

令和 2 年 5 月 28 日現在

機関番号：33910

研究種目：基盤研究(A) (海外学術調査)

研究期間：2016～2019

課題番号：16H02767

研究課題名(和文) 熱帯アフリカにおける畜産由来薬剤耐性菌発生の実態把握と対策の提案

研究課題名(英文) The collaborative research project for drug resistance bacteria in animal agriculture of tropical Africa and finding the alternatives for drug use.

研究代表者

牛田 一成 (USHIDA, Kazunari)

中部大学・創発学術院・教授

研究者番号：50183017

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 31,300,000円

研究成果の概要(和文)：薬剤耐性菌は、人医療からだけではなく農業、とくに集約的な畜産業からも発生している。近年、先進国では薬剤耐性菌の発生が低下傾向にある。しかし、途上国は発生拡大傾向にあり、とくにアフリカでは実態把握も困難な状況である。本研究では、経済発展に伴い工業的な畜産業が拡大するウガンダを調査地として、畜産から発生する薬剤耐性菌の現状把握と無薬畜産を提案するためのプロバイオ候補菌探索を行った。家畜および畜産物からテトラサイクリン耐性が多く検出されたが、都市周辺の野鳥からESBL多剤耐性菌が検出され、公衆衛生上のリスクを明らかにした。また粗放な飼育形態の家禽および野鳥から抗菌性を示す乳酸菌を複数株選抜できた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

アフリカで増加する薬剤耐性菌は、アフリカに留まらず世界規模の問題である。しかし、これまで畜産由来耐性菌の研究はほとんど行われてこなかった。今回、家畜糞と肉などの畜産物からテトラサイクリン耐性菌が広く検出されたことから先進国同様の問題を抱えることがわかった。また屠畜場やゴミ処理場に集散する野鳥類からESBL多剤耐性菌が多く検出され、公衆衛生上のリスクを明らかにできた。アフリカでも先進国同様の無薬減投薬畜産を推奨するため代替法として生菌剤の開発を進め、粗放な飼育下の家禽や野鳥から有用乳酸菌の分離に成功した。

研究成果の概要(英文)：Drug resistance bacteria (DRB) was emerged from human therapies and the animal agriculture. In a recent trend, prevalence of DRB decreased in developed countries. However, it is growing in developing countries. In this study we made a surveillance of DRB in Ugandan animal agriculture, where economic growth pushes the intensive animal production. We also collected potentially probiotic lactic acid bacteria from domestic birds under extensive feeding systems and wild birds for the future reduction of the antimicrobials in animal agriculture. We detected mostly tetracycline-resistant bacteria from feces and meat products of Ugandan livestock. However, we detected several multidrug-resistant ESBL *Escherichia coli* from feces of scavenging bird in abattoirs and dumping site of Capital city, which indicate the potential risk for transmission of ESBL by these wild birds. We have successfully isolated several potential probiotic lactobacilli from domestic and wild birds.

研究分野：腸内細菌学、動物生理学

キーワード：薬剤耐性菌 アフリカ ウガンダ プロバイオティクス乳酸菌

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

NDM-1 産生多剤耐性菌がインドやパキスタンから報告された時に世界は大きな衝撃を受けた。それは、先進国に代わって、ついに途上国が新規な薬剤耐性菌発生の温床となったことが明白となり、さらに人間や物資の移動によって、それが欧米や日本に流入したからである。NDM-1 産生多剤耐性菌のように医療が原因と考えられる場合に加えて、畜産を起源とする薬剤耐性菌も、途上国から世界中に拡散する危険性ははらんでいる。薬剤耐性菌問題は、G7 サミットをはじめとする国際場裏において、すでに頻りに議論されている。2015 年 G7 エルマウ・サミットにおける議論では、薬剤耐性問題を放置した場合 2050 年には人類の死因第一位になり、年間 1000 万人の死者が発生すると推測されており、特にアジア・アフリカ諸国における死亡率が最も高くなるとされている。

薬剤耐性菌は、人間の医療に由来すると捉えられがちであるが、農業、とりわけ集約的な家畜生産も主要な発生源の一つであることが認知され始めており、畜産由来の薬剤耐性菌がもたらす公衆衛生上のリスクは、すでに世界的に議論されている (<http://www.fao.org/news/story/en/item/210621/icode/>)。その結果、先進国では、薬剤使用制限の施策が導入されるなど行政的対応が進んだが、中国、インド、アフリカ諸国など経済発展に伴う畜産物消費拡大が進む国々では、集約化と高生産品種導入に伴う家畜疾病の多発に対して、先進国ではすでに制限された抗菌剤使用によって対抗している現状がある。日本や EU など先進諸国においては、動物用抗菌薬の使用規制により畜産由来の薬剤耐性菌の出現率は低下しているが、開発途上国において持続的かつ大規模な薬剤耐性菌が発生した場合は、地球規模で汚染が拡大する懸念がある。途上国においても薬剤耐性菌に対するリスク管理を強化する必要がある。

研究代表者らが行った先行研究(Ushida ら 2010, Segawa ら 2012)では、人間活動から遠く離れた氷河の表層雪からも薬剤耐性遺伝子が高頻度・高濃度に検出されており、地球の大気循環に乗って薬剤耐性菌が世界中に蔓延することを示唆している。図に示すようにインドや中国に隣接するヒマラヤ地域で、比較的新しい世代の薬剤耐性遺伝子が検出されることは、地球規模で汚染が拡大する懸念を裏付けるものとなっている。アフリカ大陸においてもウガンダに位置する高山であるルウェンゾリ山の氷河から、多様な薬剤耐性遺伝子が検出されており、そのうちのひとつは比較的世代の新しい薬剤の耐性遺伝子(*bla_{IMP}*)であることがわかっている。このように薬剤耐性菌は地球規模での問題であり、有力な発生源として根本的な対策が必要と考えられるウガンダで、微生物評価の基盤技術を確立することは極めて重要である。

今回研究調査の対象とする熱帯アフリカでは、野生動物起源の人獣共通感染症に加えて、畜産由来のサルモネラや大腸菌、黄色ブドウ球菌などの日和見感染菌が薬剤耐性を持つことが、公衆衛生上の重大な脅威として警告されており(Hammerum and Heuer, 2009, Kagambega 2013)、担当官庁や大学獣医学部等でも問題が存在すること自体は認識されている。しかし、耐性菌を対象とした研究は、アフリカ諸国中の先進国である南ア共和国を除くと見ることができず、また薬剤低減を目指す代替法の開発や導入のための研究は全く見ることができない。

今回の研究調査を実施したウガンダ共和国は、東アフリカの高地に位置し、西アフリカから横断的にほぼ連続した熱帯雨林の東端で、熱帯雨林とサバンナ性気候の境界地帯にあたる。およそ 3500 万の人口に対して、ウシ 1200 万頭、ブタ 400 万頭、ヒツジ 360 万頭、ヤギ 1300 万頭、ニワトリ 4000 万羽が飼育される畜産大国である。肉牛とヒツジ、ヤギは粗放な放牧形態であるが、都市近郊の酪農、養豚、養鶏は集約化大規模化が進行しており、動物用医薬品の使用に明確な管理や制限はない。一方、山間地を中心に、依然として粗放な飼育形態の畜産業が営まれている。またウガンダは、生物多様性指標で上位(総計 6,500 種)に位置する野生動物大国でヒガシゴリラやシマウマ、シロサイなど多くの希少種が国立で保護されている。その一方で、多くの国立公園の境界線に村々が発達し、国立公園を頻りに越境する野生動物と家畜との間に微生物の伝搬の可能性も高い。そのため、ウシやブタでは野生近縁種との接触可能性、養鶏に関しては各種の野鳥とりわけアフリカハゲコウなど腐肉食動物との接触可能性が防疫上の問題となっている。

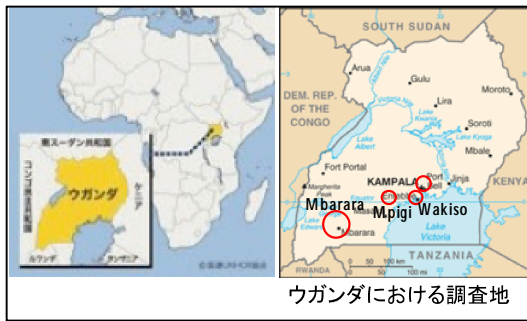
2. 研究の目的

代表者らは、基盤研究(25292165)、挑戦的萌芽研究(26660219)で、古典細菌学と次世代技術の融合をはかっており、腸内細菌叢のメタゲノム解析と単離菌の全ゲノム解析にもとづいて家畜化の過程における宿主と腸内細菌の共進化に関する新規な発見を続けている。なかでも家畜由来のピフィズス菌のみテトラサイクリン耐性遺伝子とリンコマイシン耐性遺伝子が座乗することや転移因子が挿入されていることの発見は、耐性菌発生機序の示唆を与えた(Tsuchida ら 2017)。これらの研究にもとづいて、ウガンダ共和国で畜産農場および畜産物への薬剤耐性菌の侵襲状況とこれに対抗できるプロバイオティクス候補菌の探索を目的としたウガンダ共和国マケレレ大学獣医畜産防疫学部中央家畜診断センターおよびウガンダ農務省地域獣医事務所との共同研究を提案した。

3. 研究の方法

首都カンパラおよびカンパラに隣接する湿潤気候のワキソ県とムビジ県、遠隔地で乾燥気候のムバララ県合計 34 ヶ所の大・中規模畜産農場の家畜(肉牛、乳牛、ブタ、採卵鶏および肉用鶏)

と粗放な飼養形態の在来家畜(ブタ、家禽)および食肉処理場やゴミ処理場周辺の野生鳥獣(ハダダトキ、アフリカハゲコウ)から新鮮糞の採材を行った。それに加えて農場土壌、排水の採材も行った。また路上販売および大型スーパーの市販食肉の試料から表面スワブも採取した。これらの試料から DNA を抽出したのち次世代シーケンサーを用いた薬剤耐性遺伝子の網羅解析、薬剤耐性遺伝子の特異的プライマーによる PCR 検出を行った。



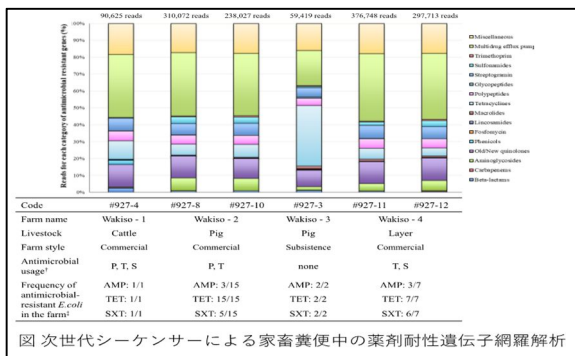
また、選択培地 (PetriFilm SEC plate) による大腸菌を分離し、それらを Escobar-Páramo ら (2004) に準拠して、A₀, A₁, B₁, B₂, B₂, D₁, D₂ へ系統分類した。その後、これら的大腸菌の MIC 検査および耐性遺伝子の同定をおこなった。また農場環境試料から抗酸菌の分離を行った。プロバイオ候補菌の探索には、粗放な飼養形態の在来家畜や野生動物の新鮮糞便から MRS 寒天平板、LBS 寒天平板を用いて乳酸菌を分離し、培養濾液を用いたペーパーディスク法で、耐性菌探索で分離した大腸菌群を被検菌として抗菌活性を検定した。

4. 研究成果

研究実施期間 4 年間に 9 回の渡航 (通算 7 ヶ月間) と現地研究調査を実施し、首都カンパラ、カンパラに隣接するワキソ県とムピジ県、遠隔地のムバララ県において大・中規模農場と粗放な飼養形態の農場、食肉処理場やゴミ処理場周辺など合計 34 ヶ所の場所において家畜、野生鳥獣から新鮮糞の採材を行った。また環境試料として農場土壌および排水の採材も行った。これに加えて路上売店および大型スーパーにおいて販売される食肉についても採材を行った。各年度の成果の概略は、次の通りである。

2016 年度

研究打ち合わせのための短期滞在 1 回のほか、8~9 月および 2017 年 2 月のそれぞれ 1 ヶ月間の調査を 2 回実施した。採材を行った地域は、首都カンパラに隣接するワキソ県とムピジ県で、大・中規模農場に加えて粗放な飼養形態の在来家畜からも採材を行った。薬剤耐性遺伝子の分布を網羅的に解析するために、家畜糞(ニワトリ糞 9 検体、ブタ糞 9 検体、ウシ糞 9 検体)から DNA を抽出し、品質による判定でそのうちの 10 試料について次世代シーケンサーの解析を行った。農場での薬剤使用歴の明確な 6 試料について、結果を示すと図のようだった。多剤耐性に関する薬剤排出ポンプ遺伝子が、広範囲に検出されたほか、テトラサイクリン系、キノロン系、



ポリペプチド系、ストレプトグラミン系、アミノグリコシド系に対する耐性遺伝子が高頻度で検出された。ウガンダの首都近郊の比較的大規模の大きな畜産農場での薬剤使用状況は上の表に示すようで多くの抗菌性薬剤が使用されていることがわかる。最も使用歴の多いテトラサイクリン系に対して当該耐性遺伝子の検出頻度が高いことは合理的であるが、ペニシリン系の使用が多いにもかかわらず、ベータラクタム系への耐性遺伝子の検出頻度は比較的低かった。

また、現地で細菌を分離し直接評価することを行った。対象とした細菌は、薬剤耐性を評価する大腸菌群とプロバイオ候補菌としての乳酸菌である。前者は、ウシ 27 検体、ブタ 11 検体、ニワトリ 10 検体から糞便希釈液を PetriFilm SEC plate に塗抹し、培養後発生した *E. coli* 192 株を分離した。下の表に示すように 192 株中の 137 株が ABP、CEZ、CPX、IPM、KM、GM、TC、CP、NA、CIP、ST のいずれかに耐性を示した。畜種別では、ウシ由来株が 68%、ニワトリ由来が 78%、ブタ由来株が 98% の耐性を示した。ウシでは、ABP に対する単剤耐性を示した株が半数以上を占めているのに対し、ブタでは ABP/TC/ST に対する 3 剤耐性が TC/ST に対する 2 剤耐性を示す株のいずれかしか検出されなかった。ニワトリでも TC/ST への 2 剤耐性株が多く、中には 4 剤から 6 剤耐性を示す株が検出される農場もあった。今回の検査ではセフェム系薬への耐性菌は検出

表. 分離した大腸菌の薬剤耐性プロフィール

	Cattle (n = 23) ¹	Pig (n = 40)	Goat (n = 8)	Layer (n = 63)	Total (n = 134)
AMP	18 (78.3%)	10 (25.0%)	6 (75.0%)	26 (41.3%)	60 (44.8%)
CFZ	2 (8.7%)	2 (5.0%)	0	2 (3.2%)	6 (4.8%)
CTX	0	0	0	0	0
GEN	0	0	0	0	0
KAN	0	0	0	5 (7.9%)	5 (3.7%)
TET	21 (91.3%)	39 (100%)	8 (100%)	62 (98.4%)	130 (97.0%)
MIN	0	8 (20.0%)	0	1 (1.6%)	9 (6.7%)
NAL	4 (17.4%)	5 (12.5%)	1 (12.5%)	19 (30.2%)	29 (21.6%)
CIP	1 (4.3%)	0	0	10 (15.9%)	11 (8.2%)
CST	2 (8.7%)	0	0	0	2 (1.5%)
CHL	1 (4.3%)	3 (7.5%)	0	5 (7.9%)	9 (6.7%)
SXT	13 (56.5%)	13 (32.5%)	7 (87.5%)	43 (68.3%)	76 (56.7%)
AMP+TET+SXT	11 (47.8%)	6 (15.0%)	5 (62.5%)	21 (33.3%)	43 (32.1%)
Five different categories ²	0	0	0	4 (6.3%)	4 (3.0%)

Abbreviations: AMP, ampicillin; CFZ, cefazolin; CTX, cefotaxime; GEN, gentamicin; KAN, kanamycin; TET, tetracycline; MIN, minocycline; NAL, nalidixic acid; CIP, ciprofloxacin; CST, colistin; CHL, chloramphenicol; SXT, sulfamethoxazole-trimethoprim.
¹ The number of fecal samples derived from each livestock species.
² Among four strains which were resistance to 5 different categories of antimicrobials, two of them were resistant to AMP-KAN-TET-NAL-CIP-SXT, one to AMP-KAN-TET-NAL-CHL-SXT and one to AMP-TET-NAL-CIP-CHL-SXT.

伝子型から CTX-M-1 群産生株と判定された。糞便試料に加えて、表面水の 7 試料から 17 株の多剤耐性大腸菌が単離された。これらの内、16 株が CTX-M-1 群に属する ESBL 産生大腸菌であったほか、1 菌株は NDM-5 産生による IPM 耐性株であった。前年度までの家畜生体、屠体から分離される薬剤耐性大腸菌が TC 耐性にほぼ限定されていたことに比べると、人社会のなかで生活する野生動物、特にスカベンジャー動物が、ESBL 産生大腸菌など医療上問題となる細菌の有力な媒介者となっていることが明らかとなった。一方で、アフリカハゲコウ新鮮糞から分離された 75 株の乳酸菌 (*Lactobacillus* spp.) と前年度までに分離された 30 菌株の家畜由来乳酸菌をあわせてニワトリ由来大腸菌 10775-1 株に対する抗菌性を検査したところ、表に示すように 33 株に乳酸以外の低分子抗菌性成分の存在することが示唆された。33 株の内訳は、*L. reuteri* が 8 株、*L. fermentum* が 5 株、*L. salivarius* が 4 株、*L. vaginalis* が 3 株、*L. agilis* が 2 株、*L. aviarius* が 2 株、*L. mucosae* 2 株、*L. oris* 2 株、*L. gasseri* 1 株、*L. intermedius* 1 株、*L. johnsonii* が 1 株、*L. kitasatonis* 1 株、*L. pontis* 1 株であった。*L. reuteri* と *L. fermentum* の単離株に抗菌性物質生産株が多く含まれることがわかった。これは分離株数が多かったためであるが、*L. salivarius* と *L. agilis* は、同じサブグループに属する乳酸桿菌で、分離数はそれぞれ 4 株、2 株と少ないものの全分離株がなんらかの抗菌物質を生産しており鳥における保健効果が期待できる菌種であることがわかった。

表 粗放な飼養形態の鶏と野鳥(ハゲコウ) 由来乳酸菌の抗菌性評価

year	Host	ID	Species	pH調整 ナシ	pH調整 アリ	year	Host	ID	Species	pH調整 ナシ	pH調整 アリ	year	Host	ID	Species	pH調整 ナシ	pH調整 アリ		
2016	C	M1-5	<i>L. aviarius</i>	1	0	2019	M	M30	<i>L. gasseri</i>	1	0	2019	M	L37	<i>L. vaginalis</i>	1	0		
		M4-1	<i>L. reuteri</i>	1	0			M33	<i>L. reuteri</i>	1	1			M L38	<i>L. pontis</i>	0	0		
		M4-2	<i>L. reuteri</i>	1	0			M35	<i>L. pontis</i>	0	0			M L39	<i>L. vaginalis</i>	0	0		
		M4-5	<i>L. vaginalis</i>	1	0			MK1	<i>L. reuteri</i>	1	0			M L40	<i>L. oris</i>	1	0		
		M25 4-1	<i>L. aviarius</i>	0	0			MK3	<i>L. fermentum</i>	1	1			M L10-2	<i>L. fermentum</i>	1	0		
		M25 4-3	<i>L. amylovorus</i>	1	0			MK7	<i>L. reuteri</i>	1	1			M L23-1	<i>L. salivarius</i>	2	1		
		M25 4-9	<i>L. aviarius</i>	1	0			MK8	<i>L. fermentum</i>	1	1			M L23-2	<i>L. fermentum</i>	1	0		
		M5 8-5	<i>L. aviarius</i>	2	0			B7	<i>L. oris</i>	1	1			M L24-1	<i>L. agilis</i>	2	1		
		2017	I	M5 8-1	<i>L. aviarius</i>			1	0	B27	<i>L. reuteri</i>			1	0	M L24-2	<i>L. pontis</i>	0	0
				M5 8-7	<i>L. reuteri</i>			1	1	B30	<i>L. fermentum</i>			1	0	M L36-1	<i>L. vaginalis</i>	1	0
				M5 8-4	<i>L. pontis</i>			1	1	B36	<i>L. vaginalis</i>			1	0	M L36-2	<i>L. vaginalis</i>	1	1
				M5 9-2	<i>L. fermentum</i>			2	1	B39	<i>L. reuteri</i>			1	0	M M1-2	<i>L. vaginalis</i>	1	0
M5 1-6	<i>L. kitasatonis</i>			2	1	B41	<i>L. reuteri</i>	1	0	M M7-2	<i>L. reuteri</i>	1	0						
M5 2-5	<i>L. vaginalis</i>			1	1	B42	<i>L. reuteri</i>	1	1	M M7-3	<i>L. oris</i>	1	0						
M9 2-5	<i>L. aviarius</i>			1	0	B44	<i>L. vaginalis</i>	1	0	M M22-1	<i>L. reuteri</i>	1	0						
M9 2-4	<i>L. aviarius</i>			1	0	B46	<i>L. reuteri</i>	1	0	M M22-2	<i>L. reuteri</i>	1	0						
M9 2-1	<i>L. aviarius</i>			1	1	B49	<i>L. reuteri</i>	1	1	M M5	<i>L. vaginalis</i>	0	0						
M9 1-1	<i>L. intermedius</i>			1	1	M39	<i>L. reuteri</i>	1	0	M B25	<i>L. salivarius</i>	2	1						
2018	M			M-5	<i>V. carniphilus</i>	1	0	M49	<i>L. aviarius</i>	1	0	M M32	<i>L. mucosae</i>	1	0				
				M-9	<i>L. reuteri</i>	1	0	M50	<i>L. aviarius</i>	1	0	M MK4	<i>L. reuteri</i>	1	0				
		M-17	<i>L. mucosae</i>	1	0	M58	<i>L. aviarius</i>	0	0	M M37	<i>L. vaginalis</i>	1	0						
		M-30	<i>L. mucosae</i>	1	1	L2	<i>L. johnsonii</i>	2	0										
		M-31	<i>L. reuteri</i>	1	1	L4	<i>L. johnsonii</i>	2	0										
		M-32	<i>L. fermentum</i>	1	0	L5	<i>L. gasseri</i>	1	1										
		M-36	<i>L. mucosae</i>	1	0	L6	<i>L. reuteri</i>	1	0										
		M-38	<i>L. mucosae</i>	1	0	L7	<i>L. reuteri</i>	1	0										
		BL-118	<i>L. salivarius</i>	2	1	L8	<i>L. reuteri</i>	1	0										
		BI-119	<i>L. agilis</i>	2	1	L9	<i>L. fermentum</i>	1	1										
		2019	M	M3	<i>L. fermentum</i>	1	0	L13	<i>L. mucosae</i>	1	0								
				M4	<i>L. fermentum</i>	1	0	L14	<i>L. fermentum</i>	1	0								
M6	<i>L. fermentum</i>			1	0	L15	<i>L. fermentum</i>	1	0										
M8	<i>L. reuteri</i>			1	0	L16	<i>L. oris</i>	1	1										
M9	<i>L. reuteri</i>			1	0	L20	<i>L. pontis</i>	0	0										
M10	<i>L. vaginalis</i>			1	1	L21	<i>L. pontis</i>	0	0										
M11	<i>L. reuteri</i>			1	1	L26	<i>L. johnsonii</i>	2	1										
M13	<i>L. oris</i>			1	0	L27	<i>L. reuteri</i>	1	0										
M18	<i>L. aviarius</i>			1	1	L28	<i>L. reuteri</i>	1	1										
M21	<i>L. aviarius</i>			1	0	L31	<i>L. johnsonii</i>	0	0										
M23	<i>L. reuteri</i>			1	0	L32	<i>L. fermentum</i>	1	1										
M27	<i>L. reuteri</i>			1	0	L33	<i>L. vaginalis</i>	1	0										
M28	<i>L. fermentum</i>			1	0	L34	<i>L. mucosae</i>	1	1										
BI-123	<i>L. salivarius</i>			2	1	L35	<i>L. fermentum</i>	1	0										

Host: C:chicken, T: Turkey, I:Hadada ibis, M:Marabou stark

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計3件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 2件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 Torahiko Okubo, Montira Yossapol, Fumito Maruyama, Eddie M. Wampande, Steven Kakooza, Kenji Ohya, Sayaka Tsuchida, Tetsuo Asai, John D. Kabasa, Kazunari Ushida	4. 巻 66
2. 論文標題 Phenotypic and genotypic analyses of antimicrobial resistant bacteria in livestock in Uganda	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Transboundary and Emerging Diseases	6. 最初と最後の頁 317-326
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1111/tbed.13024	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

1. 著者名 牛田一成	4. 巻 6
2. 論文標題 飼育動物と野生動物の薬剤耐性菌と有用菌分離	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 家畜感染症学会誌	6. 最初と最後の頁 29-37
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Okubo T, Yossapol M, Ikushima S, Kakooza S, Wampande EM, Asai T, Tsuchida S, Ohya K, Maruyama F, Kabasa JD, Ushida K.	4. 巻 17
2. 論文標題 Isolation and characterization of antimicrobial-resistant Escherichia coli from retail meats from roadside butcheries in Uganda.	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Foodborne Pathogens and Disease	6. 最初と最後の頁 in press
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 該当する

〔学会発表〕 計2件（うち招待講演 1件/うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Ushida Kazunari
2. 発表標題 The collaborative research project for drug resistance bacteria in Uganda animal agriculture and finding the alternatives such as probiotics for drug use from Ugandan local environment_First year's results and perspectives
3. 学会等名 The 6th International cultural BOMA and scientific conference（招待講演）（国際学会）
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kakooza S, Munyirwa D, Nabatta E, Eneku W, Wampande E, Kayaga E, Tumwebaze M, Afayoa M, Ssajjakambwe P, Tayebwa DS, Tsuchida S, Okubo T, Ushida K, Muwonge A, Mutebi F.
2. 発表標題 A six-year analysis of poultry clinical bacterial infections reveals a worrying Antimicrobial resistance trend for Uganda.
3. 学会等名 The 4th National Antimicrobial Resistance Conference. Ugandan Ministry of Health
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	浅井 鉄夫 (ASAI Tetsuo) (10509764)	岐阜大学・大学院連合獣医学研究科・教授 (13701)	
研究分担者	丸山 史人 (MARUYAMA Fumito) (30423122)	京都大学・医学研究科・准教授 (14301)	
研究分担者	大久保 寅彦 (OKUBO Torahiko) (90762196)	北海道大学・保健科学研究院・講師 (10101)	
研究分担者	大屋 賢司 (OHYA Kenji) (50402219)	岐阜大学・応用生物科学部・准教授 (13701)	変更:2018年11月1日 (152,978) 岐阜大学 () 国立医薬品食品衛生研究所
研究協力者	土田 さやか (TSUCHIDA Sayaka)		

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究協力者	クルス アンドレ フレイリ (CRUZ Andre Freire)		
研究協力者	生島 詩織 (IKUSHIMA Shiori)		
研究協力者	モンティラ ヨサポール (YOSSAPOL Montira)		
研究協力者	カバサ ジョン (KABASA John David)		
研究協力者	ワンパンデ エディー (MUJJWIGA Eddie Wampande)		
研究協力者	カコーザ スティーブン (KAKOOZA Steven)		
研究協力者	カロンジ フランク (KALUNGI Frank)		
研究協力者	ムソケ ジェラード (MUSOKE G.S.)		