

伴侶動物を感染源とする細菌性の動物由来感染症

Bacterial zoonotic diseases transmitted by companion animals

梅田 薫
Kaoru Umeda

地方独立行政法人大阪健康安全基盤研究所 主幹研究員
Osaka Institute of Public Health (Principal researcher)

KEYWORD ▶

伴侶動物

動物由来感染症

細菌感染症

受理日:2026年2月18日

はじめに

01

犬や猫に代表されるペット(伴侶動物)は人の癒しとなる一方、動物由来感染症の感染源となることもある。2025年の調査によると、国内の犬の飼育頭数は約680万頭、猫の飼育頭数は約885万頭と推測されており、多くの人が伴侶動物と生活を共にしていることがわかる¹⁾。動物と生活する上で、咬傷や創傷は日常的に起こりうるものであり、環境省の調査によると、犬による咬傷事故件数(届出られたものに限る)は年間約5,400件にのぼる²⁾。伴侶動物を感染源とする動物由来感染症は、我々にとって身近なものと言えるであろう。

伴侶動物から感染する動物由来感染症において、国内で発生するものの多くが感染症法の枠組みの外となるため、正確な発生件数を把握することは困難である。比較的軽い症状で済む感染症が多いものの、時に重篤な症状を引き起こす場合や死亡に至る場合もあることから、それらの疫学や分布状況を明らかにし、予防対策や啓発活動を講じることが重要である。

本稿では、伴侶動物の咬傷などから感染し、国内で発生している細菌性の動物由来感染症を中心に、発生状況、病原体分布状況に加えてゲノム解析から明らかにされつつある知見を交えて取り上げたい。

ことによって引き起こされる動物由来感染症である³⁾。本菌はグラム陰性、糸状桿菌で、二酸化炭素が多い環境(嫌気または微好気)でよく増殖する。発育は遅く、通常の培養検査では同定までに3~7日を要することもある。犬や猫の歯周に常在するが、動物にとっては無害であり、歯の萌出とともに*Capnocytophaga*属菌が好む環境が整い、菌が定着すると考えられている。筆者らが過去に行った調査では、犬の約70%、猫の約55%が口腔内に本菌を保有していた⁴⁾。

この感染症は、発症する患者数は少ないものの、重症化すると敗血症や髄膜炎を引き起こし、播種性血管内凝固症候群(DIC)や敗血症ショック、多臓器不全に進行して死に至ることもある。重症化した場合の致死率は約30%にもなる。特に免疫機能が低下した人(糖尿病、アルコール依存症、脾臓摘出を受けた人、高齢者)に重症化のリスクが高い。正確な発症数の統計は存在しないが、文献的には世界で500例以上、国内で100例以上が報告されている。重症例から分離されるのは、主に*C. canimorsus*である^{3, 5)}。犬・猫からの咬傷や搔傷から感染するが、珍しい例では、サウジアラビアでライオンに咬まれたことから感染し、感染性心内膜炎を発症した症例が報告されている⁶⁾。

2-2. *Capnocytophaga*属菌の荚膜血清型と病原性について

本菌は、犬や猫に高い確率で常在する一方、人の感染症例数(重症化症例数)は稀少である。従前は免疫機能低下等、人の感受性の高さが主な発症要因と考えられてきた。しかし、現在は免疫機能に問題がない人の重症例も多く、基礎疾患を有する患者は約半数にとどまる^{3, 5)}。この不均衡の原因として、特定の菌が持つ何らかの病原因子と、人への病原性や親和性との関連が疑われてきた。病原因子の候補として、シアリダーゼ、リポポリサッカライド、滑走運動、細胞毒性やサイトカイン産生抑制等が挙げられてきたが⁷⁾、近年、菌の荚膜血清型と人への病原性との関連を疫学的に示すデータが発表された⁸⁾。

カプノサイトファーガ感染症

02

2-1. 病原体、病態と発生動向

カプノサイトファーガ感染症は、犬や猫の口腔内に常在する*Capnocytophaga*属菌が、咬傷や創傷を通じて人に感染する

患者および犬から分離された*Capnocytophaga*属菌を9種類のカリフォルニア血清型に分類、比較したところ、患者から分離された*C. canimorsus*の89.6%は血清型A、B、またはCに属していた一方、犬分離株においては7.6%であった。患者分離株におけるA・B・C血清型の高い頻度は、これら3血清型が他の血清型よりも人に対してより病原性が高いことを示唆し、感染症例数の稀少さは、犬におけるA・B・C血清型の低い頻度と関連している可能性を示唆している⁹⁾。一方、特定のカリフォルニア血清型の菌がどのように人への移行性や病原性に関与しているかは明らかにされておらず、複数の因子が共同して関連している可能性もあることから、今後の研究が期待される。

2-3. 迅速診断のための質量分析装置(MALDI-TOF MS)の応用

前述のとおり、本症は重症化への進行が早く致死率が高いことから、迅速な微生物同定・診断および早期の抗菌薬治療が重要である。一方、*Capnocytophaga*属菌は遅発育なため、臨床現場において、質量分析装置(MALDI-TOF MS)を用いた菌種同定や薬剤感受性判定が特に有用な微生物と言える。

本症の主な起因菌は*C. canimorsus*であるが、*C. cynodegmi*や、近年新菌種として登録された*C. canis*、*C. felis*、

C. stomatis、*C. catalasegens*による感染症が散発的に報告され、特に*C. canis*は国内外で敗血症例や死亡症例が報告されている。しかし、質量分析装置に付属する市販の同定ライブラリーが対応しているのは*C. canimorsus*と*C. cynodegmi*のみであり、新菌種には対応していない。実際、上記の新菌種の質量分析装置の同定結果では、*Capnocytophaga*属菌が菌種同定の候補にも挙がらない場合が多い。

筆者らは、質量分析装置 MALDI Biotyper[®](Bruker)を用いた4種類の新菌種のIn-house同定ライブラリーの構築を検討した。得られたスペクトルデータから作成したMain Spectra (MSP) 系統樹を示す(図1)。系統樹において、新たにライブラリーを作成した*C. canis*、*C. felis*、*C. catalasensis*、*C. stomatis*は、菌種ごとに形成されたクラスターが確認できたとともに、従来のデータベース(*C. canimorsus*、*C. cynodegmi*)とは異なる枝分かれを示した。様々な由来(標準株、犬・猫由来株、患者由来株等)の*Capnocytophaga*属菌を用いて、Average nucleotide identity (ANI) 値や16S rRNA塩基配列から決定した菌種名と新たなライブラリーを追加したMALDI Biotyper[®]による同定結果(菌種名)を比較したところ、100%の一致を示した。

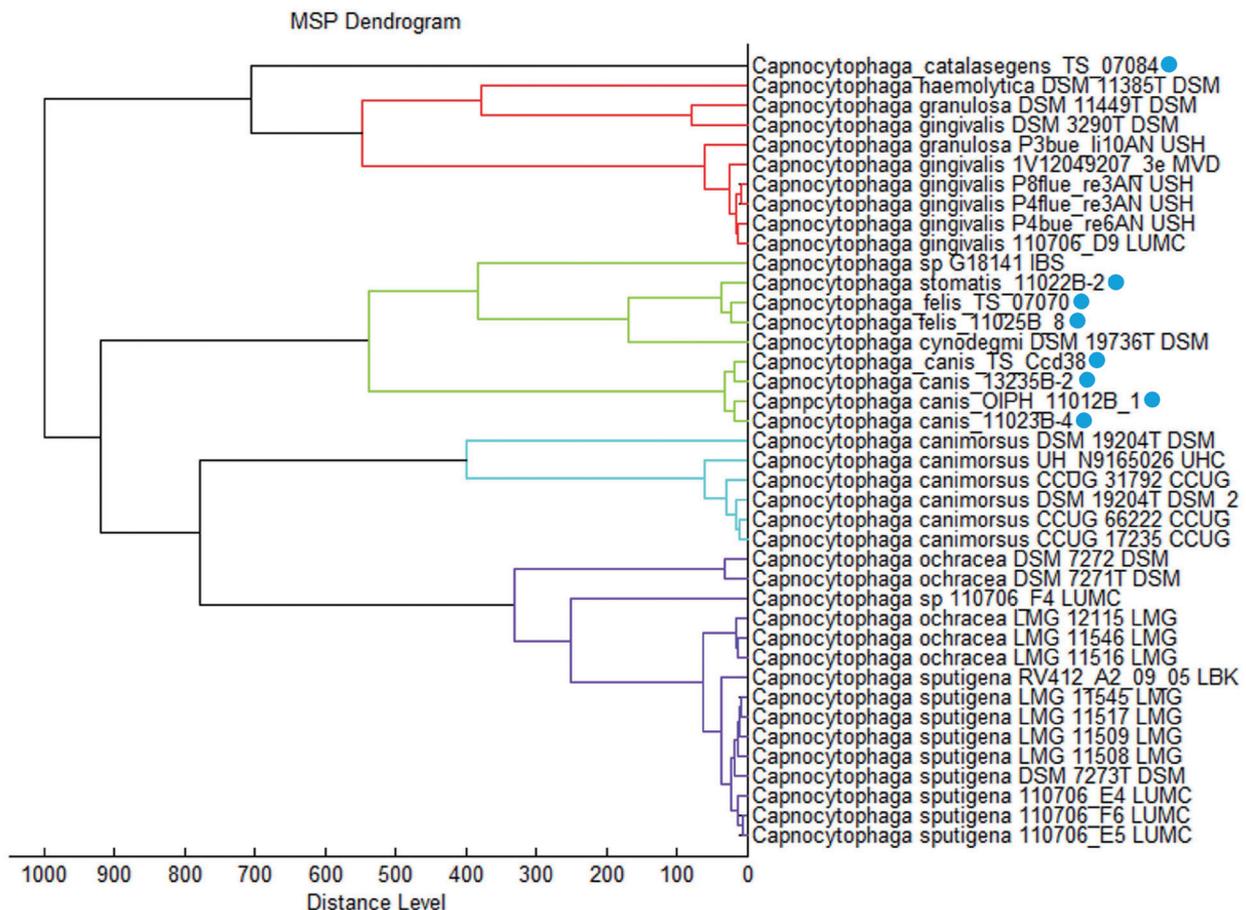


図1 *Capnocytophaga*属菌 新菌種の同定ライブラリー作成-MSP系統樹
MALDIバイオタイパー・既存の*Capnocytophaga*属菌ライブラリーに、
新たに作成したライブラリー(●)を加えたMSP dendrogram
MALDIバイオタイパー コンパス エクスプローラー(Bruker)で作成

また、本菌の薬剤耐性は比較的少ないと言われているが、カルバペネム系薬剤の耐性菌やβ-ラクタマーゼ産生菌の報告もある⁹⁾。*Capnocytophaga*属菌のβ-ラクタマーゼの検出には、質量分析装置MALDI Biotyper[®]を用いた「MBT STAR[®] Carba/Cepha」キット(Bruker)が有用であった。数時間でβ-ラクタマーゼ産生菌の検出が可能であり、E-testを用いたセフェム系、カルバペネム系の薬剤感受性試験結果とも高い一致率を示した。

近年、筆者らの研究グループは、*Capnocytophaga*属菌の

新たなβ-ラクタマーゼとしてClass A サブクラスIIIに属するペニシリナーゼCST-1を同定した。本*cst-1*遺伝子は染色体上に存在し、*Prevotella*属菌などが持つβ-ラクタマーゼ*cfxA*グループと約70%の相同性を持つ(図2A)。上流にインテグラーゼを保有し、BLAST検索において*Bacteroides*属菌にもほぼ同一の遺伝子が同定されたため、遺伝子カセットとして菌種間を移動し得ると考えられた(図2B)¹⁰⁾。CST-1についても本キットで検出可能であった。

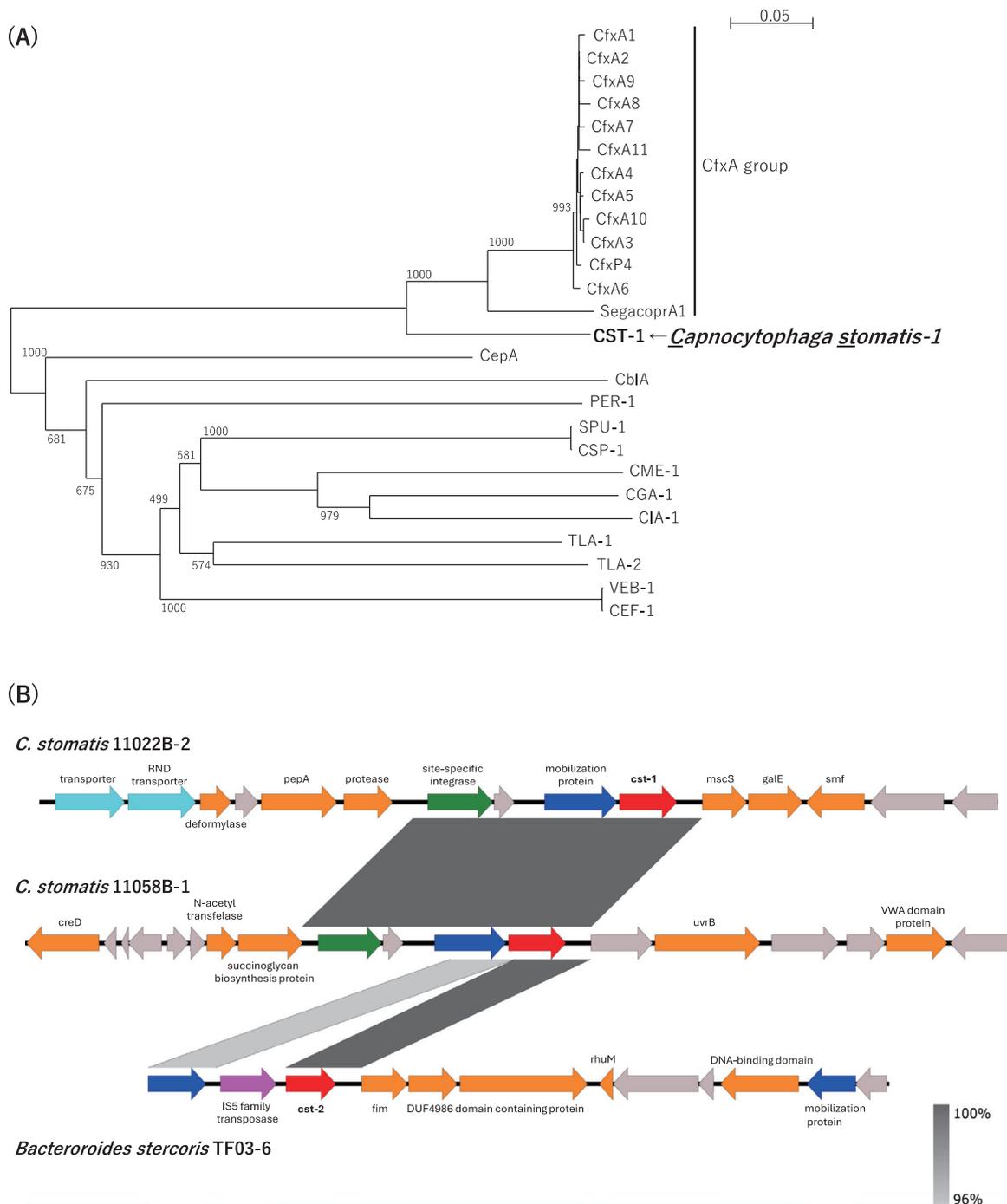


図2 *Capnocytophaga*属菌の新規β-ラクタマーゼ CST-1¹⁰⁾
 (A) Class A (subclass A2) β-ラクタマーゼ アミノ酸配列系統樹 (B) *cst-1*遺伝子周辺構造

3-1. 病原体、病態と分離培養

パストレラ感染症の起因菌*Pasteurella multocida*は通性嫌気性、非運動性、無芽胞のグラム陰性桿菌で、口腔内常在菌として犬、猫、その他の哺乳類に広く分布している。本菌の人への主な感染経路は、動物の咬傷・搔傷による直接感染であり、犬で20～40%、猫では60～70%の確率で人に感染する。主な症状は受傷部位の腫脹や疼痛、皮膚の化膿などで、通常は、受傷後数時間から48時間以内と比較的短時間で発症する。一方、咬傷が深部に達すると化膿性骨髄炎や関節炎を生じる場合があり、蜂窩織炎や敗血症などの全身重症感染症例や死亡症例も報告されている。正確な症例数は不明ながら、近年増加傾向にあるとされ、伴侶動物を感染源とする最も身近な感染症と言って差し支えない¹¹⁾。

本菌は犬の約75%、猫のほぼ100%が口腔内に保菌するとされているが¹¹⁾、筆者らの保菌調査においては犬の約7%、猫の約70%が口腔内に*P. multocida*を保菌し、3カ月齢以上の猫であればどのような生活背景であっても高い割合で保菌していた¹²⁾。保菌調査は遺伝子検出法(PCR)で実施したが、分離菌の性状解析のため、同時に分離培養を行った。従来、分離培養では、動物の口腔スワブを塗抹した血液寒天培地に発育したコロニーからパストレラ属菌様コロニーを多数釣菌した後、性状判定や遺伝子検出法により菌種同定を行っていた。血液寒天培地には夾雑菌が多く発育し、さらにパストレラ属菌には目立った特徴がないため、分離培養は煩雑かつ成功率も低かった。近年発売された酵素基質培地、クロモアガー™ パストレラ培地(関東化学)を分離培養に導入した結果、夾雑菌の発育が抑えられ、また、*P. multocida*と、伴侶動物に常在する*P. multocida*以外のパストレラ属菌(*P. dagmatis*等)で微妙なコロニーの色彩の違いが確認された。本培地を使用することにより、*P. multocida*の分離率が飛躍的に上昇し、作業時間も短縮することができた(図3)。

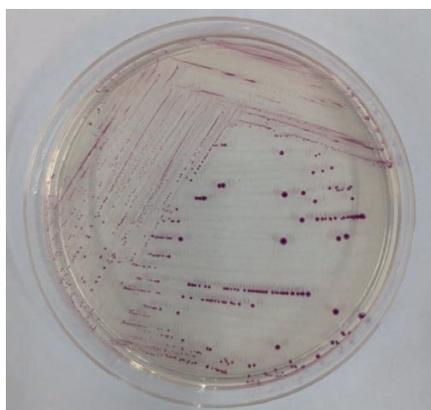
3-2. *P. multocida*の病原因子とゲノム解析

*P. multocida*は、伴侶動物由来の感染症だけでなく、産業動物に家禽コレラ(鶏)や出血性敗血症(牛・水牛)といった法定伝染病を引き起こす。また、子牛パストレラ症などでは、環境ストレスや免疫力低下時の二次感染の原因菌にもなり、さまざまな病型(敗血症、肺炎、乳房炎など)を呈する。このような広い宿主域と多様な臨床症状には、*P. multocida*の遺伝学的多様性が関与すると考えられている。

*P. multocida*は、3つの亜型(subsp. *multocida*, *septica*, *gallicida*)、5つの莢膜型(A, B, D, E, F)、16の血清型(1～16)、8つのLPS型(L1～L8)に分類されるほか、様々な病原因子遺伝子を保有する。宿主域によって分離される菌型に偏りが生じることが古くから知られていたが、近年、異なる宿主に特異的に親和性を持つ株の間で、どの遺伝子が病原性の違いを生んでいるのか特定が進められている^{13, 14)}。

伴侶動物由来の感染症において、Smallmanらは猫・犬由来株および患者由来株のコアゲノム系統解析の成果を報告した¹⁵⁾。猫・犬由来株は系統樹全体に分散していたのに対して、患者由来株はほぼすべてsubsp. *septica*株の特定の系統に位置していた。また、患者由来株のほとんどは莢膜型Aに属し、LPS型はL1またはL3であった。このことから、人に感染症を引き起こすのは限定された範囲の株であることが示唆された。また、ゲノム解析より、患者由来株に特有の性状が検索された。患者由来株の多くでは鉄受容体のレパートリーが減少しており、線維状ヘマグルチン遺伝子も1つしか持っていなかった。また、遺伝子-形質解析により、患者由来株に多いsubsp. *septica*株で過剰に発現しているL-フコースの取り込みおよび利用経路が同定された。これは、この亜種における新規の宿主特化メカニズムを示す可能性がある。さらに、患者由来株の一部において莢膜生合成遺伝子座の欠落、新規のLPS遺伝子座や新規の可動性遺伝因子が見いだされた¹⁵⁾。

筆者らが国内で分離された犬・猫由来株の莢膜型、LPS型、病原因子遺伝子を調べた結果、既報の患者由来株と共通する莢



クロモアガー™ パストレラ培地



ヒツジ血液寒天培地

図3 *Pasteurella multocida* コロニー像 (35℃、20時間、好気培養)

膜・LPS型や病原因子遺伝子を持つ株が検出された。一方、犬・猫由来株の中には、海外における既報と異なる型や遺伝子を保有する株も存在した¹²⁾。国内の犬・猫由来株のゲノム解析例は少ないため、今後は海外株との比較も実施したい。また、ゲノム解析を通じて、各病原因子の宿主への作用機構についても分子レベルでの解析が期待される。

された*C. ulcerans*計582株の全ゲノム解析に基づく研究成果が報告された²³⁾。上述の国内株の研究成果と同様、*C. ulcerans*は多様な遺伝学的背景を持つ集団であり、患者由来株と伴侶動物(犬・猫)由来株が同じ系統(クラスター)に属していたことから、両者の遺伝的な関連性が明らかになった一方、動物(伴侶動物、野生動物)由来株のみが属するクラスターが存在した。また、患者由来株と野生動物由来株が同一クラスターに分類された例がなかったことから、伴侶動物が人への主要なリザーバーとなっていることの遺伝的な裏付けがなされた。

*C. ulcerans*の一部がジフテリア毒素を産生するに至った過程についてもゲノム解析により解明されつつある。*C. ulcerans*には、ジフテリア毒素を産生する株としない株が混在し、進化の過程で何度も毒素を獲得したり失ったりしていると考えられている。一部のジフテリア毒素ファミリーは*Corynebacterium*属の複数の菌種間で共有され、種をまたいだ可動性因子、*tox*-プロファージの伝達の関与が示唆されている。ゲノム解析より、4種類のジフテリア毒素ファミリー、5種類の*tox*-プロファージファミリー、および新規の毒素遺伝子を運ぶ遺伝要素が発見された²³⁾。毒素遺伝子を運ぶ可動性因子に関連し、国内ではジフテリア毒素遺伝子を2つ保有する*C. ulcerans*株が見いだされた²⁴⁾。国内で多くみられる*tox*-プロファージである0102プロファージのすぐ下流に、もう一つのジフテリア毒素遺伝子をコードする遺伝子群が挿入されたと考えられ、毒素遺伝子の集積による強毒化も懸念される。

ゲノム解析の進歩に伴い、菌種の分類はより複雑(詳細)になっている。*Corynebacterium*属菌においても、従来*C. ulcerans*の枝分かれ系統の1つと考えられていた菌株(ST344系統など)が、2023年に独立した新菌種*C. ramonii*として提案された(図4)²⁵⁾。その一部はジフテリア毒素を産生し、人にジフテリア様症状を引き起こす。国内の調査でもジフテリア毒素産生性*C. ramonii*が猫と人の両方から分離されている²⁶⁾。ジフテリア毒素遺伝子は可動性因子を介して菌種内・菌種間を移動し、毒素産生性の新菌種も報告されたことから、*C. ulcerans*か否かに関わらず、臨床症状やジフテリア毒素産生性(遺伝子保有)に着目して検査を行い、疫学情報、菌種、ゲノム等の情報を収集していく必要がある。

コリネバクテリウム・ウルセランス感染症 04

4-1. 感染症の概要と国内発生動向

*Corynebacterium ulcerans*は、通性嫌気性のグラム陽性桿菌で、2類感染症に指定されているジフテリア症の原因菌*C. diphtheriae*の近縁菌である。一部の*C. ulcerans*はジフテリア毒素を産生し、ジフテリアと同様、人に呼吸困難、嚔声、咽頭痛、咳、発熱、咽頭の白色偽膜等の呼吸器症状に加え、非呼吸器症状(皮膚潰瘍、リンパ節腫脹や膿瘍)を引き起こす¹⁶⁾。

人への感染経路としては犬・猫等の伴侶動物の関与が大きい。国内では2001年の初症例以来、2020年までに36症例が報告されているが、ほぼすべての症例において、動物との接触歴がある。特に猫の関与が大きく、内27症例で猫の飼育や猫との接触歴が認められている。他には犬の飼育、インコの繁殖などの履歴を持つ症例もある。発生地域は北海道から九州まで全国に渡り、患者は高齢の女性が多く、重症化する割合も高い。呼吸器症状を示した症例が全体の約3分の2を占め、死亡症例も重篤な呼吸器症状であった¹⁷⁾。

4-2. *C. ulcerans*の分布状況と遺伝学的多様性

国内における犬・猫の調査では、*C. ulcerans*の保菌率は0~10%であった¹⁸⁾。過去に筆者らが犬および猫の保菌状況を調査した結果、猫137頭中5頭(3.6%)からジフテリア毒素産生性の*C. ulcerans*が分離された¹⁹⁾。陽性猫はすべて健康状態の悪化した成猫であった。猫由来株の全ゲノム解析を行い、既にデータベース上に報告されていた国内他地域の患者分離株の全ゲノム情報と比較した結果、国内に広く分布している系統であるST337系統²⁰⁾に属し、種々の病原因子遺伝子保有状況も同一であった。また、SNP解析より遺伝的に非常に近縁であることも確認された(図4)²¹⁾。

国内株を用いた研究から、*C. ulcerans*は大きく3つの遺伝学的グループに分かれることが確認されている²²⁾。このうち2つのグループは患者由来株および患者に関連する犬・猫由来株で構成され、それ以外(野生動物、猟犬など)は、残った1つのグループに集中していた。これらのことから、*C. ulcerans*が「人と伴侶動物」に分布するグループと、「野生動物圏」に分布するグループとして存在していることが示唆されている²²⁾。

海外では2025年に欧州を中心に様々な地域や由来から分離

伴侶動物に分布する薬剤耐性菌とワンヘルス 05

これまでに総説した「動物由来感染症」とは趣旨が異なるが、伴侶動物と人との間における病原体の移行や循環に関するトピックスとして、薬剤耐性(Antimicrobial Resistance:AMR)の問題が国内外で注目されている。

国内での伴侶動物における薬剤耐性菌対策の取り組みは、政府の「薬剤耐性(AMR)対策アクションプラン(2023-2027)」

においても、人・動物・環境を一体と捉えて包括的に対策を行う「ワンヘルス・アプローチ」の重要な一環として位置づけられている(図5)。伴侶動物における薬剤耐性菌モニタリングは、

アクションプランの一環として、動物由来薬剤耐性モニタリング(JVARM)に組み込まれ、2017年より全国規模で実施されている²⁷⁾。

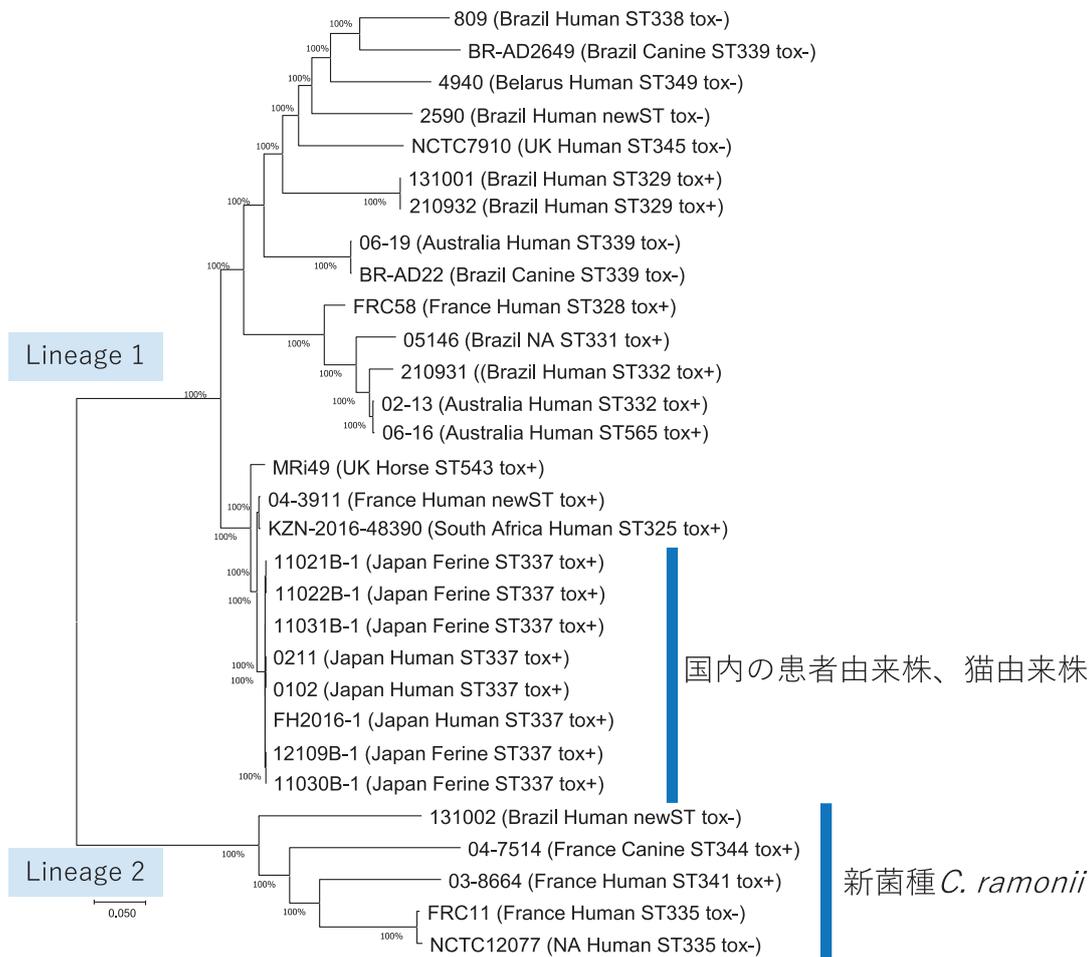


図4 *Corynebacterium ulcerans* 全ゲノムSNP系統樹²¹⁾を改変

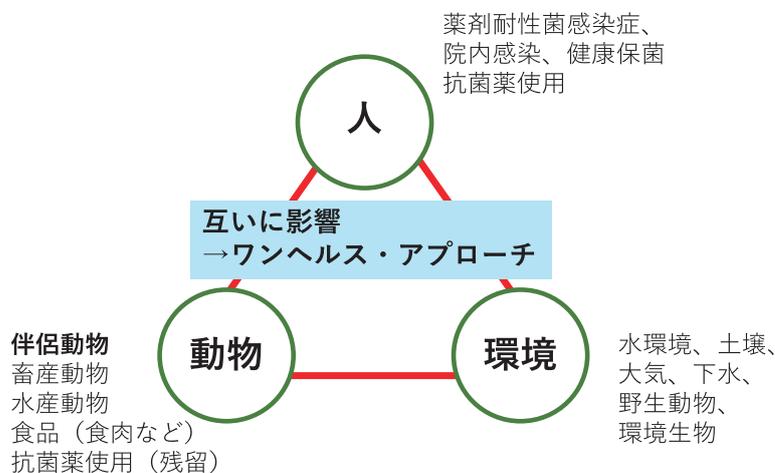


図5 ワンヘルス・アプローチと薬剤耐性菌の循環

実際に伴侶動物が人の薬剤耐性菌のリザーバーとして機能しているか否かについては、見解が分かっている。ドイツでの症例対照研究(特定の疾患を持つ群と持たない群を比較し、過去にさかのぼってリスク要因を評価する疫学研究)において、「伴侶動物の飼育」と「患者の多剤耐性菌の保有」には関連が認められなかった²⁸⁾。一方、国内では地域で流行している型のメチシリン耐性黄色ブドウ球菌(MRSA)が伴侶動物からも検出された報告²⁹⁾、人の医療分野で問題視されている、基質特異性拡張型β-ラクタマーゼ(ESBL)産生やフルオロキノロン耐性を示す大腸菌ST131系統が伴侶動物からも分離されている報告^{27, 30)}など、人と伴侶動物間の耐性菌伝播を示唆する例が挙げられている。いずれにせよ伴侶動物の薬剤耐性菌保有率は20年前と比較して著しく上昇しており、獣医療での抗菌薬使用状況や環境汚染などを含め、継続したモニタリングが求められている。

参考文献

1. 日本ペットフード協会. 令和7年(2025年)全国犬猫飼育実態調査, <https://petfood.or.jp/data-chart/> (参照 2026-01-16).
2. 環境省. 動物愛護管理行政事務提要(令和6年度版)II. 3. 動物による事故(1)犬による咬傷事故状況(全国:昭和49年度~令和5年度), https://www.env.go.jp/nature/dobutsu/aigo/2_data/statistics/gyosei-jimu_r06.html (参照 2026-01-16).
3. 厚生労働省. カプノサイトファーガ感染症に関するQ&A, <https://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/kekkaku-kansenshou18/capnocytophaga.html> (参照 2026-01-16).
4. K. Umeda, R. Hatakeyama, T. Abe, K. Takakura, T. Wada, J. Ogasawara, S. Sanada, and A. Hase. Distribution of *Capnocytophaga canimorsus* in dogs and cats with genetic characterization of isolates. *Vet. Microbiol.* 2014, 171, 1-2, 153-159.
5. 鈴木道雄. カプノサイトファーガ感染症. *日本獣医師会雑誌*. 2019, 72, 5, 256-260.
6. M. Barry. Double Native Valve Infective Endocarditis due to *Capnocytophaga canimorsus*: First Reported Case Caused by a Lion Bite. *Case Rep. Infect. Dis.* 2018, 8, 4821939.
7. W. Gaastra and L. Lipman. *Capnocytophaga canimorsus*. *Vet. Microbiol.* 2010, 140, 3-4, 339-346.
8. F. Renzi, E. Hess, M. Dol, D. Koudad, E. Carlier, M. Ohlén, E. Moore, and G. R. Cornelis. Capsular serovars of virulent *Capnocytophaga canimorsus* are shared by the closely related species *C. canis* and *C. cynodegmi*. *Emerg. Microbes Infect.* 2018, 7, 124.
9. S. Zangenah, A. F. Andersson, V. Özenci, and P. Bergman. Genomic analysis reveals the presence of a class D beta-lactamase with broad substrate specificity in animal bite associated *Capnocytophaga* species. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2017, 36, 657-662.
10. K. Umeda, M. Suzuki, and K. Imaoka. Investigation of antimicrobial susceptibility and resistance gene prevalence in *Capnocytophaga* spp. isolated from dogs and cats and characterization of novel class A β-lactamase CST-1. *Eur. J. Clin. Microbiol. Infect. Dis.* 2025, 44, 559-569.
11. 岸本寿男, 山田章雄編. *ズーノーシスハンドブック*. メディカルサイエンス社, 2009, 144-145.
12. 梅田薫, 松田由美恵, 高橋弥歌, 巴里俊哉. 大阪市内の犬、猫における *Pasteurella multocida* の保菌状況調査. *大阪健康安全基盤研究所年報* 2025, 9, 1-7.
13. M. Harper, J. Boyce, and B. Adler. *Pasteurella multocida* pathogenesis: 125 years after Pasteur. *FEMS Microbiol. Lett.* 2006, 265, 1, 1-10.
14. Z. Peng, X. Wang, R. Zhou, H. Chen, B. A. Wilson, and B. Wu. *Pasteurella multocida*: Genotypes and Genomics. *Microbiol. Mol. Biol. Rev.* 2019, 83, 4, e00014-19.
15. T. R. Smallman, L. Perlaza-Jiménez, X. Wang, T. M. Korman, D. Kotsanas, J. S. Gibson, C. Turni, M. Harper, and J. D. Boyce. Pathogenomic analysis and characterization of *Pasteurella multocida* strains recovered from human infections. *Microbiol. Spectr.* 2024, 12, 4, e03805-23.
16. 厚生労働省. コリネバクテリウム・ウルセランスに関するQ&A, https://www.mhlw.go.jp/bunya/kenkou/kekkaku-kansenshou18/corynebacterium_02.html (参照 2026-01-16).
17. 山本明彦, 岩城正昭, 木村美幸, 妹尾充敏, 見理剛. コリネバクテリウム・ウルセランス感染症の発生状況について. *病原微生物検出情報*. 2023, 44, 2, 25-27.
18. 高橋元秀. ジフテリア毒素原性 *Corynebacterium ulcerans* の感染症. *日本獣医師会雑誌*. 2010, 63, 11, 813-818.
19. 梅田薫, 畠山理沙, 阿部拓人, 高倉耕一, 小宮貴子, 岩城正昭, 山本明彦, 真田秀一. 大阪市の犬・猫・ネズミにおけるジフテリア毒素産生性 *Corynebacterium ulcerans* の保有状況と分離株の性状. *日本獣医師会雑誌*. 2015, 68, 12, 765-769.
20. T. Sekizuka, C. Katsukawa, M. Kuroda, K. Shibayama, K. Otsuji, M. Saito, A. Yamamoto, and M. Iwaki. Limitations of Ribotyping as Genotyping Method for *Corynebacterium ulcerans*. *Emerg. Infect. Dis.* 2020, 26, 10, 2457-2459.
21. K. Umeda and Y. Hirai. Comparative whole-genome analysis of diphtheria toxin-producing *Corynebacterium ulcerans* isolates from sheltered cats in Osaka, Japan. *J. Vet. Med. Sci.* 2023, 85, 7, 735-738.

おわりに 06

伴侶動物と人との関わりにおいては近年、動物を「命あるもの」として大切に、「人と動物が共に健康に生きること」を重要視する機運が高まってきている。具体的には2019年に「動物の愛護及び管理に関する法律(動物愛護管理法)」が改正され、飼い主の責任の明確化、動物取扱業の規制強化、虐待・遺棄に対する罰則の強化等が定められた。野外猫のTNR(Trap/捕獲、Neuter/不妊去勢手術、Return/元の場所に戻す)活動を含めた地域猫活動などの動物の適正管理も各地で実施されている。

人と動物とのより良い共生社会には、動物由来感染症の適切なコントロールが欠かせない。適正飼養や節度ある触れ合いに加え、動物由来感染症について必要な知識や情報を知ること、動物から咬傷や搔傷を受けた場合にも、重症化する前に医療機関に繋がり必要な治療を受けることができる。細菌性の動物由来感染症の診断においては、酵素基質培地や質量分析装置の導入によって、迅速な病原体同定が可能になってきている。研究においては、ゲノム解析から「人に病気を引き起こしやすい菌、重症化しやすい菌」の特徴が明らかになってきたことは興味深い。今後、研究成果の診断マーカーや重症化予防への応用が期待される。

22. 岩城正昭. コリネバクテリウム・ウルセランス感染症. モダンメディア. 2020, 66, 7, 191-195.
23. C. Crestani, V. Passet, M. Rethoret-Pasty, N. Zidane, S. Brémont, E. Badell, A. Criscuolo, and S. Brisse. Microevolution and genomic epidemiology of the diphtheria-causing zoonotic pathogen *Corynebacterium ulcerans*. *Nat. Commun.* 2025, 16, 1, 4843.
24. J. Kawase, T. Sekizuka, T. Sakai, N. Fujisawa, M. Iwaki, M. Kimura, and M. Kuroda. Complete Genome Sequence of *Corynebacterium ulcerans* Strain TSU-28, Harboring Two Diphtheria Toxin Genes, Isolated from a Patient with Diphtheria-Like Symptoms. *Microbiol. Resour. Announc.* 2023, 12, 6, e00072-23.
25. C. Crestani, G. Arcari, A. Landier, V. Passet, D. Garnier, S. Brémont, N. Armatys, A. Carmi-Leroy, J. Toubiana, E. Badell, and S. Brisse. *Corynebacterium ramonii* sp. nov., a novel toxigenic member of the *Corynebacterium diphtheriae* species complex. *Res. Microbiol.* 2023, 174, 7, 104113.
26. C. Shitada, M. Moriguchi, H. Hayashi, K. Matsumoto, M. Mori, et al. Genomic Analysis of Novel Bacterial Species *Corynebacterium ramonii* ST344 Clone Strains Isolated from Human Skin Ulcer and Rescued Cats in Japan. *Zoonotic Diseases.* 2024, 4, 4, 234-244.
27. 佐藤豊孝, 田村豊. わが国における伴侶動物由来薬剤耐性菌の現状. *日本化学療法学会雑誌.* 2022, 70, 2, 189-199.
28. C. Hackmann, A. Genath, D. Gruhl, A. Weber, F. Maechler, A. Kola, F. Schwab, S. Schwarz, A. Lübke-Becker, T. Schneider, P. Gastmeier, and R. Leistner. The transmission risk of multidrug-resistant organisms between hospital patients and their pets - a case-control study, Germany, 2019 to 2022. *Euro. Surveill.* 2024, 29, 39, 2300714.
29. 角井真名美, 久恒順三, 菅井基行. 伴侶動物由来MRSAに関する最新動向. *病原微生物検出情報.* 2024, 45, 3, 43-44.
30. K. Umeda, A. Hase, M. Matsuo, T. Horimoto, and J. Ogasawara. Prevalence and genetic characterization of cephalosporin-resistant Enterobacteriaceae among dogs and cats in an animal shelter. *J. Med. Microbiol.* 2019, 68, 3, 339-345.