

第 354 回雑誌会

(Jun. 25, 2021)

(1) Detection of ESBL/AmpC-Producing and Fosfomycin-Resistant *Escherichia coli* From Different Sources in Poultry Production in Southern Brazil

Gazal, L. E. S., Medeiros, L. P., Dibo, M., Nishio, E. K., Koga, V. L., Goncalves, B. C., Grassotti, T. T. and Pinheiro, J. J.

Frontier in microbiology, **11**, doi:10.3389/fmicb.2020.604544 (2021).

Reviewed by T. Horita

近年、世界中で基質拡張型 β -ラクタマーゼ (ESBL) を産生する *Enterobacteriaceae* が、家畜腸内から確認されている。特にブロイラーにおいては、抗菌薬が選択圧として働くことにより、薬剤耐性細菌が増加する可能性がある。実際にブロイラーの枝肉から、ESBL と AmpC を産生する大腸菌や、ホスホマイシン耐性大腸菌が確認された報告がある。そこで本研究では、ブロイラー生産過程における ESBL 産生大腸菌、AmpC 産生大腸菌、およびホスホマイシン耐性大腸菌をモニタリングし、これらの細菌の存在実態を明らかにすることを目的とした。調査は、ブラジルのリオグランデドスル (RS) 州とパラナ (PR) 州で実施した。各肥育期間中に、合計 3 回にわたって、家禽敷料、ブロイラー、家禽用飼料、養鶏場内のタンク水、および甲虫 (*Alphitobius sp.*) の採取を実施した。MacConkey 寒天培地 (MC) ならびにセフトキシムを 8 $\mu\text{g}/\text{mL}$ の濃度で添加した MacConkey 寒天培地 (MC \cdot CTX) に、前処理した各試料を塗布し、ESBL ならびに AmpC 産生大腸菌陽性株を選択的に単離した。続いて、単離株について、ディスク拡散法による薬剤感受性試験を行った。さらに、単離株の ESBL と AmpC の産生遺伝子 (*bla*_{CTX-M} groups-1, 2, 8, 9, 25, *mob*, *fox*, *ebc*, *acc*, *dha*, *cit*) ならびにホスホマイシンとコリスチン耐性遺伝子 (*fosA3*, *mcr-1*) について、PCR 法を用いて検出した。

PR 州と RS 州の全試料から単離された ESBL 産生性大腸菌の薬剤耐性率は、それぞれ 84% (49/58 株) と 49% (29/59 株) であった。また、すべての家禽敷料と昆虫試料から ESBL 産生大腸菌陽性株が検出された。薬剤感受性試験の結果、単離株における多剤耐性 (MDR) の割合は、PR 州と RS 州で、それぞれ 90% と 73% であった。最も多く検出された遺伝子は *bla*_{CTX-M} group 2 であり、ESBL 産生大腸菌株の約 55% に存在した。また、AmpC 型決定基である *cit* 遺伝子は、ESBL 産生大腸菌株の約 13% に認められた。さらに、*fosA3* 遺伝子は ESBL 産生大腸菌株の 16% で検出されたが、*mcr-1* 遺伝子は RS 州から単離された 1 株であった。以上のことから、家禽生産における抗菌薬の使用は、薬剤耐性菌の選択に大きな影響を与え、公衆衛生に重大な影響を及ぼすため、家禽生産の管理技術を向上させる必要がある。

(2) 秋田県内の環境水からの *Escherichia albertii* の検出と分離株の性状

高橋 志保, 今野 貴之, 檜尾 拓子, 鈴木 純恵, 熊谷 優子

日本食品微生物学会雑誌, 37(2), 81-86, (2020)

レビュー: 加藤 優貴

Escherichia albertii は、2003年に新種として発表された新規の食中毒原因菌であり、公衆衛生上の新たな問題となっている。現在、*E. albertii* によるヒトへの健康被害の発生が注目されているが、原因食品やその汚染経路は未だ解明されておらず、過去の食中毒事例より様々な食品が原因と推定されている。秋田県では、2011年に *E. albertii* による食中毒疑い事例の検査が確認されてから、*E. albertii* の感染経路の究明が求められている。そこで本研究では、秋田県内の環境水における *E. albertii* の汚染実態を明らかにするため、秋田県内の河川等の環境水全52検体（河川16地点45検体、湖沼3地点4検体、公園の堀1検体、湧水2検体）からの *E. albertii* の検出を行った。まず、アルカリ熱抽出法で検体中のDNAを抽出し、*E. albertii* に特異的なプライマーを用いて、real-time PCRで検出した。そして *E. albertii* の遺伝子が検出された菌株について、*clpX*, *lysP*, および *mdh* を標的としたPCRによって *E. albertii* を同定した。同一検体から *E. albertii* の集落が複数分離された場合は、プライマー1283 (5'-GCG ATC CCC A-3') を用いた random amplified polymorphic DNA (RAPD) PCRにより、菌株の選別を行った。さらに、選別した菌株に対し、11種類の抗菌薬を用いて薬剤感受性試験を行い、病原因子 *stx*, *eae* および *cdt* を確認した。最後に、個々の菌株について、Pulsed-field gel electrophoresis (PFGE) によって分子疫学解析を行った。

調査の結果、環境水9検体から食中毒原因菌である *E. albertii* が全13株分離され、*E. albertii* が秋田県内の環境水中に広く生息していることが示された。続いて、11種類の抗菌薬に対する薬剤感受性試験の結果、全ての分離株の中で、菌株No. EC17264の1株が、アンピシリン (ABPC) に対して耐性を示すのみだった。また、分離された *E. albertii* 全13株は、全ての分離株が病原因子である *eae* と *cdt* を所持しており、ヒト由来株が持っている病原因子が、環境水由来の菌株からも検出された。しかしながら、*stx* はどの分離株からも検出されなかった。PFGEによる分子疫学解析では、*E. albertii* のPFGEパターンは多様であったが、一部の環境水由来の菌株において、ヒト由来株と近縁な株が存在した。環境水由来の菌株のうち、ヒト由来株と同一のクラスターを形成したのは、菌株No. EC17263 (クラスター III) と EC17264 (クラスター IV) の2株であり、相似係数はそれぞれ83.3%と81.7%であった。以上のことから、環境水は *E. albertii* のヒトへの感染経路の一端を担っている可能性が示唆された。