



人間の社会活動によるパンデミック薬剤耐性菌の拡散

社会医学、看護学およびその関連分野

研究者所属・職名 : 連合獣医学研究科・教授

ふりがな あさい てつお

氏名 : 浅井 鉄夫

主な採択課題 :

- [基盤研究\(A\)「野生動物のコミュニティに出現した薬剤耐性菌の蔓延機序の解明と危険度分析」\(2022-2025\)](#)
- [基盤研究\(A\)「ゲノム解析と数理解析を用いた動物の社会生活による薬剤耐性菌の環境汚染の解析」\(2018-2021\)](#)
- [基盤研究\(C\)「野生動物の食性の違いを利用した薬剤耐性の環境汚染経路の解析」\(2015-2017\)](#)

分野 : 衛生学・公衆衛生学

キーワード : 薬剤耐性、野生動物、環境、社会活動、疫学

課題

●なぜこの研究をおこなったのか？(研究の背景・目的)

薬剤耐性菌の問題はワンヘルスアプローチに基づき分野横断的に連携して解決すべき最重要課題である。これまで、野生動物が医療で重要な抗菌薬に対する耐性菌(キノロン剤や第3世代セファロスポリン)を保有することを明らかにしてきた。本研究は、野生動物と医療現場で分離された薬剤耐性菌のゲノム解析から薬剤耐性菌の蔓延に関連する要因を特定しすることを目的に取り組んだ。

●研究するにあたっての苦労や工夫(研究の手法)

野生動物における薬剤耐性菌の分布調査を抗菌薬の含有培地と不含培地を用いて野生動物に分布する薬剤耐性菌を継続的に収集した。医療分野の研究者と共同研究することで、共通の遺伝子型の国内株のレパートリーが増え、全ゲノム解析を利用して細菌側から関連性のアプローチが可能となった。医療で重要な抗菌薬に対する耐性大腸菌から国際的に「パンデミッククローン」として注視されているST131にフォーカスすることで、ヒト-動物-環境を横断した調査ができる考えた。



図1 薬剤耐性菌の伝播のイメージ図



人間の社会活動によるパンデミック薬剤耐性菌の拡散

社会医学、看護学およびその関連分野

研究成果

●どんな成果がでたか？どんな発見があったか？

2015年から野生動物の糞便や水系環境から薬剤耐性菌を検索した結果、医療で重要な抗菌薬に対する耐性菌が低率に分離され、人間社会と密接な場所に生息する野生動物に分布することが明らかとなった。その薬剤耐性菌コレクションの中で、2016年から2021年にかけて、岐阜県内の野生動物の糞便（タヌキ、シカ、キツネ、アライグマから5株）及び水系環境（岐阜県内の河川や琵琶湖の水から11株）から分離・同定されたST131を解析したところ、2000年代以降日本全国に広がっているST131と同じClade（C1）に分類される株を保有する野生動物および水環境から発見された。全ゲノム解析による系統樹解析の結果、国内の人、水環境及び野生生物から分離されたST131はいくつかのアクセサリゲノムに基づくクラスターに分類され、コアゲノムSNP解析により、人、河川／湖水及び野生生物から分離されたいくつかのST131株が遺伝的類似度が高いことを明らかにした。これらの結果は、人間社会で広がり示すST131の一部が野生動物や周囲の自然環境にも広がっていることを示唆している(図2)。

パンデミッククローン大腸菌ST131による環境汚染



図2 ST131の伝播モデル

今後の展望

●今後の展望・期待される効果

ワンヘルスに基づく継続調査と各セクター間の連携及びST131以外のクローンの伝播状況の把握により、野生動物や環境への薬剤耐性菌の放出ルートを解明するとともに対策を構築する。それによって、人-動物-環境の共生に向けた豊かで安全な社会実装を実現する。



図3 ワンヘルス・アプローチ