

# ワンヘルスの視点からみた動物由来薬剤耐性菌の現状と今後の展望

Current Status and Future Perspectives of Animal-Derived Antimicrobial-Resistant Bacteria from a One Health Perspective

臼井 優  
Masaru Usui

酪農学園大学獣医学群獣医学類食品衛生学ユニット 教授  
School of Veterinary Medicine, Rakuno Gakuen University (Professor)

KEYWORD ▶

薬剤耐性菌

ワンヘルス

抗菌薬

受理日:2026年1月19日

## はじめに

### 01

薬剤耐性 (Antimicrobial Resistance:AMR) の出現と拡散は国際的な問題として認識されており、対策を講じない場合、2050年にはAMRによる年間死者数が1000万人を超えるとの予測もある。この予測が発表された2014年には、年間約70万人がAMRを原因として命を落としていると推定されたが、その後2019年にはAMRによる年間死者数が127万人に達したと推定されており<sup>1)</sup>、予測が現実の脅威になりつつある。薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子は、ヒト-動物-環境で伝播している可能性が指摘されており、世界保健機関(WHO)を中心に「One Health」理

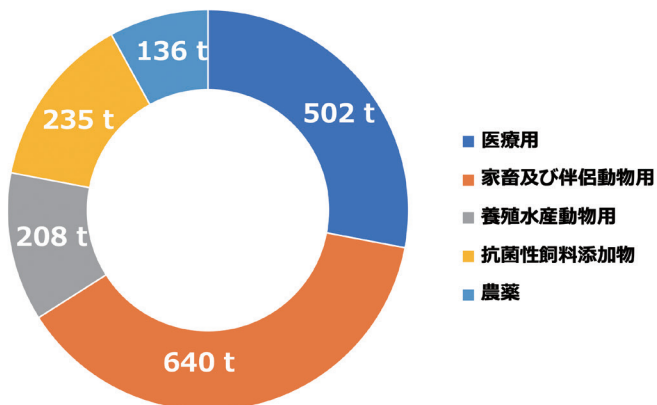
念に基づくヒト、動物、環境を包含するAMR対策が推進されている。そこで今回、動物や環境、ヒトで循環する薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子の実態について、動物由来薬剤耐性菌を中心に「One Health」の視点で、現状と今後の展望について紹介をしたい。

## 動物由来薬剤耐性菌の現状

### 02

動物分野での抗菌薬の使用量は、ヒトの医療で使用される抗菌薬の量のおよそ2倍である(図1)<sup>2)</sup>。その中でも、特に集団に

(a)



(b)

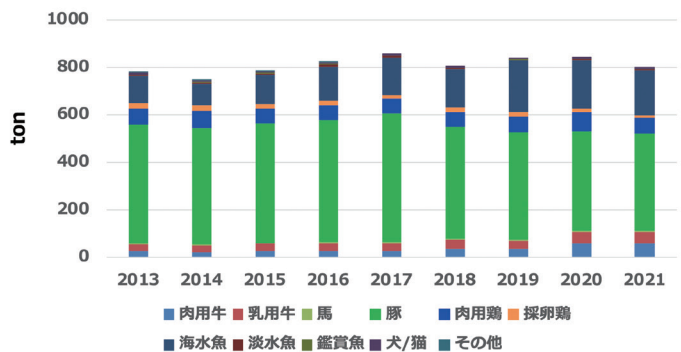


図1 (a)日本における抗菌薬の販売量(単位はトン)(2020年)  
(b)日本における動物用抗菌薬の販売量の推移(動物種別)  
薬剤耐性ワンヘルス動向調査年次報告書2022を改変

対して抗菌薬が使用される豚や鶏への抗菌薬の使用量は多い。これまでの研究から、抗菌薬の使用と薬剤耐性菌の選択・拡散は明確な関連があることが明らかとなっているため、抗菌薬の使用量が多い動物分野における薬剤耐性菌の存在は警戒されている。日本では、農林水産省動物医薬品検査所が中心となっており、1999年から動物由来薬剤耐性菌のモニタリングを実施している (Japanese Veterinary Antimicrobial Resistance Monitoring System:JVARM)<sup>3)</sup>。JVARMは畜産動物および伴侶動物由来細菌の薬剤耐性状況と抗菌薬の使用量を全国規模でモニタリングしており、現在も継続されている (伴侶動物については、2020年よりモニタリングを開始)。JVARMのデータでは、抗菌薬の使用量の多い豚や鶏由来大腸菌での薬剤耐性率は他の動物由来大腸菌に比べて高いことが示されている。特に使用量の多いテトラサイクリン系抗菌薬に対する畜産動物由来大腸菌の耐性率は高く、2023年に策定された新たな薬剤耐性 (AMR) 対策アクションプランでは、2027年までに豚由来大腸菌のテトラサイクリン系抗菌薬に対する耐性率を50%以下にする目標が設定されている。目標の達成のためには抗菌薬の使用量を低減することが必要であり、豚への抗菌薬の使用量は2018年以降わずかに減少傾向にあるものの、アクションプランの目標達成のためには抗菌薬の使用をさらに低減させる取り組みが必要とされている。

また、モニタリングに用いられる指標細菌の耐性率の問題だけでなく、畜産動物からはヒトの医療で重要視される薬剤耐性菌がしばしば検出されている。例えば、基質特異性拡張型βラクタマーゼ (Extended-spectrum β-lactamase:ESBL) 産生大腸菌 (ヒトの医療でも重要な第3世代セファロスポリン系抗菌薬まで分解できる大腸菌) が牛、豚、鶏からも分離されており、公衆衛生上のリスクとして懸念されている。また、ヒトの医療において、多剤耐性菌に対して最終手段として使用される抗菌薬に対する以下のような薬剤耐性菌が報告されている。例えば、コリスチン耐性遺伝子 *mcr-1* 陽性大腸菌が下痢症の豚から高頻度に分離<sup>4)</sup>、チゲサイクリン耐性遺伝子 *tetX* 陽性大腸菌が豚から分離<sup>5)</sup>、リネゾリドの感受性に関わる遺伝子 (*optrA*, *poxtA*) 陽性腸球菌が豚から分離されている<sup>6)</sup>。また、近年は畜産動物を由来とするメチシリン耐性黄色ブドウ球菌 (Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*:MRSA)、いわゆる家畜関連型MRSA (LA-MRSA) が、日本においても豚から頻りに分離されるようになっており、ヒトへの伝播が懸念される<sup>7)</sup>。

伴侶動物では、ヒトの医療上重要な抗菌薬である第3世代セファロスポリン系抗菌薬やフルオロキノロン剤の使用頻度が畜産動物より高いことが知られている。その結果、ESBL産生菌やフルオロキノロン耐性大腸菌の分離頻度が畜産動物よりも高い。加えて、ヒトの医療上極めて重要な薬剤耐性菌であるカルバペネム耐性菌<sup>8)</sup>や高度アミノグリコシド耐性遺伝子 (*rmtB* や *armA*) 陽性細菌<sup>9)</sup>が、日本の伴侶動物から分離された報告もある。伴侶動物はヒトとの距離が極めて近く、薬剤耐性菌を含む病原微生物の伝播が起こりやすい。実際、伴侶動物とヒトの間で

の薬剤耐性菌伝播に関する報告も多く、ヒトと伴侶動物の間で多剤耐性菌が伝播していることが示唆されている<sup>10)</sup>。我々も、伴侶動物の膿皮症を由来とするメチシリン耐性 *Staphylococcus pseudintermedius* がヒトに伝播し感染症を起こしている可能性を示した<sup>11)</sup>。

また、我々の研究では、伴侶動物用の生肉ベースのローフードの多くが腸内細菌科細菌に汚染され (60%以上の検体から大腸菌、90%の検体から腸球菌が検出)、ヒトの医療上重要な薬剤耐性菌も分離されたことから、ローフードを介した伴侶動物、ヒトへの薬剤耐性菌を含む細菌の伝播が懸念された<sup>12)</sup>。また、我々の調査では、動物病院スタッフのMRSAの保菌率が一般のヒトと比較して高かった。そのため、手洗いを徹底するなどの衛生対策を盛り込んだMRSA対策マニュアルを作成し対策をした結果、保菌率が下がったという結果を得ており、動物病院の環境およびそのスタッフの衛生対策が、薬剤耐性菌の拡散を防ぐためには重要であることを示した。以上のことから、伴侶動物の間および伴侶動物からヒトへの薬剤耐性菌の伝播を防ぐためには、伴侶動物に対する抗菌薬の適正使用や伴侶動物獣医師、飼い主への薬剤耐性菌に関する啓発活動が、今後さらに重要となる。

### 動物由来細菌における AMR問題に対する取り組み

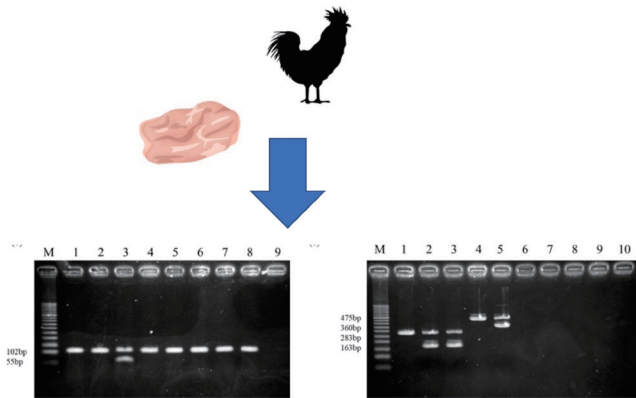
03

薬剤耐性 (AMR) 対策アクションプランに対応するため、ヒト医療分野だけでなく動物分野でも抗菌薬使用量の低減、使用量の低減による各種抗菌薬に対する耐性率の低減に向けた様々な取り組みが国を中心に実施されている。具体的な取り組みとして、獣医師向けの抗菌薬適正使用ガイドブックの作成、抗菌薬に頼らない養豚生産の取り組み事例を紹介する動画、獣医学生向けのAMR普及啓発動画の配信などが行われている。また、畜産動物における細菌感染症の制御のためのワクチン開発について、企業を支援することで開発を促進し、抗菌薬使用量を低減させる取り組みも実施されている。2025年4月からは新たな取り組みとして、指示書に基づく動物用医薬品の投薬業務をデジタル化した電子指示書システムの運用が始まっている。このシステムの運用により、動物用医薬品の使用実態を行政、獣医師、生産者が把握し、抗菌薬の適正使用が推進されることが期待される。

さらに、国の取り組みとは別に、我々は獣医師の適切な抗菌薬選択を支援するために、薬剤耐性菌や細菌感染症の原因菌の迅速判定法を開発してきた。これまでに、薬剤耐性カンピロバクター属菌をミニアレイやマルチプレックスPCR法で迅速判定する方法<sup>13)</sup>、<sup>14)</sup>、乳房炎原因菌、牛の呼吸器病原菌をナノポアシークエンサーで迅速に推定する方法<sup>15)</sup>、<sup>16)</sup>を開発し、報告している (図2)。現在、ナノポアシークエンサーをさらに応用することで、菌種の推定にとどまらず薬剤感受性の推定までできる手法を開発中である。また、乳房炎が疑われる乳汁を血液寒天培地、

マルチプレックスPCRによる  
薬剤耐性カンピロバクター迅速判定法<sup>14)</sup>

携帯型シーケンサー(nanopore sequencer)  
を活用した迅速な原因細菌の菌種推定法<sup>15, 16, 17)</sup>



乳房炎  
呼吸器病

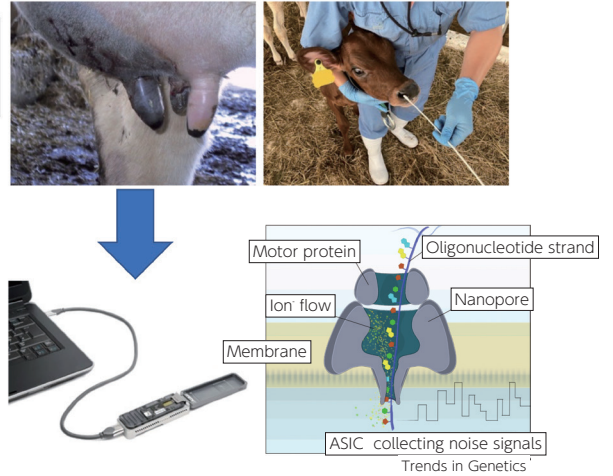


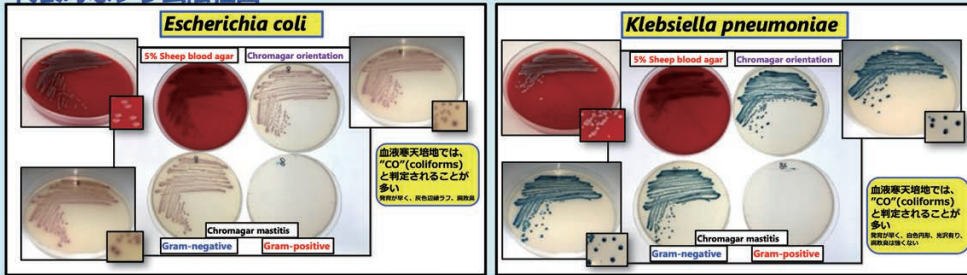
図2 薬剤耐性菌や原因細菌種の迅速判定法の開発

乳房炎原因菌簡易推定のための培地での性状比較

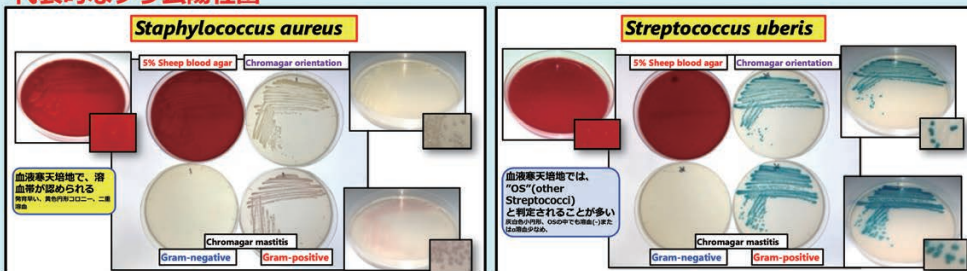
秋吉珠早、川端結、福田昭、加藤敏英、白井優  
酪農学園大学 獣医学類 食品衛生学ユニット

乳房炎に罹患した乳牛の治療は、主に抗菌薬の投与により行われる。抗菌薬の選択は、原因細菌の同定及び薬剤感受性試験の結果を基にすることが望まれる。そこで、原因細菌を推定するための一助のため、4種類の培地(5% Sheep blood agar, Chromagar orientation, Chromagar mastitis gram-negative, Chromagar mastitis gram-positive)での典型的なコロニー性状を以下に示す。  
\*プリントアウトすると、コロニーの色調が正しく判定できないことがあるため、デジタル機器を使用し拡大して判定することが望ましい。

代表的なグラム陰性菌



代表的なグラム陽性菌



電子ポスターへのリンク



図3 乳房炎の原因となる各種細菌の血液寒天培地、クロモアガー培地上でのコロニー性状をホームページ上で公開

クロモアガー™オリエンタシオン(関東化学)やクロモアガー™ Mastitis(関東化学)を用いて培養した際に認められるコロニー性状について、細菌種ごとにホームページ上で電子ポスターとして公開することで、臨床獣医師が迅速に菌種を推定し、抗菌薬の選択につなげることを可能にする取り組みを実施している(図3)。これらの取り組みを通して、動物での抗菌薬の使用量を低減し、AMR問題の解決につながることを期待される。

## ヒトや動物への耐性菌伝播における環境の役割

## 04

AMR問題は動物での抗菌薬使用、環境での循環、グローバル化による拡散と関連しており、ヒト医療、獣医療だけでなく環境も対象とした取り組みが求められている。

我々は、動物由来薬剤耐性菌だけでなく環境由来薬剤耐性菌についても研究を行ってきた。特に衛生昆虫であるハエについては、農場や市中環境で頻りに観察され、薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子のベクターとしての役割が示されている。農場のハエや家畜糞便から大腸菌を分離し性状や遺伝学的相同性を比較した結果、ハエが薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を家畜から受け取るだけでなく、他の農場や環境へ伝播している可能性、環境中で薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を維持する可能性が示された<sup>18)</sup>。また、畜産動物由来薬剤耐性菌が保有する薬剤耐性遺伝子が、ハエの腸管内で別の細菌に接合伝達していることも確認されている。ハエの腸管内にはヒトに対して高い病原性を示す細菌も含まれており、これらに耐性遺伝子が接合伝達した際のリスクは高く、ハエは薬剤耐性菌のレゼルポアかつamplifierとなりうることを示唆された。加えて、ハエが食品に接触することで食品の汚染が生じることも明らかになった。以上のことから、農場での微生物制御には伝播経路の遮断が重要であり、ハエなどの衛生昆虫の防除を含む衛生環境の改善によるAMR対策が求められている。

また、家畜糞便を含む畜産廃棄物は、薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を多く含んでいる。畜産廃棄物は、堆肥化やバイオガスプラント処理をされて土壌に散布されることが一般的であるが、堆肥処理産物に薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子が残ることで、土壌および野菜などを介して薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子がヒトに伝播する可能性が指摘されている。そこで、我々は一般的な好気性堆肥化を行った際の、堆肥中の薬剤耐性菌量/薬剤耐性遺伝子量を処理前後で比較した。結果、堆肥処理によって薬剤耐性大腸菌数は減少したが、薬剤耐性遺伝子量はほとんど減少しなかった<sup>19)</sup>。

また、これまでの研究成果を基に、堆肥化やバイオガスプラント処理された畜産廃棄物が土壌に散布され作物まで伝播するかについて検証を行うため、我々は大学の附属農場での試験を行った。大学の附属農場で、乳牛糞便、堆肥処理物、バイオガスプラント処理水、土壌および作物からクロモアガー™ ECC培地(関

東化学)を用いて指標細菌として大腸菌および大腸菌群の定量をおこなった。加えて、アンピシリンを含有させたクロモアガー™ ECC培地を用いて、アンピシリン耐性大腸菌およびアンピシリン耐性大腸菌群の定量を行った。そして、各サンプルから分離された大腸菌および大腸菌群が保有しているアンピシリン耐性遺伝子(*bla*遺伝子)の比較を行った。結果、バイオガスプラント処理水散布直後の土壌で大腸菌群の菌数が増加し、作物からも大腸菌群が検出された(大腸菌については、乳牛糞便、堆肥処理物、バイオガスプラント処理水だけでなく土壌からも検出されたが作物からは検出されず)。そして、乳牛糞便由来、堆肥処理物由来、バイオガスプラント処理物由来、土壌由来大腸菌で同一の耐性遺伝子(*bla*<sub>TEM</sub>遺伝子、*bla*<sub>CTX-M-2</sub>遺伝子)が見つかった<sup>20)</sup>。以上のことから、畜産動物由来細菌は、堆肥処理やバイオガスプラント処理を経ても、土壌まで伝播することが示唆された。加えて、別の研究グループの研究成果では、土壌に含まれる薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子が、作物の外だけでなく内部から作物を汚染し、ヒトへの伝播リスクがあることが示唆されている<sup>21)</sup>。以上のことから、畜産廃棄物に含まれる薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を可能な限り減少させることが、環境を介したヒトへの伝播リスクを減少させる上で重要となることが示された。

そのため、薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を効果的に減少させる堆肥処理法や家畜排水処理法の提案が求められている。そこで、我々は薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を減少させる対策となり得る畜産廃棄物処理法の効果の検証を行った。

1つ目に、石灰窒素/焼成ホタテ貝殻粉末を添加することによる薬剤耐性菌を含む有害細菌の制御の可能性について検証した。石灰窒素/焼成ホタテ貝殻粉末の添加前後で堆肥中の大腸菌量を調べたところ、添加によって大腸菌量が減少した。石灰窒素/焼成ホタテ貝殻粉末の添加によって堆肥をアルカリ化することで、大腸菌を含む細菌が死滅したことが示唆された<sup>22)</sup>。農場において、堆肥化は様々な環境要因の影響を受けるため、必ずしも最適な条件で実施されるわけではなく、薬剤耐性菌を含む有害な細菌が残ることがある。そのため、石灰窒素/焼成ホタテ貝殻粉末の堆肥への添加は、AMR対策として有効であると考えられた。また、石灰窒素/焼成ホタテ貝殻粉末の添加によってできた堆肥はアルカリ性となるため、酸性土壌の改良にも使用できることが期待できる。加えて、ホタテ貝殻は産業廃棄物として処理に困っている自治体も多いため、焼成ホタテとして堆肥に添加し土壌へ還元することは、産業廃棄物の有効活用法としても期待される。

2つ目に、超高温堆肥化のAMR対策としての効果を検証した。通常の好気性堆肥化では、発酵温度が60~70℃程度まで上昇するのに対し、超高温堆肥化は戻し堆肥に含まれる好熱性微生物群との相互作用により発酵温度が100℃近くに達し、場合によっては100℃を超えることもある。超高温堆肥化は一部の自治体の下水処理場の活性汚泥処理に用いられており、活性汚泥に含まれる薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子を効果的に減少させることが示されている。また、一部の酪農場では超高温堆肥化を畜

産廃棄物の処理に用いている。そこで、我々は超高温堆肥化を実施している酪農場の堆肥に含まれる薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子について解析を行った。結果、超高温堆肥化処理された堆肥産物は、薬剤耐性菌を含む大腸菌が全く検出されなくなる上、他の堆肥化方法では減少させることが困難である耐性遺伝子までほとんど検出されなくなった<sup>23)</sup>。

3つ目に、昆虫堆肥化のAMR対策としての効果を検証した。昆虫堆肥化は、ウジ(ハエ幼虫)やミミズの腸内細菌に含まれる消化酵素によって畜産廃棄物を堆肥化する方法であり、7日程度という短期間で堆肥処理が完了する利点や処理後の昆虫を水産動物などへの飼料として活用できる利点がある<sup>24)</sup>。我々は、日本で開発しているウジを用いた豚糞便の堆肥処理法のAMR対策としての効果について検証を行った。結果、昆虫堆肥化によって、豚糞便に含まれる薬剤耐性菌を含む大腸菌は著しく減少した<sup>24)</sup>。

これらの方法は、いずれもAMR対策として利点がある一方で、それぞれに導入や運用に困難な点が伴う。そのため、AMR対策が困難であったり、微生物の制御ができていない農場における堆肥処理法のオプションとして、活用を検討してほしいと考えている。

この項目では、衛生昆虫と畜産廃棄物にフォーカスをして、AMRにおける環境の重要性を紹介した。しかし、農場周辺環境を含む環境の薬剤耐性菌に関しては、ヒト医療(J-SIPHEやJANIS)や動物分野(JVARM)のような国レベルでのモニタリングが実施されておらず、データが不足している現状がある。今後、下水や河川のような環境分野での薬剤耐性菌に関するデータを充実

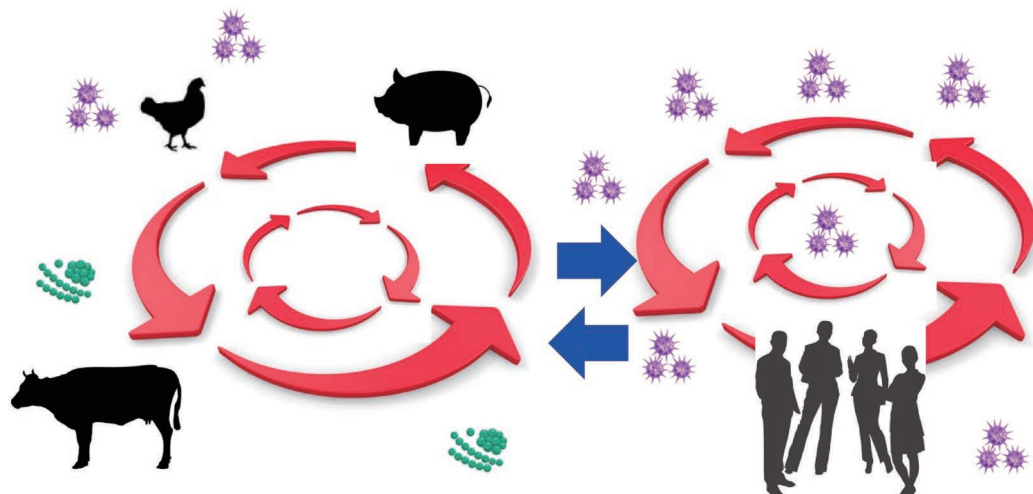
させ、ワンヘルス(ヒト-動物-環境)でのAMR対策を議論し実施していく必要がある。

おわりに

05

畜産動物由来薬剤耐性菌がヒトにどの程度伝播しているかについては、以前から議論されている。国が公開しているワンヘルス動向調査におけるヒト臨床由来大腸菌と畜産動物由来大腸菌の第3世代セファロスポリン耐性率、フルオロキノロン耐性率を年度ごとに比較すると、ヒトと動物由来大腸菌の耐性率がリンクしている可能性は低いと考えられる<sup>2)</sup>。そのため、動物とヒトの間の薬剤耐性菌の伝播は頻繁ではないと考えられる。一方、海外ではLA-MRSAがヒトに伝播し、家畜との接触がないヒトの間でも拡散しているとの報告もある<sup>25)</sup>。以上のことから、薬剤耐性菌/薬剤耐性遺伝子は、ヒトや動物といったそれぞれの分野で主に循環、伝播しているが、ひとたび分野を超えた伝播が起こると、異なる分野においても大きな問題となる可能性がある。

分野を超えた伝播は、直接的なものだけでなく、環境を介しても起こり得る。そのため、まずは分野内(動物分野内やヒト分野内)での薬剤耐性菌の選択を可能な限り防ぐための抗菌薬の適正使用(適正使用を促す検出法などのツールの開発を含む)が重要となる。そして今後は、分野を超えた伝播を防ぐためのワンヘルスアプローチがますます重要になると考えられる(図4)。



- 分野内での耐性菌**選択**(抗菌薬の適正使用)  
 - 分野を超えた**伝播**  
 を可能な限り防ぐことが重要

図4 薬剤耐性菌/耐性遺伝子の分野内および分野を超えた伝播・循環

## 参考文献

- C. J. L. Murray, K. S. Ikuta, F. Sharara, et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet*. 2022, 399, 10325, 629-655.
- Ministry of Health, Labour and Welfare. Nippon AMR One Health Report (NAOR) 2023, <https://www.mhlw.go.jp/content/10900000/001268945.pdf>. (参照 2025-11-20)
- National Veterinary Assay Laboratory, Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries. Report on the Japanese Veterinary Antimicrobial Resistance Monitoring System 2018-2019, [https://www.maff.go.jp/nval/yakuzai/pdf/JVARM\\_Report\\_2018-2019.pdf](https://www.maff.go.jp/nval/yakuzai/pdf/JVARM_Report_2018-2019.pdf) (参照 2025-11-20)
- A. Fukuda, T. Sato, M. Shinagawa, S. Takahashi, T. Asai, S. I. Yokota, M. Usui, and Y. Tamura. High prevalence of *mcr-1*, *mcr-3* and *mcr-5* in *Escherichia coli* derived from diseased pigs in Japan. *Int. J. Antimicrob. Agents*. 2018, 51, 1, 163-164.
- M. Usui, A. Fukuda, Y. Suzuki, C. Nakajima, and Y. Tamura. Broad-host-range IncW plasmid harbouring tet(X) in *Escherichia coli* isolated from pigs in Japan. *J. Glob. Antimicrob. Resist.* 2022, 28, 97-101.
- A. Fukuda, C. Nakajima, Y. Suzuki, and M. Usui. Transferable linezolid resistance genes (*optrA* and *poxA*) in enterococci derived from livestock compost at Japanese farms. *J. Glob. Antimicrob. Resist.* 2024, 36, 336-344.
- M. Kawanishi, M. Matsuda, H. Abo, M. Ozawa, Y. Hosoi, Y. Hiraoka, S. Harada, M. Kumakawa, and H. Sekiguchi. Prevalence and genetic characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from pigs in Japan. *Antibiotics*. 2024, 13, 2, 155.
- K. Harada, T. Miyamoto, M. Sugiyama, and T. Asai. First report of a blaNDM-5-carrying *Escherichia coli* sequence type 12 isolated from a dog with pyometra in Japan. *J. Infect. Chemother.* 2024, 30, 9, 938-941.
- M. Usui, A. Kajino, M. Kon, A. Fukuda, T. Sato, T. Shirakawa, M. Kawanishi, K. Harada, C. Nakajima, Y. Suzuki, and Y. Tamura. Prevalence of 16S rRNA methylases in Gram-negative bacteria derived from companion animals and livestock in Japan. *J. Vet. Med. Sci.* 2019, 81, 6, 874-878.
- R. Bonnet, R. Beyrouthy, M. Haenni, M. H. Nicolas-Chanoine, G. Dalmaso, and J. Y. Madec. Host colonization as a major evolutionary force favoring the diversity and the emergence of the worldwide multidrug-resistant *Escherichia coli* ST131. *mBio*. 2021, 12, 4, e01451-21.
- M. Usui, R. F. Sabala, S. Morita, A. Fukuda, Y. Tsuyuki, K. Torii, Y. Nakamura, K. Okamura, T. Komatsu, J. Sasaki, C. Nakajima, and Y. Suzuki. Antimicrobial susceptibility and genetic diversity of *Staphylococcus pseudintermedius* isolated from companion animals and human clinical patients in Japan: potential zoonotic implications. *J. Glob. Antimicrob. Resist.* 2025, 42, 66-72.
- A. Fukuda, K. Yamaura, K. Tokumoto, Y. Suzuki, C. Nakajima, S. Yukawa, and M. Usui. Bacterial contamination level and characterization of antimicrobial-resistant bacteria in commercial pet foods in Japan. *One Health*. 2025, 21, 101197.
- M. Usui, J. Tase, M. Onozaki, Y. Suzuki, Y. Tamura, and C. Nakajima. *Campylobacter* Express Resistance Array for detecting the presence of fluoroquinolone- and macrolide-resistant *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* in broiler farms. *J. Appl. Microbiol.* 2022, 132, 4, 3249-3255.
- A. Fukuda, A. Matsui, Y. Furuya, Y. Suzuki, Y. Tamura, C. Nakajima, and M. Usui. Simultaneous detection of fluoroquinolone- and macrolide-resistant *Campylobacter jejuni*/*Campylobacter coli* in retail chicken meat using multiplex-PCR. *Microb. Drug Resist.* 2025, in press.
- M. Usui, M. Akiyoshi, A. Fukuda, H. Iwano, and T. Kato. 16S rRNA nanopore sequencing for rapid diagnosis of causative bacteria in bovine mastitis. *Res. Vet. Sci.* 2023, 161, 45-49.
- S. Okamura, A. Fukuda, and M. Usui. Rapid detection of causative bacteria including multiple infections of bovine respiratory disease using 16S rRNA amplicon-based nanopore sequencing. *Vet. Res. Commun.* 2024, 48, 6, 3873-3881.
- N. Bartalucci, S. Romagnoli, and A. M. Vannucchi. A blood drop through the pore: nanopore sequencing in hematology. *Trends Genet.* 2022, 38, 6, 572-586.
- M. Usui, Y. Tamura, and T. Asai. Current status and future perspective of antimicrobial-resistant bacteria and resistance genes in animal-breeding environments. *J. Vet. Med. Sci.* 2022, 84, 9, 1292-1298.
- S. Katada, A. Fukuda, C. Nakajima, Y. Suzuki, T. Azuma, A. Takei, H. Takada, E. Okamoto, T. Kato, Y. Tamura, and M. Usui. Aerobic composting and anaerobic digestion decrease the copy numbers of antibiotic-resistant genes and the levels of lactose-degrading Enterobacteriaceae in dairy farms in Hokkaido, Japan. *Front. Microbiol.* 2021, 12, 737420.
- A. Fukuda, M. Suzuki, K. Makita, and M. Usui. Low-frequency transmission and persistence of antimicrobial-resistant bacteria and genes from livestock to agricultural soil and crops through compost application. *PLoS One* 2024, 19, 5, e0301972.
- Y. J. Zhang, H. W. Hu, Q. L. Chen, B. K. Singh, H. Yan, D. Chen, and J. Z. He. Transfer of antibiotic resistance from manure-amended soils to vegetable microbiomes. *Environ. Int.* 2019, 130, 104912.
- M. Enami, A. Fukuda, M. Yamada, Y. Kobae, C. Nakajima, Y. Suzuki, and M. Usui. Heated scallop-shell powder and lime nitrogen effectively decrease the abundance of antimicrobial-resistant bacteria in aerobic compost. *Environ. Technol. Innov.* 2024, 34, 103590.
- M. Usui, T. Azuma, S. Katada, A. Fukuda, Y. Suzuki, C. Nakajima, and Y. Tamura. Hyperthermophilic composting of livestock waste drastically reduces antimicrobial resistance. *Waste Manag. Bull.* 2024, 2, 3, 241-248.
- M. Usui, A. Fukuda, T. Azuma, Y. Kobae, Y. Hori, M. Kushima, S. Katada, C. Nakajima, and Y. Suzuki. Vermicomposting reduces the antimicrobial resistance in livestock waste. *J. Hazard. Mater. Adv.* 2024, 16, 100491.
- M. M. Konstantinovskii, L. M. Schouls, S. Witteveen, E. C. J. Claas, M. E. Kraakman, J. Kalpoe, E. Mattson, D. J. Hetem, E. P. M. van Elzakker, J. Kerremans, V. Hira, T. Bosch, and J. Gooskens. Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* epidemiology, genetic diversity, and clinical characteristics in an urban region. *Front. Microbiol.* 2022, 13, 875775.