

広島市におけるサルモネラの薬剤耐性状況と 薬剤耐性遺伝子

石村勝之¹、下村 佳¹、古田喜美¹、国井悦子¹、吉野谷進¹、谷口正昭¹、

萱島隆之¹、笠間良雄¹、松本 勝¹、荻野武雄¹

Ashraf M. Ahmed²、島本 整²

広島市衛生研究所 生物科学部¹ 広島大学大学院生物圏科学 食品衛生学²

【目的】

サルモネラなど食中毒菌の薬剤耐性化とヒト臨床との関わりは以前より懸念されてきたが、近年改めて重要な食品微生物問題として、その実態の把握とその影響評価が求められている。広島市においてもサルモネラは食中毒や下痢症の主要原因菌であることから、演者らは本市で分離されたサルモネラについて、6 薬剤に対する薬剤耐性と耐性遺伝子の保有状況を疫学的観点から検討したので報告する。

【方法】

1 . 菌株：2001 年～2004 年に広島市において分離されたヒト下痢症由来 667 株および食品由来 64 株のサルモネラ計 731 株を供試した。

2 . 薬剤感受性試験：アンピシリン(ABPC)、ストレプトマイシン(SM)、カナマイシン(KM)、ナリジクス酸(NA)、テトラサイクリン(TC)、クロラムフェニコール(CP)、の 6 薬剤について、NCCLS 法に準拠し、センシディスク(BBL)を用いた KB 法により試験した。

3 . 薬剤耐性遺伝子解析：主にヒト下痢症由来の 131 株について以下の解析を行った。

(1) -ラクタマーゼ遺伝子(*bla*)検出：TEM、SHV、OXA、CTX-M、CMY、GES の各 *bla* 遺伝子を PCR 法で増幅検出した。

(2) インテグロン(*int.*)検出：class 1 および class 2 *int.* の有無を各 class の保存領域に特異的な primer を用いた PCR 法で増幅検出した。

(3) 塩基配列解析：PCR 増幅 DNA の両鎖配列をダイレクトシーケンス法により決定し、薬剤耐性遺伝

子とその並びを同定した。

【結果】

1 . ヒト下痢症由来サルモネラ分離株の薬剤耐性：分離株数の多い *S. Enteritidis*(S.E), *S. Typhimurium*(S.T), *S. Infantis*(S.I) の耐性率および主要耐性パターンは、S.E 66.4%, SM/ABPC, SM, ABPC, NA, S.T 71.4%, SM/ABPC/TC/CP、S.I 84.2%, SM/KM/TC, SM/TC であった。

2 . 食品由来サルモネラ分離株の薬剤耐性：鶏肉分離の S.I の耐性率、主要耐性パターンは、99.2%, SM/KM/TC, SM/TC で、ヒト下痢症由来株と同様の傾向であった。

3 . 薬剤耐性遺伝子の解析結果：本市分離 S.E の解析では、SM/ABPC 耐性 S.E は TEM-1 型 *bla* 遺伝子 (*bla*_{TEM-1}) および新タイプの遺伝子カセットが組み込まれた class 2 *int.* (*sat-sat1-aadA1*) を保有した。ABPC 耐性 S.E は *bla*_{TEM-1}(+) or *bla*(-)・class 1 *int.* (*dfrA17-aadA5*), *bla*_{TEM-1}(+)・class 2 *int.* (*sat-sat1-aadA1*), *bla*_{TEM-1}(+)・*int.*(-) の 4 種類、SM 耐性 S.E は *bla*(-)・class 2 *int.* (*sat-sat1-aadA1*)、NA 耐性 S.E は *bla*(-)・*int.*(-) であった。S.I は *bla*(-)・class 1 *int.* (*aadA1*)、SM/ABPC/TC/CP 耐性 S.T は *bla*(-)・class 1 *int.* (*pse-1-aadA2*) と *bla*(-)・class 1 *int.* (*aadA7*) がみられた。また、*S. Paratyphi B* 1 株に S.T と同様の class 1 *int.* (*pse-1-aadA2*) が認められるなど、ヒト・食品・家畜等の食中毒菌の薬剤耐性状況とその伝播の動向把握は重要である。