kurushima J, Tanimoto K, Tomie N, Hashimoto Y, Nomura T, Ota N, Hirakawa H, Tomita H. Genomic dissection of nosocomial multiclonal-outbreak by carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* strains in a tertiary children's hospital in Japan. *J Glob Antimicrob Resist*. 2025 Sep;44:89-94.
5. 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*. 2025 Sep 23;14(10):958.
6. Ishihara K, Someno S, Matsui K, Nakazawa C, Abe T, Harima H, Omatsu T, Ozawa M, Iwabuchi E, Asai T. Determination of Antimicrobial Resistance Megaplasmid-Like pESI Structures Contributing to the Spread of Salmonella Schwarzengrund in Japan. *Antibiotics*. 2025; 14(3):288.
7. Sugiura M, Sugiyama M, Sasaki Y, Hisatsune J, Sugawara Y, Sugai M, Asai T. Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in retail pork in Japan and genetic characterization of lineage-specific Ψ SCC*mec* and novel *ccr* gene complexes in clonal complex 398. *Inter. J. Food Microbiol*. 2026 Mar 16;449:111605. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111605.

2. 学会発表、説明会等

(1) 学会発表

1. 平井真太郎, 木村千鶴子, 岡部愛理, 烏谷竜哉, 木村琴葉, 四宮博人: 国産鶏肉から分離されるサルモネラの薬剤耐性は主に *irp2* 陽性プラスミドにより獲得される. 第 78 回日本細菌学会 中国・四国支部総会. 広島 2025.9.27-28.
2. 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.

3. 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.
4. 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.
5. 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.
6. 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.
7. 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.
8. 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.
9. 村上昂, 小西典子, 糟谷文, 三関彩乃, 大谷彩恵, 小野明日香, 鈴木愛, 齊木大, 尾畑浩魅, 河村真保, 畠山薫, 三宅啓文, 新開敬行, 千葉隆司, 第 37 回関東甲信静細菌部会, 2026 年 1 月, 栃木県.
10. 小西典子: 腸管出血性大腸菌検査の問題点と同定のポイント, 第 37 回日本臨床微生物学会総会・学術集会, 2026 年 2 月, 千葉市.
11. 糟谷文, 小西典子, 河上麻美代, 小野明日香, 尾畑浩魅, 齊木大, 村上昂, 大谷彩恵, 三関彩乃, 畠山薫, 鈴木愛, 新開敬行, 貞升健志, 千葉隆司, 第 37 回日本臨床微生物学会総会・

学術集会, 2026 年 2 月, 千葉市.

12. 久留島潤, 菅井基行, 富田治芳. 鶏肉由来の薬剤耐性大腸菌の分子遺伝学的解析と潜在的リスクについて. 第 37 回日本臨床微生物学会. 2026/2/25, 口頭.
13. 浅井鉄夫 人と動物のつながりから考える、地域のワンヘルス・アプローチ（地方自治体の公衆衛生専門職向けパブリックヘルス・セミナー 2025 年 7 月 16 日、Global Business Hub Tokyo（千代田区）
14. 浅井鉄夫 動物由来薬剤耐性菌の制御を目標とした教育と研究（第 6 回 愛媛ワンヘルス研究会 2025 年 10 月 18 日、愛媛県医師会館（松山市））
15. 浅井鉄夫 ワンヘルス・アプローチで薬剤耐性菌を制御する（令和 7 年度第 63 回愛知県獣医師会学術研究発表会特別講演、2026 年 3 月 8 日、ウイंकあいち（名古屋市））
16. 川西路子「獣医分野から波及させる AMR One Health アプローチの実践と課題」第 168 回日本獣医学会学術集会 公衆衛生学シンポジウム（2025 年 9 月）
17. 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（2025 年 9 月）

(2) 業界関係者向け説明会

1. 細井悠太「鶏における薬剤耐性菌の動向」令和 7 年度家畜衛生講習会（鶏疾病特殊講習会）（2025 年 6 月）
2. 原田 咲「豚における薬剤耐性菌の動向」令和 7 年度家畜衛生講習会（豚疾病特殊講習会）（2025 年 7 月）
3. 川西路子「家畜における薬剤耐性について」令和 7 年度家畜衛生研修会（細菌部門）（2025 年 7 月）
4. 関口秀人「薬剤耐性対策アクションプランと JVARM の取り組み」第 45 回飼料の安全性に関する検討会（2025 年 8 月）
5. 川西路子「動物分野の薬剤耐性 AMR 対策とワンヘルスの取組について」茨城県公衆衛生獣医師協議会研修会（2026 年 2 月）
6. 川西路子 国際獣疫事務局（WOAH）主催「Introduction of Integrated AMR/AMU Surveillance and Risk-Based AMR Management in Japan」抗菌薬使用（AMU）

および薬剤耐性（AMR）に関する監視データを
を活用し、政策決定に役立てるための アジア
太平洋地域におけるワークショップ、タイ・
バンコク（2025 年 11 月）

3. その他

耐性菌データの国内・国外への発信：

国内においては「薬剤耐性ワンヘルス動向調査年
次報告書」にデータを提供した。

国 外 で は WHO Global Antimicrobial
Resistance and Use Surveillance System
(GLASS2.0)に対応したデータを提供した。

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。