2026 年 11 月9日
Japan Institute for Health Security
国立健康危機管理研究機構

ヒトと食品の間で高い関連性のある薬剤耐性菌を検出

～ワンヘルスゲノムサーベイランスによる異分野統合解析～

発表のポイント

- 食品媒介病原性細菌の薬剤耐性は公衆衛生における懸念事項の一つです。
- 日本全国の食品、動物、ヒトから収集した非チフス性サルモネラ(1,613 株)、カンピロバクター(682 株)、腸球菌(72 株)のゲノム解析を行い、薬剤耐性遺伝子等の分布を示しました。
- サルモネラとカンピロバクターにおいて、ヒト由来株と食品由来株から、医療上重要な抗菌薬に対する耐性遺伝子や耐性変異を共有し、ゲノム配列の違いが極めて小さいペアを検出し、ヒトと食品の間で高い関連性を持つ薬剤耐性菌の存在を明らかにしました。
- 薬剤耐性に着目して異なる分野間の統合解析を行い、国レベルで行うワンヘルスゲノムサーベイランスの一つのモデルを提示しました。

概要

食品媒介病原性細菌は食中毒や胃腸炎の原因菌で、通常、動物の消化管や環境中に生息しています。ヒト感染の感染源の特定や病原体の監視のために、幾つかの国では食品媒介病原性細菌の大規模なゲノムサーベイランスが行われています。しかし、ヒトと食品あるいは家畜動物などとの間で、それらに由来する細菌の遺伝的近縁性と薬剤耐性の両方に着目した研究は報告されていません。

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　北村徳一　主任研

究員、菅原庸 室長、矢原耕史 室長、菅井基行 センター長（当時、現主任研究員）、愛媛県立衛生環境研究所 四宮博人 所長、動物医薬品検査所 川西路子 上席主任研究官、東京都健康安全研究センター 小西典子 副参事研究員、国立医薬品衛生研究所 大屋賢司 室長（当時、現麻布大学教授）、群馬大学 富田治芳 教授、東京農工大学 石原加奈子 准教授、岐阜大学 浅井鉄夫 教授、渡邉治雄 元国立感染症研究所所長らの共同研究グループは、ヒト・食品・動物から分離した非チフス性サルモネラ（1,613 株）、カンピロバクター（682 株）、腸球菌（72 株）の全ゲノム配列を比較し、非チフス性サルモネラとカンピロバクターにおいて、医療上重要な耐性遺伝子や耐性変異を保有する近縁な食品由来株とヒト由来株の組合せを検出しました。この結果から、非チフス性サルモネラとカンピロバクターにおいて食品とヒトには高度に関連する薬剤耐性菌が存在していることが明らかになりました。本研究は、ワンヘルスアプローチによるゲノムサーベイランスの有効性を示し、国レベルで行う食品媒介病原性薬剤耐性菌サーベイランスのモデルを提供しました。

研究の背景

食品媒介病原性細菌は、食中毒や胃腸炎を引き起こし、治療には抗菌薬を用いる場合もあり、薬剤耐性は世界的な問題の一つになっています。食品媒介病原性細菌は動物の消化管や環境に生息しているため、薬剤耐性の実態把握や対策を立てるためには、ヒト・動物・環境の健康・健全性を全体で考えるワンヘルス（注1）的アプローチが有効です。

ワンヘルスの視点から食品媒介病原性細菌のゲノムサーベイランスが欧米等の国々で行われていますが、ヒト・食品・動物の各分野を横断的に統合解析した例は少なく、特に国レベルで行ったゲノムサーベイランスで、ヒト感染株と食品等他分野に由来する株との間で遺伝的近縁性と薬剤耐性の両方にフォーカスした研究は報告されていません。

研究の手法・成果

研究グループは、日本全国からヒト・食品・動物（家畜動物）から分離した非チフス性サルモネラ（注 2）（1,613 株）、カンピロバクター（682 株）、腸球菌（72 株）を収集し、ゲノム解読を行いました。得られたゲノム配列の違いに基づき系統樹を作成し、また、どの株が薬剤耐性に寄与する遺伝子又は変異を保有しているかを調べました。

サルモネラでは、食品（主に鶏肉）と動物（鶏の盲腸便）に由来する株の中で主要な血清型（注3）である Schwarzengrund や Infantis に分類された株ではテトラサイクリン、トリメトプリム、カナマイシンに対する耐性遺伝子が広く保有される一方、ESBL 又は *ampC* 遺伝子（注 4）、ホスホマイシン耐性遺伝子、マクロライド耐性遺伝子は全体の数%の株でのみ保有されていました（図 1）。

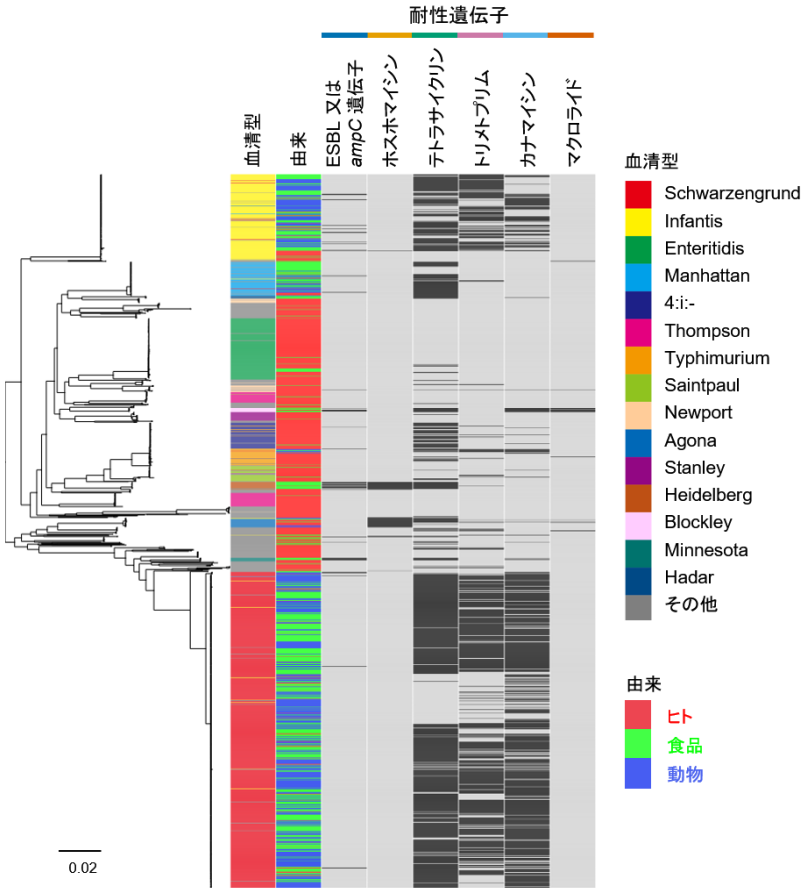


図1. 非チフス性サルモネラ1613株のゲノム配列から作成された系統樹（左側）と対応する菌株情報（右側）。耐性遺伝子の保有を黒、非保有を灰色で示す。

このうち、医療上重要で注目されている耐性遺伝子（ESBL 又は *ampC* 遺伝子、ホスホマイシン耐性遺伝子、マクロライド耐性遺伝子）を保有し、ヒト由来と食品由来、又はヒト由来と動物由来のペアでゲノム配列の違いが小さいものを探索しました。その結果、血清型 Blockley と Agona の株それぞれにおいて、食品由来株とヒト由来株で医療上重要な耐性遺伝子（Blockley 株：ESBL 遺伝子、Agona 株：ホスホマイシン耐性遺伝子）を共に保有し、近縁（異なる塩基数が 15 以下）な株のペアが見つかりました（図 2 の A クラスターと B クラスター）。

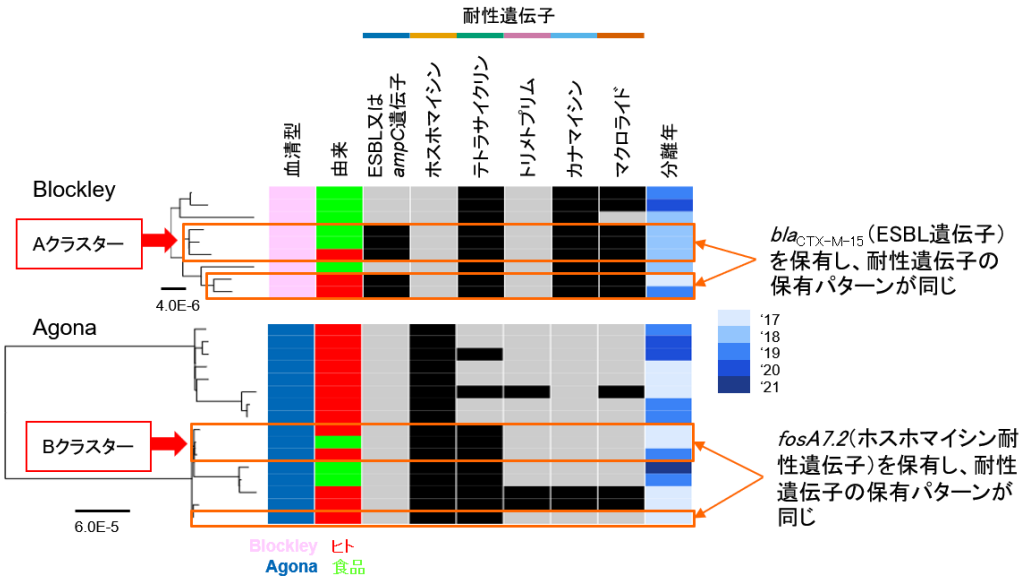


図2. ヒトと食品に由来する血清型Blockley（上側）とAgona（下側）の株のゲノム配列から作成された系統樹（左側）と対応する菌株情報（右側）。Aクラスターはヒト由来株と食品由来株の間で異なる塩基数が6と10である組合せを示し、Bクラスターはヒト由来株と食品由来株の間で異なる塩基数が13と15である組合せを示している。

また、カンピロバクターでは、カンピロバクター・ジェジュニにおいて医療上重要なフルオロキノロン耐性に寄与する変異を共に保有し、極めて近縁（異なる塩基数が 4）である食品由来株とヒト由来株のペアが検出されました（図 3 上図矢印）。

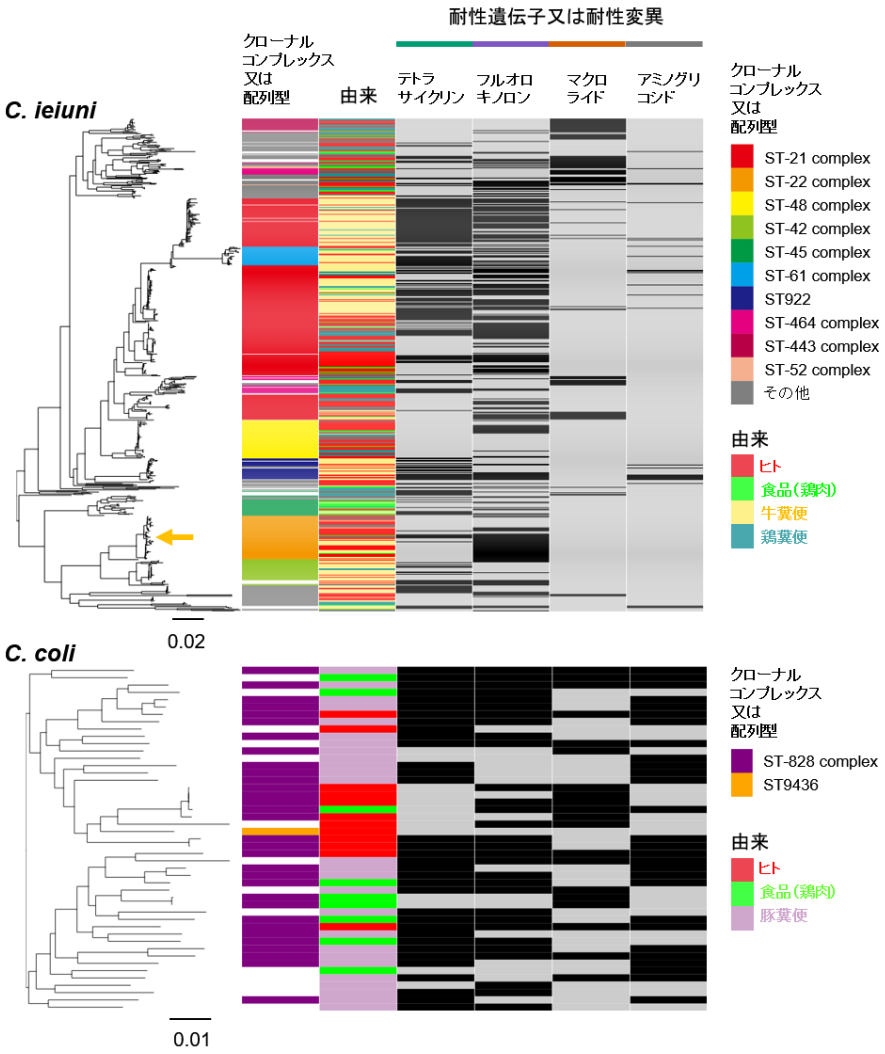


図3.カンピロバクター・ジェジュニ635株（上側）とカンピロバクター・コリ47株（下側）のゲノム配列から作成された系統樹（左側）と対応する菌株情報（右側）。耐性遺伝子又は耐性変異の保有を黒、非保有を灰色で示す。矢印は、同じフルオロキノロン耐性変異（*gyrA*のT86I）とテトラサイクリン耐性遺伝子（*tetO*）を保有し、ゲノム比較で異なる塩基数が4である食品由来株とヒト由来株のペアの位置を示している。

本研究で収集したヒト由来株と食品由来株は同一食中毒事例から分離した株は含まれていませんが、極めて近縁な薬剤耐性菌のペアが見つかったことから、ヒトと食品の間で高い関連性をもつ薬剤耐性菌の存在を明らかにしました。このことは、サルモネラやカンピロバクターでは、薬剤耐性菌がヒトと食品の間で伝播した可能性や、同一由来源から薬剤耐性菌が食品とヒトへ短時間に伝播した可能性を示唆し、ヒトと他分野間の薬剤耐性菌の伝播について更なる研究を促す知見です。また、本研究は異なる省庁や研究施設間でデータを統合して国レベルで行うワンヘルスゲノムサーベイランスの一つのモデルを提示し、科学的エビデンスに基づくリスク評価を基軸とした、多分野連携による薬剤耐性対策へのアプローチのための基盤を提供しました。

今後の展望

本研究ではヒトと食品の間で高い関連性をもつ薬剤耐性菌の存在を明らかにしましたが、薬剤耐性菌の食品生産システム内における起源や維持に関する詳細は分かっていません。また、食品媒介病原性細菌は、使用抗菌薬を含む様々な要因によって耐性因子の保有状況や集団を構成する系統の組成も変化していきます。今後は、継続的にサーベイランスを行い、変遷を追跡・監視していくとともに、ヒト感染に至る薬剤耐性菌の詳細な伝播経路の解明にも迫っていきたいと考えています。

研究支援

本研究は、厚生労働科学研究費補助金「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（JPMH24KA1005）」による支援を受けて行われました。

用語解説

注 1 ワンヘルス:

人間、動物および生態系の健康を持続可能な形で調和させ、最適化することを目指す、統合的かつ包括的な概念です。本研究ではヒト、食品（主に鶏肉）、家畜動物という異なる分野を統合して解析し、薬剤耐性対策に取り組む点がこの概念と重なります。

注 2 非チフス性サルモネラ:

Salmonella enterica subsp. *enterica* に分類され、チフス性疾患（感染後の高熱が特徴で重症化リスクがある）をもたらす血清型 Typhi や Paratyphi の一部などを除いた大多数のサルモネラを含みます。

注 3 血清型:

抗血清を用いた抗原抗体反応を利用して、細胞表面の抗原と鞭毛の抗原の種類の組合せで決まる型です。2,500 以上のサルモネラ血清型が報告されています。

注 4 ESBL 又は *ampC* 遺伝子:

ESBL（基質特異性拡張型 β ラクタマーゼ）遺伝子は、元来ペニシリン系抗菌薬を分解する酵素の遺伝子が変異を起こしてセファロスポリン系抗菌薬にも耐性を与えるようになった遺伝子です。

ampC 遺伝子は酵素を過剰産生することで第三世代セファロスポリン抗菌薬にも耐性を与える遺伝子です。ESBL 遺伝子も *ampC* 遺伝子もそれらを保有する株が第三世代セファロスポリン耐性となる医療上重要な耐性遺伝子です。

論文情報

［論文タイトル］
One Health genomic surveillance identifies potential genetic links of antimicrobial-resistant foodborne pathogens across sectors

［著者］
Norikazu Kitamura*, Hiroto Shinomiya*, Michiko Kawanishi*, Noriko Konishi*, Kenji Ohya*, Haruyoshi Tomita*, Yukiko Asano, Chizuko Kimura, Hideto Sekiguchi, Manao Ozawa, Kanako Ishihara, Jun Kurushima, Koichi Tanimoto, Takahiro Nomura, Yusuke Hashimoto, Foodborne AMR Research Group of Public Health Institutes, Tetsuo Asai, Haruo Watanabe, Yo Sugawara, Koji Yahara*, Motoyuki Sugai
*責任著者

［掲載誌］
Nature Communications

[DOI]10.1038/s41467-026-78530-9

［オンライン公開日］
2026 年 10 月 30 日

［URL］
https://www.nature.com/articles/s41467-026-78530-9

【問い合わせ先】
《研究に関すること》
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
氏名：北村徳一、矢原耕史、菅井基行

《取材に関すること》
国立健康危機管理研究機構 危機管理・運営局 広報管理部
https://www.jihs.go.jp/
電話：03-3202-7181
E-mail:press@jihs.go.jp